

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA

**AVALIAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DA POPULAÇÃO DE
ARROZ IRRIGADO CNA 11 E DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE OS
GENITORES**

Sérgio Iraçu Gindri Lopes
Engenheiro Agrônomo, M. Sc./UFRGS

Tese apresentada como um dos requisitos à obtenção
do grau de Doutor em Fitotecnia
Área de Concentração Plantas de Lavoura

Porto Alegre (RS), Brasil
Outubro, 2002

Dedico este trabalho à minha esposa Mara Cristina Barbosa Lopes e as nossas filhas Fernanda Barbosa Lopes e Fabiane Barbosa Lopes pelo amor, carinho, dedicação, solidariedade e compreensão.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pela vida.

Aos meus pais pelos ensinamentos, amor e exemplo de luta na vida.

Aos professores da Universidade Federal do Rio Grande do Sul Luiz Carlos Federizzi, Paulo Regis Ferreira da Silva e Sandra Cristina Kothe Milach e ao pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Paulo Hideo Nakano Rangel pela orientação, ensinamentos, apoio e amizade em todos os momentos do curso de doutorado e na elaboração deste trabalho.

Ao Pesquisador da EMBRAPA Antonio Carlos Centeno Cordeiro pela contribuição científica e auxílio nas análises estatísticas.

Às colegas do Instituto Rio Grandense do Arroz, Mara Cristina Barbosa Lopes e Renata Pereira da Cruz, pela revisão e sugestões no texto final.

A todos os professores pelos ensinamentos transmitidos e o relacionamento tranquilo ao longo do curso.

À Universidade Federal do Rio Grande do Sul pela acolhida nos cursos de Mestrado e Doutorado, com ensino gratuito e de qualidade.

Ao Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA) pela liberação para a realização do curso, pelo apoio para execução dos trabalhos de campo e de laboratório e incentivo na formação profissional, principalmente nas pessoas dos Gerentes da Divisão de Pesquisa Maurício Miguel Fischer e Dieter Kempf.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária pela concessão da bolsa de estudos e pela cooperação no trabalho de seleção recorrente.

Aos colegas da Equipe de Melhoramento Paulo Sérgio Carmona, Antonio Folgiarini de Rosso, Oneides Antonio Avozani, João Leodato Nunes pelo apoio, amizade e por preencherem as lacunas da minha ausência.

Aos funcionários do IRGA Artêmio Soares dos Santos, Dilomar Silveira de Oliveira, Evandro de Souza Martins, Izabel Cristina Panni de Oliveira e Manoel Ordi da Costa e aos estagiários Daiane Pereira Flores, Edson Maiquel

Quoos, Carlos Eduardo Batista Leal, Fredi Antônio Warken, Vicente Trajano de Almeida e Adriana de Azambuja Turqueti pela ajuda nos trabalhos de campo e de laboratório.

Ao convívio saudável e alegre com os colegas de curso Alexandre Wunder Voltz, Ana Beatriz Locatelli, Caren Regina Cavichioli Lamb, Cláudia Erna Lange, Cláudia Fernanda Lemons e Silva, Edson Perito Amorin, Mara Cristina Barbosa Lopes, Mariângela dos Santos, Marta Martins Barbosa, Paulo Ricardo Reis Fagundes, Renata Pereira da Cruz, Sérgio Delmar dos Anjos e Silva e Vanderlei Doneda Tonon.

Especialmente à minha querida esposa, colega e amiga Mara Cristina Barbosa Lopes pelo amor, companheirismo, ensinamentos, incentivo, dedicação e colaboração nos estudos em grupo, nos trabalhos de aula e de laboratório e na revisão e sugestões no texto final da tese.

As minhas filhas Fernanda e Fabiane que entenderam os momentos de ausência e sempre me deram muito carinho e amor.

AVALIAÇÃO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DA POPULAÇÃO DE ARROZ IRRIGADO CNA 11 E DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE OS GENITORES ¹

Autor: Sérgio Iraçu Gindri Lopes

Orientador: Luiz Carlos Federizzi

Co-orientador: Paulo Hideo Nakano Rangel

RESUMO

Os avanços nas práticas de manejo e no melhoramento das cultivares de arroz irrigado têm permitido consolidar o Rio Grande do Sul como maior produtor deste cereal no Brasil. A seleção recorrente é um método alternativo de melhoramento que permite a recombinação cíclica de genótipos selecionados em uma população geneticamente divergente. Os objetivos deste trabalho foram avaliar o potencial da população CNA 11 para fins de melhoramento para tolerância ao frio, estudar a divergência genética dos seus genitores e quantificar as alterações nas frequências alélicas como resultado do processo de seleção. Para isso foram conduzidos dois ensaios de campo compostos de 140 famílias $S_{0:2}$ derivadas da população CNA 11 e quatro cultivares testemunhas, no delineamento látice 12 x 12 e em dois locais: Cachoeirinha (RS) e Santa Vitória do Palmar (RS), onde foram avaliados dez caracteres fenotípicos. O DNA dos genitores da população CNA 11 e de 133 famílias $S_{0:2}$ foi analisado com marcadores moleculares do tipo microssatélites. A população CNA 11 apresentou alto potencial para fins de melhoramento, com ampla variabilidade genética em todos os dez caracteres avaliados. Os caracteres estatura de planta, esterilidade de espiguetas e número de grãos por panícula apresentaram altas correlações genotípicas com rendimento de grãos, podendo ser usados como critérios de seleção indireta. A esterilidade de espiguetas mostrou ser um critério eficiente de seleção para identificação de genótipos de arroz com tolerância ao frio no estágio reprodutivo. Os genitores da população CNA 11 apresentaram ampla divergência genética e, de modo geral, as frequências dos alelos de microssatélites característicos dos genótipos da subespécie *índica* aumentaram e as da subespécie *japônica* diminuíram à medida que a intensidade de seleção aumentou. As melhores famílias $S_{0:2}$ mostraram maior similaridade genética com os genitores da subespécie *índica*.

¹ Tese de Doutorado em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil. (101 p.) Outubro, 2002.

EVALUATION OF THE GENETIC PARAMETERS OF CNA 11 IRRIGATED RICE POPULATION AND OF THE PARENT'S DIVERGENCE¹

Author: Sérgio Iraçu Gindri Lopes

Advisor: Luiz Carlos Federizzi

Co-advisor: Paulo Hideo Nakano Rangel

ABSTRACT

The advances in crop management and development of high yielding varieties have consolidated the Rio Grande do Sul as the leader of rice production in the Brazil. The recurrent selection is an alternative method of rice breeding that permit the cyclic recombination of selected genotypes in a genetically divergent population. The objectives of this study were to evaluate the potential of CNA 11 population for cold tolerance breeding, to determine the genetic divergence between the parents, and to measure the allelic frequency changes as the result of selection process. It was carried on two field trials composed of 140 $S_{0.2}$ families derived of CNA 11 recurrent population and four check cultivars in a lattice 12 x 12 experimental design, and in two locals: Cachoeirinha (RS) and Santa Vitória do Palmar (RS). It was evaluated ten phenotypic characters in the both trials. In the laboratory was analyzed the DNA of CNA 11 genitor's and 133 $S_{0.2}$ families with microsatellites molecular markers. The CNA 11 population showed high potential for breeding purposes, with wide genetic variability in all phenotypic characters evaluated. The characters plant high, spikelet sterility, and the number of grains per panicle had high genotypic correlation with rice yield and could be used as criteria to indirect selection. The spikelet sterility showed to be an efficient selection criterion to identify genotypes with cold tolerance in the reproductive stage. The CNA 11 parent's demonstrated a wide genetic variability, and, in general, the allelic frequencies of molecular markers characteristics of indica genotypes increased and, in the other way, the alleles of japonica genotypes decreased, as the selection intensity increased. The best $S_{0.2}$ families displayed higher genetic similarity with indica genitors of CNA 11 population.

¹Doctoral thesis in Agronomy, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil. (101 p.) October, 2002.

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO.....	01
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	04
2.1. Origem e evolução do arroz	04
2.2. Características morfológicas da planta de arroz	06
2.3. Evolução da lavoura e cultivares utilizadas no estado do Rio Grande do Sul	07
2.4. Principais limitações para o cultivo de arroz irrigado no Rio Grande do Sul	09
2.5. Danos causados por temperaturas baixas e genética da tolerância ao frio	10
2.6. Seleção recorrente: método alternativo de melhoramento de arroz... 13	13
2.7. Diversidade genética em arroz irrigado	18
3. MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1. Estudo 1 – Avaliação dos parâmetros genéticos da população CNA 11 e ganhos esperados pela seleção.....	31
3.1.1. Obtenção do Material Experimental.....	31
3.1.1.1. Obtenção das famílias $S_{0:1}$	31
3.1.1.2. Multiplicação das Famílias $S_{0:1}$	31
3.1.1.3. Avaliação das Famílias $S_{0:2}$	32
3.1.2. Caracteres avaliados	32
3.1.3. Análises estatísticas	33
3.1.4. Estimativas dos Parâmetros Genéticos	36
3.1.5. Decomposição da interação famílias x locais	39
3.1.6. Ganho esperado pela seleção	39
3.1.6.1. Seleção direta no caráter.....	39
3.1.6.2. Seleção indireta no caráter	39
3.1.7. Ganhos esperados pela seleção através do índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943)	40
3.2. Estudo 2 - Divergência genética entre os genitores estimada através de marcadores microssatélites e frequências alélicas estimadas na população CNA 11 original e observadas nas famílias $S_{0:2}$	42
3.2.1. Germoplasma utilizado	42
3.2.2. Extração do DNA	42
3.2.3. Análise com marcadores microssatélites.....	42
3.2.4. Frequências alélicas estimadas na população CNA 11 e observadas nas famílias $S_{0:2}$	45
3.2.5. Análise estatística.....	45

	8
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4.1. Estudo 1 – Avaliação dos parâmetros genéticos da população CNA 11 e ganhos esperados pela seleção	46
4.1.1. Avaliação dos parâmetros genéticos da população CNA 11 ...	46
4.1.2. Correlações fenotípicas, ambientais e genotípicas entre rendimento de grãos e os demais caracteres	52
4.1.3. Decomposição da interação famílias x locais para o rendimento de grãos	53
4.1.4. Ganhos esperados pela seleção direta para rendimento de grãos	54
4.1.5. Ganhos esperados pela seleção direta para rendimento de grãos e indireta para os demais caracteres	56
4.1.6. Ganhos esperados pela seleção direta para esterilidade de espiguetas e indireta para os demais caracteres	58
4.1.7. Ganhos esperados pela seleção através do índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) para seis caracteres	60
4.2. Estudo 2 - Divergência genética entre os genitores estimada através de marcadores microssatélites e frequências alélicas estimadas na população CNA 11 original e observadas nas famílias $S_{0:2}$	62
4.2.1. Divergência genética entre os genitores da população CNA 11 estimada através de marcadores microssatélites	62
4.2.2. Frequências alélicas estimadas na população CNA 11 original e observadas nas famílias $S_{0:2}$	71
5. CONCLUSÕES	77
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS	79
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	82
8. APÊNDICES	93
9. VITA	101

RELAÇÃO DE TABELAS

	Página
1. Principais características dos genitores componentes da população de seleção recorrente de arroz CNA 11. UFRGS, 2002.....	28
2. Genitores e participação relativa das cultivares/linhagens componentes das populações CNA 1 e CNA 11 na geração $S_{0:0}$	29
3. Esquema da análise de variância individual por local do látice triplo 12 x 12, com o fator tratamento composto de 140 famílias e quatro testemunhas.....	35
4. Esquema da análise de variância conjunta de locais com as respectivas esperanças dos quadrados médios, para o desenho látice triplo 12 x 12, com 144 tratamentos e em dois locais.....	35
5. Locos de microssatélites utilizados na análise dos 25 genitores das populações CNA 1 e CNA 11, seqüência dos <i>primers</i> , localização cromossômica, temperatura de anelamento, tamanho dos alelos na cultivar IR 36, número de repetições perfeitas e conteúdo de informação de polimorfismo.....	44
6. Resumo das análises de variância conjunta para os caracteres rendimento de grãos, estatura de planta, ciclo até a floração, esterilidade de espiguetas, número de grãos por panícula, manchas nas glumas, massa de mil grãos, rendimento de grãos inteiros, comprimento do grão e índice de centro branco nos grãos, referentes aos experimentos realizados em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar, RS, estação de crescimento 1999/2000.....	48

7. Estimativas dos parâmetros genéticos de 140 famílias $S_{0:2}$ derivadas da população de seleção recorrente de arroz CNA 11 e quatro testemunhas para os caracteres rendimento de grãos, estatura de planta, ciclo até a floração, esterilidade de espiguetas, número de grãos por panícula, manchas nas glumas, massa de mil grãos, rendimento de grãos inteiros, comprimento do grão e índice de centro branco nos grãos, referentes aos experimentos realizados em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar, RS, estação de crescimento 1999/2000..... 49
8. Correlações fenotípicas, ambientais e genotípicas entre rendimento de grãos e demais variáveis avaliadas..... 55
9. Ganhos esperados para rendimento de grãos com base em três critérios e em duas intensidades de seleção direta no caráter..... 57
10. Estimativa dos ganhos esperados pela seleção direta no rendimento de grãos e esterilidade de espiguetas e indireta nos demais caracteres, e baseada no índice clássico de seleção, expressas em valor (Gs) e em porcentagem da média (Gs %), referentes aos caracteres rendimento de grãos, estatura de planta, ciclo até a floração, esterilidade de espiguetas, número de grãos por panícula e rendimento de grãos inteiros, empregando-se duas intensidades de seleção ($i = 7,14\%$ e $i = 35,7\%$)..... 63
11. Locos de microssatélites, denominação dos alelos, número de alelos amplificados, frequências alélicas estimadas na população CNA 11 original e observadas nas 133 famílias $S_{0:2}$, nas 50 e nas dez melhores famílias selecionadas pelo critério do rendimento de grãos..... 67
12. Matriz de similaridade genética dos 25 genitores da população de seleção recorrente de arroz irrigado CNA 11 obtida pelo coeficiente de Jaccard para os dados dos marcadores microssatélites..... 75

RELAÇÃO DE FIGURAS

	Página
1. Esquema de síntese da população de seleção recorrente de arroz irrigado CNA 11 utilizando como doadora do gene de macho-esterilidade plantas da população CNA 1.....	27
2. Esquema de seleção recorrente para a população de arroz irrigado CNA 11 com avaliação de famílias $S_{0:2}$	30
3. Variação alélica para o loco de microsatélite RM212 (cromossomo 1) entre os 25 genitores da população CNA 11, analisado em gel de poliacrilamida e corado com nitrato de prata.....	66
4. Dendrograma dos 25 genitores das populações de seleção recorrente de arroz irrigado CNA 1 e CNA 11 para os dados dos marcadores microsatélites.....	68
5. Dendrograma dos 25 genitores da população de seleção recorrente de arroz irrigado CNA 1 e as 10 melhores famílias $S_{0:2}$ no caráter rendimento de grãos para os dados dos marcadores microsatélites.....	69

1. INTRODUÇÃO

O arroz constitui-se em uma das principais fontes de alimento da população brasileira. O Rio Grande do Sul (RS) é o maior produtor nacional de arroz, portanto esse cereal tem grande importância econômica para o Estado. O uso de cultivares altamente produtivas e tecnologias modernas têm garantido à lavoura de arroz gaúcha alta produtividade. Entretanto, a continuidade dos ganhos depende do aprimoramento dos programas de melhoramento de arroz visando a incorporação de novos genes que conferem maior rendimento de grãos e resistência a estresses bióticos e abióticos.

Os potenciais produtivos das cultivares utilizadas no RS na atualidade encontram-se na faixa de 10 a 12 t ha⁻¹, portanto, bem acima das médias de 5,4 a 5,8 t ha⁻¹ obtidas pelos produtores de arroz nas últimas safras. Esta constatação mostra que, mantido o atual estágio de manejo, o impacto de novas cultivares mais produtivas será menor do que ocorreu no passado. Por outro lado, para aqueles produtores que usam bom nível de manejo (em que a média de produtividade já atingiu o patamar de 7 t ha⁻¹), estas cultivares são muito importantes.

Em se tratando de programas de melhoramento genético, deve ser ressaltado que um dos objetivos sempre presente é o aumento da produtividade da cultura. É provável que a reduzida base genética do germoplasma utilizado nos programas de melhoramento venha contribuindo para a manutenção dos atuais rendimentos sem obtenção de ganhos significativos.

Os programas tradicionais de melhoramento genético de arroz utilizam, de uma maneira geral, métodos que maximizam a endogamia no desenvolvimento de novas linhagens. Normalmente, após a síntese de uma nova população com os recursos da hibridação entre genitores, as gerações

segregantes são conduzidas através da 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 intercruzamentos entre unidades de recombinação fossem mais freqüentes. Reduzindo a geração de variabilidade, reduz-se como conseqüência, a obtenção de ganhos genéticos por seleção.

Uma das alternativas possíveis para se aumentar os ganhos por seleção em arroz consiste em sintetizar populações de base genética mais ampla e conduzi-las por meio de seleção recorrente. Esta técnica é amplamente utilizada em plantas alógamas, mas de uso limitado em plantas autógamas devido à dificuldade em se fazer cruzamentos para recombinação em cada ciclo de seleção. Em arroz, com a descoberta da macho-esterilidade genética tornou-se possível fazer o intercruzamento no campo, viabilizando o uso desta metodologia nos programas de melhoramento.

As baixas temperaturas constituem-se em problema para o arroz irrigado do Sul do Brasil, principalmente no Rio Grande do Sul, pois as atuais cultivares são sensíveis a temperaturas baixas nas fases vegetativa e reprodutiva. Esta sensibilidade, aliada às condições climáticas no início do plantio e na fase reprodutiva, acarretam perdas no rendimento de grãos e oneram os custos.

Do ponto de vista do melhoramento genético duas estratégias podem ser adotadas para reduzir os efeitos das baixas temperaturas. A primeira seria através da obtenção de cultivares de ciclo curto o que permitiria o escape das plantas do período mais crítico, que é a fase reprodutiva. A segunda estratégia seria a obtenção de cultivares com tolerância genética ao frio. Através da sintetização de população que possua na sua constituição fontes de alta produtividade e tolerância ao frio e condução dessa população através de seleção recorrente pode-se obter novas linhagens recombinantes que possuam estas duas características.

As principais hipóteses levantadas na elaboração desse trabalho de pesquisa foram: existe variabilidade para o caráter tolerância ao frio na população CNA 11 e é possível selecionar genótipos com tolerância ao frio e

alto potencial produtivo e é possível detectar-se diferenças moleculares entre os genótipos parentais que deram origem à população CNA 11.

O objetivo geral deste trabalho foi avaliar o potencial genético da população CNA 11 quanto à produtividade de grãos, tolerância ao frio e a outras características fenotípicas de interesse. Os objetivos específicos foram: determinar os parâmetros genéticos da população CNA 11; selecionar genótipos com maior tolerância ao frio na população de base ampla CNA 11; avaliar o potencial produtivo dos genótipos selecionados com tolerância ao frio; estudar a divergência genética dos genitores da população CNA 11 através de marcadores moleculares; e, determinar as mudanças nas frequências alélicas nas famílias selecionadas.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Origem e evolução do arroz

O arroz pertence ao gênero *Oryza*, tribo *Oryzae*, Subfamília *Pooideae* e família *Poaceae*. Existem duas espécies de arroz cultivado *Oryza sativa* e *Oryza glaberrima*. A primeira é originária da Ásia e tornou-se amplamente distribuída por todas as regiões tropicais e temperadas do mundo, igualando-se ao trigo como alimento básico. *Oryza glaberrima* é circunscrita à África Ocidental e sua cultura está sendo substituída pelo arroz asiático. Além do arroz cultivado existem diversas outras espécies silvestres na Ásia, África, América Central e América do Sul. Roschevicz (1931) apud Rangel (1998) classificou o gênero *Oryza* em 19 espécies e Chatterjee (1948), 17 anos mais tarde, dividiu o gênero em 23 espécies, divisão com a qual concordou Sampath (1962). Vaughan (1989) afirmou que o número de espécies classificadas em diferentes estudos varia entre 20 e 30.

O cultivo do arroz começou em muitas partes do sul e sudoeste da Ásia, provavelmente primeiro na antiga Índia, por volta de 2000 aC. Práticas culturais como preparo do solo e transplante foram desenvolvidos primeiro no norte e no centro da China e, posteriormente, transferidas para o sudoeste da Ásia. Segundo Chang (1976), a grande dispersão do arroz asiático proporcionou a formação de três raças ecogeográficas (índica, sínica ou japônica e javânica) e distintos tipos culturais na Ásia monsonica (sequeiro, irrigado e de águas profundas). Mais tarde, com base em dados de isoenzimas, Glaszmann (1986 e 1987) classificou o arroz em seis grupos, sendo o grupo I denominado índica e o grupo VI denominado japônica. Recentemente, com análises de marcadores moleculares, Mackill (1995) definiu três subespécies denominadas índica, japônica tropical (antiga javânica) e japônica temperada.

Considerando a diferenciação do arroz *Oryza sativa* L. nas subespécies índica e japônica, Matsuo (1997) fez uma revisão de literatura e encontrou três hipóteses. A primeira diz que a subespécie índica teria evoluído do arroz silvestre comum no sul da China e o japônica teria diferenciado deste em um período posterior. A segunda sustenta que a subespécie índica originou-se da domesticação do arroz silvestre nas áreas de várzea (pântanos ou banhados) e o japônica derivou do mesmo processo ocorrido nas terras altas. A terceira hipótese sugere que a subespécie japônica derivou de um tipo de arroz silvestre denominado *Keng* (planta invasora e de águas profundas), encontrado no Lago Tsahou, na China, e a índica (*Hsien*) evoluiu na Índia.

No Brasil, segundo Buso (2001) ocorrem quatro espécies silvestres do gênero *Oryza*, sendo uma diplóide e três tetraplóides. A espécie diplóide possui genoma AA, semelhante ao da espécie cultivada *O. sativa*, e é denominada de *O. glumaepatula*. Com base nos resultados de análises de DNA nuclear e citoplasmático Buso (2001) constatou que a espécie *O. glumaepatula* diferencia-se de *O. rufipogon*. Os três tetraplóides são *O. latifolia*, *O. alta* e *O. grandiglumis*, que possuem genoma CCDD e são consideradas espécies anfidiplóides pertencentes ao complexo *O. officinalis* (Buso, 2001). Do ponto de vista do melhoramento do arroz cultivado, as espécies silvestres, principalmente a diplóide, podem ser utilizadas como um rico reservatório gênico para as características de resistência a doenças, ampliação da base genética e obtenção de cultivares adaptadas a águas profundas.

O número básico de cromossomos do gênero *Oryza* é 12, entretanto, existem várias espécies poliplóides com $2n = 48$. Esse gênero caracteriza-se por apresentar seis diferentes genomas A, B, C, D, E e F (Morishima, 1984). As duas espécies cultivadas (*Oryza sativa* e *Oryza glaberrima*) e seus respectivos ancestrais (*Oryza rufipogon* e *Oryza barthii* ou *Oryza breviligulata*) possuem o mesmo genoma A, visto que os híbridos entre eles não apresentam distúrbios cromossômicos significativos (Moringa, 1964).

Com a recente publicação do seqüenciamento do rascunho do genoma da cultivar Nipponbare, tipo japônica (Goff et al., 2002), e da linhagem 93-11 (genitor paterno do super-híbrido chinês LYP9), tipo índica (Yu et al., 2002), ampliou-se o conhecimento da genética do arroz. Com base em 93 % do genoma seqüenciado, foi estimado que o genoma da cultivar Nipponbare

possui de 32 a 50 mil genes nos 420 milhões de pares de bases (Goff et al., 2002). A sintenia do arroz com outros cereais é bastante ampla e 98 % das proteínas conhecidas no milho, trigo e cevada são também encontradas no arroz. No trabalho de Yu et al. (2002), o número de genes foi estimado entre 46 a 55 mil e o tamanho do genoma corresponde a 466 milhões de pares de bases.

2.2. Características morfológicas da planta de arroz

A espécie cultivada *Oryza sativa* é anual e autógama e pode ser encontrada desde os 49° de latitude Norte, na Checoslováquia, até 35° Sul, em New South Wales, na Austrália (Moomaw et al., 1965). Depois que as plântulas emergem, em poucas semanas começam a emitir afilhos, cujo número pode variar de dois a três até mais de 20. As raízes primárias ou seminais são de curta duração e são substituídas pelas adventícias que se formam nos nós inferiores do colmo (Pedroso, 1989).

Os colmos são constituídos de nós e entrenós. Em cada nó há uma folha e uma gema capaz de emitir afilhos e raízes caulinares. As folhas são invaginadas e estão dispostas no colmo, alternadamente, uma em cada nó. O número de folhas varia de 6 a 12, sendo que os colmos principais têm mais folhas do que os afilhos. A planta de arroz também possui um sistema de aerênquima, que são dutos formados por células parenquimáticas da folha, caule e raiz, sendo uma estrutura típica de plantas aquáticas. Os aerênquimas tem por finalidade conduzir oxigênio até a ponta das raízes.

A inflorescência do arroz é uma panícula constituída por um grupo de espiguetas uniflorais e surge no nó superior do colmo. As flores são hermafroditas e cada panícula tem de 50 a 250 espiguetas. As panículas completam a emergência da bainha foliar em cerca de três dias e alcançam o máximo de floração entre o segundo e o quarto dia após a completa emergência. Os processos de liberação dos grãos de pólen e a polinização têm início pouco antes da abertura das espiguetas, ou seja, no início do processo de alongamento do filete, e termina com o fechamento da espiguetas (Guimarães, 1998). Em dias chuvosos, todas essas etapas podem ocorrer sem que a espiguetas se abra, sendo este fenômeno conhecido como cleistogamia.

2.3. Evolução da lavoura e cultivares utilizadas no estado do Rio Grande do Sul

No Rio Grande do Sul, o cultivo das primeiras lavouras de arroz nas coxilhas da Depressão Central data de 1833. Entre os anos de 1890 e 1900, os colonos alemães de Taquara e Santa Cruz do Sul realizaram as primeiras experiências com irrigação mecânica. Essas experiências foram seguidas em Gravataí, em 1905, e em Cachoeira do Sul, em 1906 (IRGA, 1997). Segundo Carmona (1984), os primeiros cultivos de arroz irrigado no Rio Grande do Sul se estabeleceram em Pelotas (1903) e em Cachoeira do Sul (1905). Destes locais o arroz se expandiu para o oeste, sudeste e sul do Estado. Na safra de 1923/24, a área plantada era de aproximadamente 100 mil ha e cresceu continuamente até atingir o máximo na safra 1998/99, com 966 mil ha (IRGA, 2002). Na safra 2001/2002, a área plantada no RS foi de 964 mil ha (IRGA, 2002). Até 1963, a produção de arroz no RS cresceu basicamente devido à expansão da área de cultivo. A partir deste ano o rendimento de grãos tem aumentado devido à utilização de melhores técnicas de cultivo e à introdução de cultivares mais produtivas.

Não há informação muito segura quanto às cultivares utilizadas no período de 1903 a 1920, mas certamente as mais importantes foram Carolina, introduzida dos Estados Unidos, e Piemonte, procedente da Itália (Carmona, 1984). A partir de 1920, o cultivo de arroz experimentou um grande desenvolvimento nas regiões do Litoral Sul e da Depressão Central com a introdução de cultivares provenientes do Japão, predominando dentre essas, a denominada Japonesa.

Em 1939 foi criada a Estação Experimental do Arroz – EEA, do Instituto Rio Grandense do Arroz - IRGA, em Cachoeirinha, RS, e tiveram início os trabalhos de introdução e seleção de cultivares para o Estado, de forma mais organizada. Em 1938, o fundador da EEA do IRGA, Engenheiro Agrônomo Bonifácio Carvalho Bernardes, introduziu dos Estados Unidos diversas cultivares das quais destacaram-se Blue Rose e Caloro. Como resultado do trabalho de pesquisa foram lançadas no período de 1940 a 1960 as cultivares Seleção 388 (1942), Tapes (1943), Guaíba (1947), EEA 401 (1959) e EEA 402 (1959).

Até o final da década de 1950 predominavam no RS cultivares de grãos médios. Em 1961 foi lançada a primeira cultivar de grãos longos, denominada EEA 404, com boa capacidade produtiva e resistência à brusone (*Pyricularia grisea* Sacc.), que se expandiu rapidamente e foi a mais plantada dentro do grupo tradicional. Ainda destacou-se dentro deste grupo a cultivar EEA 406, lançada em 1966. Em 1971 foi lançada a IRGA 407, que foi a última representante do grupo tradicional (plantas altas e com folhas decumbentes, baixo perfilhamento, grãos longos e largos e baixa resposta à adubação nitrogenada).

No início da década de 70 foram introduzidas dos Estados Unidos da América as primeiras cultivares do grupo americano, que se destacaram pela excelente qualidade dos grãos. A principal representante deste grupo foi a cultivar Bluebelle, introduzida em 1970, cuja área de cultivo cresceu até o máximo de 385 mil ha na safra 1980/81. As outras cultivares americanas mais importantes no RS foram Belle Patna, Dawn, Labelle e Lebonnet. Como resultado da precocidade, bom rendimento e da excelente qualidade dos grãos, as cultivares americanas proporcionaram rápido desenvolvimento da lavoura arrozeira no RS a partir da safra 1973/74 e consolidaram o arroz gaúcho no mercado nacional.

As primeiras cultivares do grupo moderno lançadas no RS foram Cica 4 (1973) e IRGA 408 (1975), mas devido à baixa qualidade de grãos não tiveram boa aceitação pelos produtores. Somente em 1979, como resultado do trabalho cooperativo entre o IRGA, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA e o Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT, foi lançada a cultivar BR-IRGA 409, que apresenta alta capacidade de produção, adaptação e boa qualidade de grãos. No ano seguinte (1980), foi lançada a BR-IRGA 410, que resultou mais produtiva que a anterior, porém com menor rendimento de grãos inteiros. Apesar disto, já na safra de 1982/83 as cultivares do grupo moderno passaram a dominar a área de cultivo no Estado, o que permanece até os dias atuais.

Nos últimos 20 anos, outras cultivares foram lançadas pelas instituições públicas (IRGA e EMBRAPA) e privada (Aventis) que atuam no RS. A relação completa das cultivares registradas para cultivo no RS pode ser consultada no boletim de Recomendações da Pesquisa para o Sul do Brasil (IRGA, 2001).

No início da década de 90, foi introduzida do Uruguai a cultivar El Paso 144 L, que acabou dominando a área de cultivo da região sul do Estado e chegou a ser a mais plantada no RS entre as safras 1996/97 a 1998/99, com o valor máximo de 28,28 % da área cultivada no RS, na safra 1997/98. A partir da safra 1999/2000, a cultivar IRGA 417, lançada em 1995, passou à posição de liderança em termos de área cultivada e de qualidade de grãos.

Com base nos dados da safra 2001/2002 (IRGA, 2002), a ordem decrescente de porcentagem de área plantada das principais cultivares no estado do RS é: IRGA 417 (25,97 %), El Paso 144 L (17,63 %), BR-IRGA 410 (9,05 %), BRS 7 (8,06 %), BR-IRGA 409 (7,77 %), Qualimax 1 (6,62 %), IRGA 418 (6,38 %), IRGA 419 (3,01 %), IRGA 420 (2,89 %), EPAGRI 108 (2,56 %) e BRS 6 (2,22 %). As cultivares lançadas recentemente e que tiveram pouco tempo para ocupar uma área expressiva, são citadas a seguir, com os respectivos obtentores e anos de lançamento: BRS Atalanta e BRS Firmeza (EMBRAPA, 1999); IRGA 418, IRGA 419 e IRGA 420 (IRGA, 1999); BRS Pelota (EMBRAPA, 2000); IRGA 421 (IRGA, 2000); Qualimax 13 (Aventis, 2001) e IRGA 422 (IRGA, 2002).

2.4. Principais limitações para o cultivo de arroz irrigado no Rio Grande do Sul

As principais limitações para o cultivo do arroz no RS, segundo levantamento realizado por Pinheiro et al. (2001), são as ocorrências de temperaturas baixas na fase reprodutiva, a infestação das lavouras com arroz vermelho, a incidência da doença fúngica denominada de brusone (*Pyricularia grisea* Sacc.), as dificuldades de manejo de água, de adubos e de herbicidas e a semeadura em época inadequada. Além destas limitações a toxidez por ferro, causada pela solubilização dos óxidos e hidróxidos de ferro com a redução do solo depois da inundação, também merece destaque entre os problemas observados nas lavouras do RS.

Os programas de melhoramento genético de arroz no sul do Brasil têm atuado com sucesso na geração de novas cultivares com resistência à brusone e com tolerância à toxidez por ferro, além de alto rendimento, grãos do tipo longo-fino e de alta qualidade industrial e de cocção, com plantas de porte baixo e arquitetura do tipo moderno e ciclo de 100 a 140 dias.

A estratégia de melhoramento para resistência à brusone e tolerância à toxidez por ferro tem sido a incorporação de genes presentes em fontes da subespécie índica para genótipos locais, já melhorados para as demais características. As fontes de resistência à brusone mais utilizadas pelo programa de melhoramento do IRGA até o momento foram Te Tep, C46-15, Colômbia 1, Dissi Hatif e Camponi (Carmona, 1984).

No que se refere aos prejuízos causados pela ocorrência de frio ou de temperaturas abaixo de 17° C, os programas de melhoramento de arroz irrigado no sul do Brasil não lograram avanços significativos até o momento. A principal dificuldade é a baixa capacidade de combinação entre os genótipos dos grupos índica e japônica. De modo geral, as cultivares da subespécie índica são sensíveis ao frio e as da subespécie japônica são tolerantes (Oka, 1958). As principais fontes de tolerância ao frio são os genótipos de origem do Chile (Quilla 66304, Quilla 64117, Diamante e Oro), do Japão (Koshihikari), de Taiwan (IAS-12-9 Formosa), dos Estados Unidos (L 202) e a cultivar de grãos curtos da EMBRAPA / CPACT (BRS Bojuru).

2.5. Danos causados por temperaturas baixas e genética da tolerância ao frio

A ocorrência de temperaturas baixas (entre 10 e 17° C) nos meses de janeiro e fevereiro é provocada pela entrada de frentes frias vindas do sul do continente. O período de duração e a intensidade do frio são muito variáveis e os prejuízos ocorrem nas lavouras em que o arroz está em estádios com maior sensibilidade. Na safra 1982/83, por exemplo, os prejuízos causados pelas baixas temperaturas em muitas lavouras da zona sul do Rio Grande do Sul, que é a região mais afetada pelo frio, foram superiores a 20% da produção total de cada propriedade (Terres, 1991).

Os estádios realmente críticos quanto às temperaturas baixas são a diferenciação da panícula, e principalmente, a fase inicial de formação do grão de pólen (microsporogênese), que ocorre 8 a 10 dias antes da emergência da panícula. Temperaturas abaixo de 17° C ou acima de 40° C são muito prejudiciais nestes estádios. Ainda de acordo com o mesmo autor temperaturas baixas na antese dificultam a abertura das anteras ou o

crescimento do tubo polínico e podem causar esterilidade nas espiguetas (Ferraz, 1987).

Tolerância à baixa temperatura é um dos principais fatores de adaptação de cultivares de arroz. De modo geral, as áreas de clima temperado são dominadas pelo cultivo de cultivares da subespécie japônica, enquanto as da subespécie índica são cultivadas em zonas tropicais e subtropicais. As cultivares da subespécie japônica são também plantadas em regiões com maior altitude ou em condições de sequeiro (Glaszmann, 1987).

Temperaturas abaixo de 15° C durante o período vegetativo podem reduzir o vigor das plântulas, causar clorose nas folhas e retardar o florescimento, principalmente nas cultivares índicas sensíveis (Vergara, 1976).

Na fase reprodutiva, especialmente na microsporogênese, temperaturas baixas durante a noite induzem ao aumento da esterilidade das espiguetas e à redução do rendimento de grãos (Satake et al., 1977 apud Mackill et al., 1997). No Chile, trabalhando com as cultivares Diamante (grão longo-fino) e Oro (grão curto), ambas da subespécie japônica, Alvarado (2002) mostrou relação linear e positiva entre temperatura do ar e número de plantas por unidade de área e relação inversa entre temperatura do ar e ciclo até o florescimento, mostrando que a redução na temperatura diminui a emergência de plântulas e aumenta o ciclo da cultura. No mesmo trabalho foi avaliado também o efeito da temperatura durante cinco dias na fase de floração, mostrando que temperaturas inferiores a 17° C podem aumentar a esterilidade de espiguetas em até 60 %, como ocorreu na cultivar Diamante.

Observações em lavouras no estado do Rio Grande do Sul revelam que as panículas afetadas pelo frio têm coloração mais clara ou pálida após a emergência e ficam gradativamente com as glumas escuras à medida que o tempo avança. Ribeiro (1981 e 1984) constatou a presença dos fungos *Helminthosporium oryzae*, *Phoma* sp., *Curvularia lunata*, *Alternaria* sp. e *Fusarium* sp. em panículas afetadas pelo frio. As cultivares japônicas são superiores às índicas na tolerância ao frio na fase reprodutiva, apesar de algumas índicas também serem consideradas tolerantes (Khan et al., 1986).

Outros caracteres de planta associados à tolerância ao frio incluem a emergência completa da panícula (Jennings et al., 1979) e reduzida debulha natural dos grãos (Chang et al., 1976; Vergara, 1976). As cultivares japônicas

temperadas e tropicais também são superiores às índicas para esses caracteres. Mackill et al. (1997) estudaram um conjunto de 117 genótipos classificados nos grupos índica, japônica tropical e japônica temperada através de marcadores moleculares do tipo RAPD e confirmaram que as cultivares japônicas de clima temperado apresentam maior tolerância ao frio (medido pelo grau de clorose em tratamentos com temperaturas de 9 e 13° C) na fase de plântula, maior vigor inicial, menor ciclo de crescimento, maior emergência das panículas e menor debulha dos grãos do que as cultivares da subespécie índica. As cultivares da subespécie japônica tropical ficaram em uma posição intermediária com relação às avaliações acima citadas.

A herança da tolerância ao frio no estágio de plântula, avaliada através da medição da estatura em plântulas submetidas a 8° C por quatorze dias, evidenciou 4 a 5 genes responsáveis, com efeitos aditivos e de dominância envolvidos na expressão do caráter (Li et al., 1980). Cruz (2001b), em um estudo da capacidade combinatória de seis genótipos de arroz, sendo três tolerantes (Quilla 64117, Quilla 66304 e Diamante) e três sensíveis (IRGA 417, BRS 7 e IR 8) e das distribuições de frequências e estimativas das médias e variâncias de diferentes gerações concluiu que a porcentagem de redução no comprimento e o recrescimento do coleóptilo sob temperatura baixa são herdáveis e tanto as ações gênicas aditiva quanto de dominância e epistasia são importantes na determinação da herança desses caracteres. Kwak et al. (1984) apud Mackill et al. (1997) afirmam que a tolerância à clorose induzida pelo frio nas cultivares japônicas é controlada por um ou dois genes maiores.

No estágio reprodutivo, a tolerância ao frio, medida pela exerceção completa da panícula no campo, mostrou herança monogênica, condicionada por apenas um gene dominante (Mahishi et al., 1991; Pandey et al., 1993). Para este mesmo caráter, Cruz (2001b) avaliou o comportamento da geração F₂ resultante de cruzamentos entre dois genitores sensíveis (BRS 7 e IRGA 417) e dois tolerantes (Diamante e Quilla 64117), tendo concluído que a exerceção completa da panícula nos genótipos tolerantes é governada por um gene recessivo e a herdabilidade é moderada.

A avaliação da porcentagem de fertilidade de espiguetas medida a campo envolveu um sistema poligênico com mais de sete fatores efetivos, com efeitos de dominância e aditividade (Futsuhara et al., 1969 apud Khan et al.,

1986). Este mesmo caráter, medido sob condições controladas, em plantas submetidas a 20° C por cinco dias no período de antese, indicou uma herança poligênica, com valores de herdabilidade realizada entre 0,35 e 0,45 (Khan et al., 1986).

Entre as alternativas para avaliação da tolerância ao frio na cultura de arroz estão os testes de germinação (Maya, 1988; Bertin et al., 1997), testes no estágio de plântulas (Maya, 1988; Srinivasulu et al., 1988), avaliação do escape de solutos das células (Paull, 1981), fluorescência de clorofila (Smillie et al., 1979) e níveis de fosfatidilglicerol nas membranas (Roughan, 1985). Recentemente, Cruz (2001b) estudou diversas metodologias de avaliação e caracterização de 24 genótipos de arroz irrigado provenientes de vários países e com variabilidade para tolerância ao frio na fase de germinação. Foram usadas as cultivares IR 8, como sensível, e Caloro, Koshihikari, Quilla 64117, Quilla 66304 e Diamante, como tolerantes. A autora concluiu que a porcentagem de redução no comprimento e no recrescimento do coleóptilo são as mais adequadas para avaliação da tolerância ao frio na fase de germinação. Também foi constatado que os melhores genótipos para este caráter foram Diamante e Quilla 64117.

Entretanto, a tolerância ao frio na fase inicial de desenvolvimento não está necessariamente associada à tolerância na fase reprodutiva do arroz (Datta et al., 1983), exigindo que a avaliação seja também realizada nesta fase. Cruz (2001b) estudou a metodologia de avaliação da tolerância ao frio na fase reprodutiva e concluiu que a melhor alternativa é através da menor redução na massa de 100 grãos utilizando a temperatura de 17° C por sete dias no estágio de antese. Os genótipos que se destacaram neste trabalho foram Quilla 64117, como o mais tolerante no estágio de antese, e o Diamante, como o mais tolerante no estágio de microsporogênese. A indicação da antese para esta avaliação também foi feita por Lee (1979), mas este autor trabalhou com esterilidade de espiguetas.

2.6. Seleção recorrente: método alternativo de melhoramento de arroz

A seleção recorrente é um processo sistemático de seleção de indivíduos superiores dentro de uma população geneticamente heterogênea, seguido da recombinação dos indivíduos selecionados para formar uma nova

população, sendo que esta última pode ser utilizada para iniciar um novo ciclo de seleção (Paterniani et al., 1987; Fehr, 1993; Geraldi, 1997). O limite para a seleção é imposto pelo esgotamento da variabilidade genética da população. As principais vantagens da seleção recorrente são: a) obtenção de maior variabilidade genética pelo intercruzamento de múltiplos genitores; b) maior oportunidade para recombinação devido aos cruzamentos sucessivos; c) maior eficiência no aumento da frequência de alelos favoráveis devido ao processo repetitivo e acumulativo de seleção e d) maior facilidade para incorporar genótipos geneticamente divergentes na população.

A seleção recorrente passou a ser viável para o melhoramento do arroz depois da descoberta do gene de macho-esterilidade genética por Singh et al. (1981), facilitando assim os intercruzamentos ao acaso no campo. A metodologia de melhoramento com a utilização do gene de macho-esterilidade é descrita por Chatel et al. (1995) e por Rangel et al. (1997). No caso do arroz, que é uma planta autógama, o objetivo é o melhoramento intrapopulacional, isto é, melhorar o desempenho da população per se para extração de linhagens que serão lançadas como novas cultivares.

As principais etapas do processo de melhoramento através de seleção recorrente são: 1) sintetização da população; 2) melhoramento da população base; 3) extração de linhagens. Como o arroz é uma espécie autógama normalmente não existem populações de base genética ampla para serem trabalhadas por seleção recorrente. Assim, o primeiro passo é a sintetização da população base, que deve ter o maior número possível de genitores que, por sua vez, devem ter bom desempenho na região alvo e serem geneticamente divergentes (Fehr, 1993). Também deve-se ter o cuidado de realizar um número suficiente de intercruzamentos para proporcionar recombinação gênica e permitir que a população entre em equilíbrio de ligação.

Quanto ao número de intercruzamentos, se deve considerar em primeiro lugar o trabalho de Hanson (1959) que avaliou a relação teórica entre ruptura dos blocos de ligação e tamanho dos cromossomos. Este autor trabalhou com várias gerações de intercruzamentos ao acaso entre um número limitado de genitores. A principal conclusão foi de que, em programas de melhoramento de autógamias, se deve fazer preferencialmente três a quatro gerações de intercruzamentos para liberar a variabilidade genética existente nos genitores.

Em alguns estudos realizados com a população CNA-IRAT 2 Cabezas-Santacruz (1995) e Marín-Garavito (1994) concluíram que não há necessidade de realizar mais de um ciclo de recombinação antes de começar a etapa de seleção, considerando que ciclos adicionais de recombinação não contribuíram para aumentar a variância genotípica e a média da população para as variáveis rendimento de grãos, estatura de planta, floração, número de panículas por unidade de área, número de grãos por panícula e massa de mil grãos.

O estudo mais recente sobre o assunto foi realizado por Cordeiro (2001) que avaliou o efeito de 0, 1, 2, 3 e 4 intercruzamentos na média e na variabilidade genética da população de arroz irrigado CNA 5, onde foram avaliadas 300 famílias nas gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$. As estimativas de variâncias genotípicas, coeficientes de variação genética e herdabilidades não evidenciaram liberação de maior variabilidade com o incremento do número de intercruzamentos e o autor concluiu que realizar mais do que um ciclo de intercruzamento não parece ser vantajoso na condução de um programa de seleção recorrente.

A segunda etapa é o melhoramento da população que, no caso do arroz, utilizando a metodologia de seleção recorrente em famílias $S_{0:2}$ (Rangel et al., 1997), cada ciclo é completado em dois anos considerando a realização de duas gerações por ano. Na primeira geração, obtém-se as famílias através da seleção de plantas individuais macho-férteis dentro da população base, na segunda faz-se uma geração de autofecundação para incrementar o volume de sementes, na terceira os ensaios de avaliação no campo e na quarta a recombinação entre os indivíduos superiores selecionados através dos ensaios de campo.

Na segunda etapa, um ponto de relevância é a decisão do número de indivíduos que serão recombinados, tendo como critério de escolha os resultados dos ensaios de campo com as famílias $S_{0:2}$. Este tamanho da amostra denomina-se número efetivo (N_e) e significa o número mínimo de indivíduos em uma amostra que representa a variabilidade genética presente na população original. Segundo Fehr (1993) e Hallauer et al. (1981), N_e é uma medida relativa, dependendo do nível de endogamia dos genitores que se intercruzam e do número de gametas com que cada sexo contribui para a próxima geração. Segundo Morais (1997), para seleção de um determinado

caráter, monogênico ou oligogênico, deve-se utilizar uma amostra da população cujo tamanho efetivo seja o suficiente para garantir o progresso na direção que se deseja e, também, assegurar a presença dos alelos favoráveis para todos os demais caracteres de interesse.

Vencovsky (1987) menciona que o tamanho efetivo da amostra depende da estratégia do melhorista e, sendo esta de curto prazo, o N_e pode ser baixo, mas, por outro lado, ser for de longo prazo o N_e deve ser suficientemente grande para evitar a perda de alelos por endogamia ou por deriva genética. Segundo Souza Jr. et al. (2000), a deriva genética é um processo sempre presente nos programas de seleção recorrente, independente do método utilizado, devido ao pequeno número de progênies selecionadas e recombinadas que darão origem à população melhorada. Neste mesmo sentido, quanto menor for o tamanho da população maior será o grau de parentesco médio observado dentro desta e maior será o cruzamento entre indivíduos relacionados por ascendência, ou seja, maior será a endogamia (Falconer, 1989).

No caso de seleção recorrente de arroz com o gene de macho-esterilidade, normalmente pratica-se a seleção de plantas férteis no campo de avaliação e utilizam-se as famílias $S_{0:1}$ para recombinação. Nesta situação, segundo Morais (1997), para manter um $N_e = 50$ seria necessário selecionar 50 famílias $S_{0:1}$ para recombinação. Não obstante, Hallauer et al. (1981) sugerem utilizar um mínimo de 20 a 30 progênies nas recombinações, mas admitem que o ideal é utilizar um número maior.

Outro aspecto importante no processo de seleção recorrente é o número de famílias que são avaliadas nos ensaios de campo. O número mínimo considerado como adequado são 200 famílias $S_{0:2}$ (Rangel et al., 1997). O programa de seleção recorrente do CNPAF tem adotado um $N_e = 50$, com avaliação no campo de 200 famílias e com intensidade de seleção correspondente a 25 % (Rangel et al., 2000). Estes mesmos autores relatam que, recentemente, no intuito de aumentar a intensidade de seleção para 17 % foi aumentado o número de famílias avaliadas para 300, mantendo o mesmo número efetivo.

Simultaneamente com o melhoramento da população inicia-se o processo de extração de linhagens dentro das melhores famílias selecionadas

com base nos resultados dos ensaios de campo das famílias $S_{0:2}$. As famílias selecionadas são conduzidas até a geração $S_{5:7}$ pelo método genealógico, devendo-se ter o cuidado de eliminar o gene de macho-esterilidade, conforme metodologia descrita por Rangel et al. (1997). Durante estas gerações são feitas seleções entre e dentro de famílias e, no final, as melhores linhas puras são incluídas nos ensaios de rendimento (Rangel et al., 1997).

O método de seleção recorrente está sendo utilizado em vários programas de melhoramento de arroz e alguns resultados serão relatados a seguir. Veillet et al. (1996) concluíram que a seleção recorrente é uma alternativa eficiente para aumentar a resistência parcial à brusone na população de arroz de sequeiro CNA-IRAT 5, superando inclusive o ganho esperado na seleção direta para o caráter na população base. Rangel et al. (1998b) estudaram o potencial genético para fins de melhoramento das populações CNA-IRAT 4PR/1/1 (ciclo precoce) e CNA-IRAT 4ME/1/1 (ciclo médio) e concluíram que um ciclo de seleção recorrente foi eficiente para aumentar o rendimento de grãos e que a seleção baseada no índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) mostrou-se superior à seleção direta no rendimento de grãos. Também no mesmo trabalho foram observados ganhos genéticos para resistência à brusone na panícula e à mancha parda na folha.

Morais et al. (1998), trabalhando com a população CG2, obtiveram um ganho esperado pela seleção de 6,2 % para rendimento de grãos, apesar da seleção ter sido aplicada diretamente para qualidade de grãos e para resistência a doenças. No segundo ciclo de seleção recorrente, Morais et al. (2002) observaram que a média de rendimento de grãos das 54 famílias selecionadas foi 13,4 % superior a das testemunhas, sendo estas as mesmas utilizadas no primeiro ciclo, quando a média das famílias selecionadas foi similar à média das testemunhas. Rey et al. (1998) utilizaram a seleção recorrente em duas populações (PCT-4 e PCT-A) para precocidade e obtiveram, respectivamente, um aumento da frequência de plantas precoces de 14 e 41,3 %, em apenas um ciclo.

Rodrigues et al. (1998) avaliaram o potencial da população CNA 1 para fins de melhoramento, por meio de estimativas de seus parâmetros genéticos e das respostas diretas e indiretas à seleção, como também pelo índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). Os caracteres rendimento de grãos, incidência

de brusone na folha, estatura de planta, número de espiguetas por panícula e porcentagem de grãos cheios mostraram alta variabilidade, evidenciada pelas estimativas dos coeficientes de variabilidade genética. Os ganhos por seleção direta ou pelo índice clássico quanto ao rendimento 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.

Vários ensaios de campo foram conduzidos por Rangel et al. (1998a) para avaliar o potencial genético das populações CNA 1, CNA-IRAT 4 e CNA-IRAT P, para utilização no programa de melhoramento genético do arroz de várzea. As duas primeiras populações foram desenvolvidas para as regiões Centro-Oeste, Sudeste e Norte do Brasil e a última (CNA-IRAT P) para os estados do Sul. Para a população CNA 1 já foram realizados dois ciclos completos de seleção recorrente e os ganhos genéticos para o caráter produtividade foram de 4,6 % e 3,6 %, respectivamente para as populações CNA 1/0/1 e CNA 1/1/1. Resultados similares foram obtidos para a população CNA-IRAT 4, com ganhos por seleção no ciclo 1 de 6,0 % (CNA-IRAT 4/1/1) e no ciclo 2 de 3,4 % (CNA-IRAT 4/2/1). Estes mesmos autores encontraram um ganho por seleção de 8,8 % ao ano para produtividade na região sul do Brasil com a população CNA-IRAT P. As herdabilidades foram relativamente altas, variando de 50 a 74% nos trabalhos de avaliação das três populações citadas acima. A redução nos ganhos de um ciclo para outro são esperados, já que à medida que a população vai sendo melhorada vai diminuindo também a variabilidade genética da mesma.

2.7. Diversidade genética em arroz irrigado

Os programas de melhoramento de plantas têm sempre como um dos principais objetivos o aumento da produtividade dos cultivos. No caso do arroz irrigado no RS, isto não tem se mostrado muito evidente depois do lançamento das cultivares BR-IRGA 409 (1979) e BR-IRGA 410 (1980). Uma das possíveis causas para o reduzido ganho genético para o caráter produtividade de grãos é a estreita base genética das populações utilizadas nos programas de

melhoramento. Segundo Cuevas-Pérez et al. (1992), 36 % dos genes das cultivares exploradas comercialmente na América Latina são oriundas da cultivar IR 8. No caso do RS, apenas seis ancestrais (Deo Geo Woo Gen, Cina, Lati Sail, I Geo Tze, Mong Chim Vang A e Belle Patna) contribuem com 86% dos genes das cultivares de arroz mais plantadas na metade da década de 90 (Rangel et al., 1996). Para o caso do arroz de sequeiro, Guimarães et al. (1996) mostraram que 46,0 % dos genitores usados nos cruzamentos são originários do oeste africano e o restante dos genótipos, apesar de serem da América Latina, foram originados de cruzamentos envolvendo genótipos africanos. Trabalho similar foi realizado por Dilday (1990) para o germoplasma de arroz irrigado dos Estados Unidos da América, mostrando também estreita base genética tanto na região sul (Arkansas, Louisiana, Mississippi, Missouri e Texas) como na região oeste (Califórnia).

A principal consequência da diminuição 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). Sendo a produtividade de grãos um caráter quantitativo, governado por grande número de genes, a probabilidade de se encontrar um indivíduo, em qualquer geração segregante, que contenha todos os alelos favoráveis, é muito pequena e esta probabilidade diminui à medida que se aumenta a geração em consideração (Rangel et al., 1998b). Selecionando-se os indivíduos superiores em populações geneticamente divergentes e inter cruzando-os, aumenta-se a frequência de alelos favoráveis e, com isso, tem-se maiores chances de encontrar indivíduos com todos os alelos favoráveis.

Em qualquer programa de melhoramento de plantas, a variabilidade genética é fundamental mas, especialmente no método de seleção recorrente, como o próprio conceito já estabelece, como sendo um processo de selecionar os indivíduos superiores para o caráter desejado em uma população geneticamente divergente, para posterior recombinação, este pré-requisito passa a ser decisivo para o sucesso do trabalho. A estratégia, neste caso, é manter uma população com ampla variabilidade genética e com o máximo de oportunidade de recombinação alélica (Chaves, 1997).

A variabilidade genética de uma população sintética é função direta do número de cultivares ou de linhagens usadas como genitores e da variabilidade

genética entre elas. Esta variabilidade surge com a formação de heterozigotos nos locos em que os pais são divergentes, isto é, apresentam alelos diferentes, e a posterior segregação alélica durante o processo de síntese da população. Assim, a variabilidade será tanto mais ampla quanto maior for a diferença de frequência alélica, em cada loco, nos genitores. Nas linhas puras de arroz, sejam cultivares ou linhagens em estágio avançado de autofecundação, todos os alelos estão fixados (frequência 1 ou 0 em cada loco) e, portanto, deve-se buscar genitores divergentes para os alelos que têm efeito nos caracteres de interesse.

O aumento da variabilidade genética de uma população sintética não ocorre de forma linear com o aumento do número de genitores e, a partir de determinados limites, mesmo na presença de alelos múltiplos, aumentam as possibilidades de que os genitores carreguem alelos idênticos por ascendência em seus locos. Também se deve considerar que o aumento do número de genitores implica no aumento do número de cruzamentos e no número de gerações de intercruzamento para que ocorra a combinação dos genes de todos os genitores em uma mesma planta (Fehr, 1993). Por último, a decisão da escolha do número de genitores deve satisfazer à necessidade de criar alta variabilidade genética sem comprometer demasiadamente a média da população sintetizada. Chaves (1997) sugere os seguintes aspectos a serem considerados na seleção dos genitores de uma população de seleção recorrente: a) determinar precisamente o tipo de cultivar e o ideotipo desejado, b) selecionar genitores cuja adaptação à região alvo seja a mais alta possível, c) selecionar genitores com ampla variabilidade genética e d) escolher genitores que se complementem para os caracteres importantes para formação do ideotipo pré-estabelecido.

Considerando, então, a variabilidade genética entre os genitores como um pré-requisito essencial para o sucesso de um programa de seleção recorrente, serão discutidas a seguir as diferentes alternativas para medir esta variabilidade entre as cultivares e/ou linhagens candidatas a serem incluídas na síntese de uma nova população. Os dados de cruzamentos dialélicos fornecem os componentes de heterose ou de capacidade específica de combinação que refletem a variabilidade entre os genitores. Isto ocorre porque a heterose medida no fenótipo é a manifestação da heterozigose do genótipo e isto mostra

a variabilidade de cada genitor em relação à média dos demais (Gardner et al., 1966 apud Cruz et al., 1997). A seleção de genitores pela média estimada dos sintéticos possíveis contempla indiretamente aqueles mais divergentes geneticamente, uma vez que a heterose média dos cruzamentos está na fórmula de predição (Chaves, 1997). Isto mostra, mais uma vez, a importância dos cruzamentos dialélicos ou *top-cross* como uma ferramenta útil em estudos relacionados com a escolha de genitores para cruzamentos, em geral, e para a síntese de populações de seleção recorrente, em particular.

Os dados de genealogia são também muito utilizados para obter informações sobre a variabilidade genética do germoplasma estudado, para prever o desempenho de cultivares híbridas e para selecionar genitores para os blocos de cruzamentos de um programa de melhoramento. Um exemplo do estudo da genealogia de cultivares de arroz para fins de definir estratégias futuras no melhoramento foi feito por Tous et al. (1991), que construíram a árvore genealógica das 12 cultivares liberadas na Colômbia, no período de 1971 a 1989. Os autores concluíram que as cultivares apresentam estreita base genética, considerando que um grupo de 14 genótipos, provenientes de oito países, contribuíram com 90 % do conjunto gênico. Cao et al. (1997) analisaram dados de genealogia, associando informações de marcadores moleculares do tipo RAPD, para 26 cultivares e linhagens elite do estado da Louisiana, Estados Unidos da América, e verificaram concordância nos agrupamentos realizados com as duas fontes de informação.

A divergência genética também pode ser verificada através de medidas de similaridade (ou dissimilaridade) entre genitores a partir da análise de dados de marcadores morfológicos ou fenotípicos, de marcadores bioquímicos e, mais recentemente, de marcadores moleculares. Os marcadores fenotípicos apresentam algumas limitações tais como pouca variabilidade entre genótipos já melhorados (Lopes, 2002); normalmente são controlados por genes dominantes, não permitindo identificar plantas heterozigotas; caracteres pertinentes a flores, frutos e sementes somente são identificados nas plantas adultas e poucos caracteres podem ser estudados ao mesmo tempo devido aos efeitos das interações gênicas e às interações com o ambiente (Weeden et al., 1994; Autrique et al., 1996; Bered et al., 1997). Apesar disso, muitos estudos de variabilidade foram feitos em arroz envolvendo caracteres

exclusivamente morfológicos (Thanh et al., 1999; Schlosser et al., 2000) e caracteres morfológicos e marcadores do tipo RAPD (polimorfismo de DNA amplificado ao acaso) (Thomas et al., 2001). Recentemente Lopes (2002) estudou 27 caracteres fenotípicos, totalizando 77 marcadores, em 38 genótipos do banco de germoplasma do Instituto Rio Grandense do Arroz e constatou baixo poder de discriminação dos genótipos e alta similaridade genética ($SG = 0,76 \pm 0,08$, com o coeficiente *simple matching similarity*). Também, no mesmo trabalho, não foi possível separar corretamente os genótipos dos grupos índica e japônica.

Os marcadores genéticos bioquímicos são produtos da expressão de genes (proteínas, enzimas ou compostos secundários como os terpenóis). As isoenzimas são as diferentes formas moleculares de uma enzima catalisando a mesma reação na célula e são codificadas por genes distintos. As aloenzimas também são diferentes formas de enzimas mas que são codificadas por variações alélicas em um mesmo loco (Robinson, 1998). Estas últimas são de maior interesse nos estudos de diversidade porque permitem o cálculo de parâmetros genéticos tais como frequências alélicas e genotípicas, heterozigosidade, diversidade gênica, diferenciação genética e estrutura genética de populações (Jasieniuk et al., 2001).

Um dos estudos mais importantes na classificação de arroz com base no polimorfismo isoenzimático foi realizado por Glaszmann (1986 e 1987), que estudou 1.688 cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) da Ásia. Deste total, foi retirada uma amostra representativa de 120 genótipos que foram analisados para 21 locos de isoenzimas. Foram construídos cinco grupos (I, II, III, IV e V) para os genótipos índicas e o grupo VI para os genótipos japônica e javânica. Outro trabalho interessante com o uso de isoenzimas, associado com marcadores do tipo RAPD, foi realizado no Brasil por Buso et al. (1998), onde foram estudadas populações naturais de *Oryza glumaepatula*. Os resultados mostraram maior diversidade entre populações do que dentro das populações e que o sistema de reprodução predominante é a autogamia. Como esta espécie é diplóide e possui genoma AA foi eleita como uma possível doadora de genes para as cultivares comerciais de arroz.

Com a descoberta das enzimas de corte da dupla-fita de DNA (endonucleases) e da reação da polimerase em cadeia (PCR) (Mullis et al.,

1987, apud Ferreira et al., 1998) surgiram os marcadores moleculares que permitem aos biólogos o estudo das variações nas seqüências de DNA. Os tipos de marcadores mais usados são RFLP (polimorfismo no comprimento de fragmentos obtidos por corte da fita dupla de DNA), RAPD (polimorfismo de DNA amplificado ao acaso), microssatélites ou SSR (seqüências simples repetidas) e AFLP (polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados). As características, as bases genéticas, as vantagens e as desvantagens de cada tipo de marcador são apresentadas e discutidas por Ferreira et al. (1998), Milach (1998) e Jasieniuk et al. (2001).

O arroz atualmente é considerado uma planta modelo para os estudos de biologia molecular e vários tipos de marcadores foram desenvolvidos e estão sendo aplicados com diversas finalidades. Os marcadores mais antigos do tipo RFLP foram utilizados por Zhang *et al.* (1992) para diferenciar genótipos dos grupos índica e japônica, onde demonstraram que o primeiro grupo geralmente apresenta maior variabilidade genética. Também com RFLP, Sun et al. (2001) compararam a variabilidade existente entre o arroz silvestre (*Oryza rufipogon* Griff.) e o arroz cultivado (*Oryza sativa* L.) e sugeriram que durante o processo de evolução do arroz muitos alelos foram perdidos pela ação das seleções natural e humana, proporcionando menor heterozigosidade e menor variabilidade genética no arroz cultivado. Nesse mesmo trabalho, foi verificada maior variabilidade no grupo índica do que no japônica, dentro da espécie cultivada.

Muitos trabalhos relacionados com estudos de variabilidade genética em arroz utilizando marcadores moleculares do tipo RAPD são encontrados na literatura. Virk et al. (1995) utilizaram eficientemente os dados desses marcadores para identificar duplicidade de genótipos no banco de germoplasma do IRRI. Ko et al. (1994) mostraram a importância do uso de marcadores do tipo RAPD para estudos da diversidade de cultivares australianas em comparação com linhagens e os respectivos genitores originários dos Estados Unidos, onde se observaram graus de similaridade de 88 a 97 %. Mackill (1995) utilizou marcadores do tipo RAPD para diferenciar genótipos de arroz nos subgrupos índica, japônica tropical e japônica temperada. Thomas et al. (2001) utilizaram informações de 63 caracteres

morfológicos e de 262 marcadores do tipo RAPD para discriminar as espécies *Oryza malapuzhaensis* (Krish e Chand) e *Oryza officinalis* (Wall e Watt).

Os marcadores do tipo AFLP foram empregados por Zhu et al. (1998) para analisar a diversidade genética de 57 genótipos, onde foram identificados três grupos que correspondem aos grupos I, II e VI, previamente definidos por Glaszmann (1987). Este tipo de marcador também foi utilizado em arroz em estudos comparativos com outros tipos de marcadores nos trabalhos de Mackill et al. (1996), de Fuentes et al. (1999) e de Virk et al. (2000).

Na atualidade, os marcadores microssatélites ou SSR têm sido adotados preferencialmente por serem co-dominantes, apresentarem boa repetibilidade e alto polimorfismo, serem baseados em reação de PCR (reação da polimerase em cadeia) e estarem disponíveis em grande número. Uma série de trabalhos cumulativos foi realizada para desenvolver um total de 500 oligonucleotídeos iniciadores (*primers*) de microssatélites (Wu et al., 1993; Akagi et al., 1996; Panaud et al., 1996; Chen et al., 1997; Temnykh et al., 2000; Brondani et al., 2001; Temnykh et al., 2001). Nesses trabalhos foram desenvolvidos os marcadores microssatélites, incluindo estudos quanto ao grau de amplificação dos fragmentos de DNA, a localização nos mapas inicialmente construídos com marcadores do tipo RFLP e a diversidade alélica no gênero *Oryza* spp. O mapa atual de microssatélites tem um marcador a cada 4 cM (Temnykh et al., 2001). Com a recente publicação do rascunho do seqüenciamento da cultivar Nipponbare (Goff et al., 2002), foram detectadas 48.351 seqüências simples repetidas (SSR) com dois, três e quatro nucleotídeos, totalizando um SSR a cada 8.000 pares de bases.

Os marcadores microssatélites foram utilizados para quantificar a variabilidade genética na espécie *Oryza sativa* L. no Vietnã (Thanh et al., 1999), na Austrália (Garland et al., 1999), nos Estados Unidos (Ni et al., 2002) e no Brasil (Lopes, 2002). Os dois últimos trabalhos mostram claramente a eficiência dos marcadores microssatélites para discriminar os genótipos das subespécies índica e japônica, para confirmar a maior variabilidade genética no grupo índica e mostram ainda serem uma eficiente ferramenta para a identificação de cultivares (*fingerprinting*). O trabalho de Ni et al. (2002) mostrou ainda que um grupo de 30 *primers*, selecionados de um total de 111

empregados no estudo, foi suficiente para alcançar os mesmos resultados na estimativa da variabilidade genética e na identificação de cultivares.

Vários autores compararam a eficiência de diferentes tipos de marcadores (morfológicos, genealogia, isoenzimas e moleculares) nas estimativas de variabilidade genética no arroz cultivado (Mackill et al., 1996; Cao et al., 1997; Fuentes et al., 1999; Davierwala et al., 2000; Virk et al., 2000; Qian et al., 2001; Lopes, 2002). De modo geral, os autores relatam que os marcadores moleculares são mais eficientes para medir a variabilidade genética existente no material estudado. Entre os marcadores moleculares, destacam-se pelo maior nível de informação RFLP, AFLP e SSR, sendo este último o mais utilizado por estar disponível um grande número de microssatélites distribuídos por todo o genoma do arroz.

3. MATERIAL E MÉTODOS

O material genético que serviu de base para a execução deste projeto de pesquisa foi a população de seleção recorrente de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado CNA 11, sintetizada pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária / Embrapa Arroz e Feijão (EMBRAPA / CNPAF), localizada em Santo Antônio de Goiás, GO, segundo o esquema mostrado na Figura 1. Esta população é constituída de diversos genótipos que foram utilizados como fonte de genes para produtividade, para resistência à bicheira da raiz, à brusone e à mancha parda, para tolerância ao frio e à toxidez por ferro, para precocidade e para qualidade de grãos (Tabela 1). Como fonte de macho-esterilidade genética foram utilizadas plantas da população CNA 1 que contém ainda alelos para produtividade, precocidade, qualidade de grãos, resistência à brusone e tolerância à toxidez por ferro. A fonte de macho-esterilidade empregada na síntese da população CNA 1 foi a cultivar IR 36, que possui o gene *msms* que induz à inviabilidade do pólen (Singh et al., 1981). A provável constituição da população após a sintetização é mostrada na Tabela 2. O esquema geral de seleção recorrente com a população CNA 11 e a avaliação de famílias $S_{0:2}$ são mostrados na Figura 2.

Este trabalho foi composto de dois estudos, sendo o primeiro realizado no campo, com a avaliação de 140 famílias $S_{0:2}$ e quatro cultivares testemunhas, e o segundo, em laboratório, com a análise dos genitores da população CNA 11 e das famílias $S_{0:2}$, através de marcadores microssatélites, onde foram avaliadas a similaridade genética dos genitores e as variações nas frequências alélicas das famílias em função do processo seletivo. A seguir serão descritos o material e métodos empregados nos dois estudos.

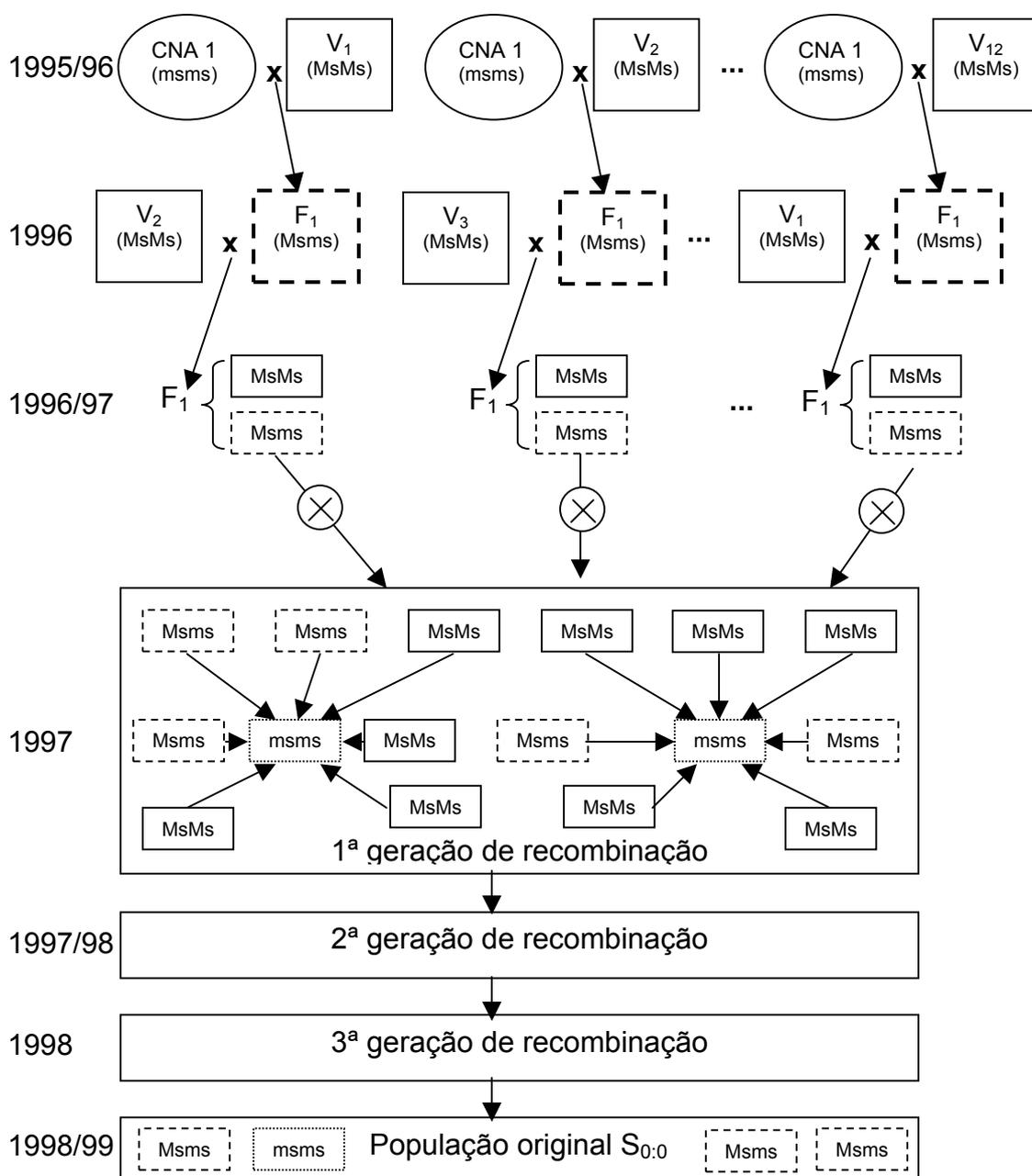


FIGURA 1 – Esquema de síntese da população de seleção recorrente de arroz irrigado CNA 11 utilizando como doadora do gene de macho-esterilidade plantas da população CNA 1 (CNA 1 é outra população de seleção recorrente e as cultivares V1 a V12 constam na Tabela 1). UFRGS, 2002.

TABELA 1 - Principais características dos genitores componentes da população de seleção recorrente de arroz CNA 11. UFRGS, 2002.

Genitores	Características
V1- BR-IRGA 409	Resistência à bicheira da raiz; alto potencial de rendimento de grãos
V2- CICA 8	Alto potencial de rendimento de grãos; tolerância à toxidez por ferro
V3- CYPRESS	Boa qualidade de grãos
V4- INIA TACUARI	Boa qualidade de grãos; precocidade
V5- CL SEL. TY 12 Precoce	Tolerância ao frio; precocidade
V6- IAS 12-9 Formosa	Tolerância ao frio
V7- L 202	Tolerância ao frio
V8- CL SEL. 251	Resistência à bicheira da raiz
V9- CL 44-CA ₂ - 16	Resistência à bicheira da raiz
V10- IRI 342	Resistência à brusone e à mancha parda
V11- KATY	Resistência à brusone
V12- CL SEL. 694-1	Resistência à brusone

Fonte: Rangel et al., 2000.

TABELA 2. Genitores e participação relativa das cultivares/linhagens componentes das populações CNA 1 e CNA 11 na geração S_{0:0}. UFRGS, 2002.

Cultivares/ linhagens	Genitores	Participação relativa (%)	
		CNA 1	CNA 11
BG 90-2	IR 262 / Remadja	6,25	1,56
CNA 7	T141 / IR 665-1-1-75-3	6,25	1,56
CNA 3815	Cica 4 / BG 90-2 // SML5617	6,25	1,56
CNA 3848	IR 36 / Cica 7 // 5461	6,25	1,56
CNA 3887	BG 90-2 / Tetep // 4440	6,25	1,56
COLÔMBIA 1	Napal / Takao Iku 18	6,25	1,56
ELONI	IR 454 / SML Kapuri // SML 66410	6,25	1,56
NANICÃO	Cultivar Tradicional – Brasil	6,25	1,56
UPR 103.18.1.2	IR 24 / Cauvery	6,25	1,56
IR 36 (msms)	Mutante IR 36	18,75	4,69
JAVAÉ	P3085 // IR 5853 / IR 19743	8,33	2,09
CNA 6860	Lemont / Q 65101 // P 2015	8,33	2,09
BLUEBELLE	CI 9214 // Century Patna / CI 9122	8,33	2,09
CNA 1RI/0/1¹		100,00	25,00
BR-IRGA 409	IR 930-53 / IR 665-31-2-4	-	6,25
CICA 8	Cica 4 // IR 665 / Tetep	-	6,25
CYPRESS	L 202 / Lemont	-	6,25
INIA TACUARI	New Bonnet / New Rex L79	-	6,25
CL SEL. TY 12	Seleção TY 12 (Japônica)	-	6,25
IAS 12-9 FORMOSA	Kaoshiung 21	-	6,25
L 202	Dawn*2 / Century Patna 231 / SLO 17	-	6,25
CL SEL. 251	Seleção RU8003005	-	6,25
CL 44-CA ₂ -16	RS 129/T1	-	6,25
IRI 342	Milyang 23 / IRI 1545	-	6,25
KATY	Bonnet 73 / CI 9722 // Starbonnet / Tetep/3/	-	6,25
CL SEL. 694-1	Camponi	-	6,25
Subtotal			75,00

Fonte: Rangel et al., 2000.

¹ Plantas da população CNA 1RI/0/1 foram utilizadas como base para a síntese da população CNA 11 e também como doadora do gene de macho-esterilidade.

3.1. Estudo 1 – Avaliação dos parâmetros genéticos da população CNA 11 e ganhos esperados pela seleção

3.1.1. Obtenção do material experimental

3.1.1.1. Obtenção das famílias $S_{0:1}$

A população original ($S_{0:0}$) segregando 50 % de plantas macho-férteis (Msms) para 50 % de plantas macho-estéreis (msms), foi semeada em Pelotas e em Santa Vitória do Palmar, municípios situados na região sul do estado do Rio Grande do Sul, para seleção de plantas individuais macho-férteis. As sementes colhidas formaram as famílias $S_{0:1}$ (Figura 2). Esta fase do projeto foi conduzida pela Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, e pelo Instituto Rio Grandense do Arroz – IRGA, em Santa Vitória do Palmar. As sementes provenientes do CNPAF foram distribuídas em caixas para produção de mudas na segunda quinzena de novembro de 1998. O transplante para o local definitivo foi realizado aos 25 dias após a semeadura e as mudas foram distribuídas no espaçamento de 0,30 m x 0,20 m. O manejo das plantas no campo foi realizado conforme as recomendações gerais para a cultura do arroz irrigado (EPAGRI, 1997). No mês de abril de 1999 selecionou-se 258 plantas férteis, sendo este total o somatório dos dois locais, com base nos critérios a seguir: esterilidade de espiguetas, tipo de grão, estatura de planta e ciclo.

3.1.1.2. Multiplicação das famílias $S_{0:1}$

As sementes $S_{0:1}$ foram cultivadas no Campo de Apoio à Pesquisa e Desenvolvimento do Tocantins (CAPDT), de propriedade da Embrapa, no município de Formoso do Araguaia, TO, durante o inverno de 1999, com o objetivo de aumentar a quantidade de sementes para os ensaios de avaliação das características fenotípicas. As sementes das plantas de cada família foram colhidas de forma massal (*bulk*) e constituíram as famílias $S_{0:2}$.

3.1.1.3. Avaliação das famílias $S_{0:2}$

Das 258 famílias cultivadas em Formoso do Araguaia na geração anterior somente 140 foram incluídas nos ensaios, sendo metade derivadas da seleção em Pelotas e metade da seleção em Santa Vitória do Palmar. As 140

famílias $S_{0:2}$ (famílias oriundas de plantas S_0 que sofreram duas autofecundações), juntamente com quatro testemunhas (BR-IRGA 410, IRGA 418, IRGA 420 e INIA TACUARI), foram avaliadas em ensaios de campo em dois locais do Rio Grande do Sul (Cachoeirinha e Santa Vitória do Palmar).

As parcelas experimentais foram constituídas de seis sulcos espaçados de 0,20 m e com 3 m de comprimento e as sementes foram distribuídas com auxílio de uma semeadora mecanizada. A área útil constou dos quatro sulcos centrais com 2,50 m de comprimento, totalizando 2,0 m².

O delineamento experimental foi o látice triplo 12 x 12. Em Cachoeirinha a semeadura foi realizada dia 26 de novembro e em Santa Vitória do Palmar no dia 3 de dezembro de 1999, e a emergência das plântulas ocorreu dias 5 de dezembro e 17 de dezembro de 1999, respectivamente. A semeadura foi realizada deliberadamente fora da época recomendada com o intuito de forçar as plantas ao estresse com temperaturas baixas na fase reprodutiva.

A adubação de base foi composta de 300 kg ha⁻¹ e 200 kg ha⁻¹ da fórmula 02-20-20 (N-P₂O₅-K₂O), respectivamente nos ensaios de Cachoeirinha e de Santa Vitória do Palmar. A adubação nitrogenada de cobertura foi aplicada aos 40 dias após a emergência do arroz (d.a.e.), na dose de 50 kg ha⁻¹ de N. O controle de plantas invasoras foi realizado com a aplicação dos herbicidas Quinclorac (375 g i. a. ha⁻¹), Propanil (1,26 kg i. a. ha⁻¹) e Pyrazosulfuron (20 g i. a. ha⁻¹), no estágio de duas a três folhas. O início da irrigação foi aos 16 d.a.e. em Cachoeirinha e aos 21 d.a.e. em Santa Vitória do Palmar. As demais práticas de cultivo seguiram as recomendações da pesquisa (EPAGRI, 1997).

3.1.2. Caracteres avaliados

Foram avaliados dez caracteres fenotípicos, a campo e em laboratório, empregando-se a metodologia descrita abaixo:

Rendimento de grãos (REND; g parcela⁻¹) – colheita da área útil de cada parcela (2,0 m²). Após a colheita, o arroz foi trilhado, limpo e seco até os grãos atingirem 13 % de umidade;

Estatua de planta (ESTAT; cm) – medição de 10 plantas ao acaso dentro da área útil da parcela, considerando a distância vertical do nível do solo ao ápice da panícula;

Ciclo da emergência a 80 % da floração (FLR80; dias) – leitura direta no campo quando 80 % das plantas na parcela estavam na fase de antese;

Número de grãos por panícula (GRPAN) – determinado em 20 panículas coletadas ao acaso dentro da área útil da parcela, na fase de maturação;

Esterilidade de espiguetas (STESP, %) – na mesma amostra de avaliação do caráter anterior contou-se também o número de espiguetas estéreis e a porcentagem foi calculada pela fórmula: $STESP (\%) = [n^\circ \text{ espiguetas estéreis} / (n^\circ \text{ espiguetas estéreis} + n^\circ \text{ de grãos cheios})] \times 100$;

Manchas nas glumas (MCHGL) – avaliação visual das manchas causadas pela presença de fungos saprófitas, que desenvolvem uma coloração escura na superfície das glumas, com notas de 0 a 9, conforme escala ilustrada do CIAT (1984).

Massa de 1000 grãos (MMGR; g) – massa dos grãos cheios, com 13 % de umidade, obtidos na avaliação de GRPAN e os dados convertidos para 1000 grãos;

Rendimento de grãos inteiros (GRINT; %) – massa de grãos inteiros após o beneficiamento em engenho de prova, marca SUZUKI, numa amostra de 100 g de arroz com casca limpo e seco;

Comprimento do grão (CMPGR; mm) – média do comprimento de 10 grãos descascados e polidos, medido com paquímetro digital;

Índice de centro branco nos grãos (CBGR) – determinado nas amostras de grãos inteiros após o beneficiamento, com notas de 0 a 5, conforme metodologia descrita pelo CIAT (1989).

3.1.3. Análises estatísticas

Foram realizadas as análises de variância individual e conjunta para os dois locais (Cachoeirinha e Santa Vitória do Palmar), considerando os efeitos das famílias como aleatórios e os efeitos de locais como fixos. Os esquemas das análises de variância individual e conjunta, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, são apresentados nas Tabelas 3 e 4. Para realização da análise conjunta, foi testada a homogeneidade das variâncias dos erros experimentais pelo método do F máximo de Hartley (1950), apud Cruz et al. (1997).

Na análise individual por local (Tabela 3), a decomposição da fonte de variação tratamento em famílias e testemunhas, foi feita através de duas análises de variância auxiliares, sendo uma para cada fator, tomando-se os dados das médias ajustadas. Como essas análises foram feitas com as médias, multiplicou-se as respectivas somas de quadrados (SQ) de famílias e de testemunhas pelo número de repetições (r), cujos resultados foram inseridos na Tabela 3.

Na análise conjunta de locais, as decomposições das fontes de variação tratamentos (famílias, testemunhas e famílias vs. testemunhas) e da interação tratamentos x locais (famílias x locais, testemunhas x locais e famílias vs. testemunhas x locais) foram feitas através de análises de variância auxiliares, com as médias ajustadas de cada fator, considerando como repetições os locais e como delineamento o de blocos ao acaso, conforme descrito em Vencovsky et al. (1992). Para o caso de famílias, por exemplo, tomou-se as médias ajustadas de famílias nos dois locais e fez-se uma análise de variância considerando local como repetição no delineamento de blocos ao acaso. A SQ de famílias da análise auxiliar multiplicado por r corresponde a SQ de famílias da análise conjunta e a SQ do erro da análise auxiliar multiplicado por r corresponde a SQ da interação famílias x locais. O mesmo procedimento foi feito para o caso das testemunhas. A SQ da interação tríplice famílias vs. testemunhas x locais foi calculada com auxílio de uma terceira análise de variância, tomando-se a média geral ajustada de famílias e testemunhas dentro de cada local. Neste caso, a SQ do erro multiplicado pela média harmônica do número de informações de cada dado corresponde à SQ da interação tríplice. Para cálculo da média harmônica utilizou-se a fórmula abaixo:

$$0_h = 1 / \frac{1}{2} \{ [1/(N_{FAM} \cdot r)] + [1/(N_{TEST} \cdot r)] \} = 23,33$$

Sendo:

0_h = média harmônica

N_{FAM} = número de famílias (140)

N_{TEST} = número de testemunhas (4)

r = número de repetições (3)

TABELA 3. Esquema da análise de variância individual por local do látice triplo 12 x 12, com o fator tratamento composto de 140 famílias e quatro testemunhas. UFRGS, 2002.

FV	GL	QM
Repetições	$r-1 = 2$	QM ₁
Blocos/repetições	$r(k-1) = 33$	QM ₂
Tratamentos	$K^2-1 = 143$	QM ₃
- Famílias ¹	$f-1 = 139$	QM ₄
- Testemunhas ¹	$t-1 = 3$	QM ₅
Erro efetivo	$(k-1)(rk-k-1) = 253$	QM ₆
Total	$t.r-1 = 431$	

¹ Calculado através de análise de variância auxiliar, utilizando as médias ajustadas.

TABELA 4. Esquema da análise de variância conjunta de locais com as respectivas esperanças dos quadrados médios, para o desenho látice triplo 12 x 12, com 144 tratamentos e em dois locais. UFRGS, 2002.

FV	GL	QM	F	E(QM)
Repetição/local	$l.(r-1) = 4$	QM ₁	QM ₁ /QM ₁₂	
Bloco/rep/local	$r.l.(b-1) = 66$	QM ₂	QM ₂ /QM ₁₂	
Locais	$l-1 = 1$	QM ₃	QM ₃ +QM ₁₂ / QM ₂ +QM ₈	
Tratamentos	$t-1 = 143$	QM ₄	QM ₄ /QM ₁₂	$\sigma_e^2 + r.l.\sigma_t^2$
- Famílias (Fam.) ¹	$f-1 = 139$	QM ₅	QM ₅ /QM ₁₂	$\sigma_e^2 + r.l.\sigma_g^2$
- Testemunhas (Test.) ¹	$te-1 = 3$	QM ₆	QM ₆ /QM ₁₂	
- Famílias vs test. ¹	1	QM ₇	QM ₇ /QM ₁₂	
Tratamentos x locais	$(t-1)(l-1) = 143$	QM ₈	QM ₈ /QM ₁₂	$\sigma_e^2 + (l/l-1).r.\sigma_{tl}^2$
- Famílias x locais ¹	$(f-1)(l-1) = 139$	QM ₉	QM ₉ /QM ₁₂	$\sigma_e^2 + (l/l-1).r.\sigma_{fl}^2$
- Test. x locais ¹	$(te-1)(l-1) = 3$	QM ₁₀	QM ₁₀ /QM ₁₂	
- Fam. vs test. x locais ¹	1	QM ₁₁	QM ₁₁ /QM ₁₂	
Erro efetivo médio	Diferença = 506	QM ₁₂		σ_e^2
TOTAL	$l.t.r-1 = 863$			

¹ Calculado através de análise de variância auxiliar, utilizando as médias ajustadas.

Os caracteres manchas nas glumas e índice de centro branco nos grãos tiveram seus dados transformados pela raiz quadrada e o caráter comprimento dos grãos pelo logaritmo neperiano, seguindo a interpretação da análise dos resíduos e de regressão dos dados originais, usando o aplicativo estatístico Statistical Analysis System (SAS Institute, 2000).

3.1.4. Estimativas dos parâmetros genéticos

O termo parâmetro é utilizado para designar as constantes características de uma população, particularmente média e variância, sendo a estimativa dessas constantes um dos principais objetivos da inferência estatística (Morais, 1992). Com base na análise de variância conjunta dos dois locais determinaram-se os seguintes parâmetros genéticos:

Variância do erro efetivo (σ^2_e) – corresponde ao quadrado médio do erro efetivo médio (QM_{12}) da Tabela 4;

Variância fenotípica média entre as famílias (σ^2_P) – calculada com base no quadrado médio de famílias (QM_5) pela fórmula:

$$\sigma^2_P = QM_5 / r . l$$

Sendo :

r = número de repetições;

l = número de locais.

Variância genotípica entre as famílias (σ^2_g) – calculada com base na esperança do quadrado médio de famílias (QM_5) conforme fórmula abaixo:

$$E(QM_5) = \sigma^2_e + r.l.\sigma^2_g$$

$$\sigma^2_g = (QM_5 - QM_{12}) / r.l$$

Coefficiente de variação genética (CV_G %) – Este parâmetro é a razão entre o desvio padrão genético e a médias das famílias, conforme a fórmula abaixo:

$$CV_G (\%) = \sigma_g / 0_{FAM}$$

Sendo:

σ_g = desvio padrão genético (raiz quadrada da σ^2_g)

0_{FAM} = média ajustada das famílias

Índice de variação (b) – é o quociente da divisão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental, conforme expressão abaixo:

$$b = CV_g / CV_{Exp.}$$

Herdabilidade (h^2) – a herdabilidade no sentido amplo na média das famílias é a razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica média entre as famílias, conforme fórmula abaixo:

$$h^2 (\%) = \sigma^2_g / \sigma^2_P * 100$$

Correlações fenotípicas (r_f), ambientais (r_a) e genotípicas (r_g) entre dois caracteres – As correlações entre dois caracteres foram calculadas pela fórmula:

$$r = COV_{(C_1;C_2)} / [\sigma^2_{(C_1)} * \sigma^2_{(C_2)}]^{1/2}$$

Onde:

$COV_{(C_1;C_2)}$ = Covariância entre os caracteres C_1 e C_2 ;

$\sigma^2_{(C_1)}$ = variância do caráter C_1 ;

$\sigma^2_{(C_2)}$ = variância do caráter C_2 .

A covariância entre dois caracteres C_1 e C_2 é calculada, conforme descrito por Vencovsky et al. (1992), com o auxílio da análise da variância do somatório dos dois caracteres ($C_1 + C_2$), além da análise independente de C_1 e C_2 , seguindo o modelo estatístico da análise conjunta mostrado na Tabela 4. Os produtos médios associados às famílias e ao erro efetivo médio, são iguais às covariâncias fenotípicas e residuais entre os dois caracteres e são calculados pelas fórmulas:

$$PM_{FAM(C_1;C_2)} = COV_{FAM(C_1;C_2)} = [\sigma^2_{FAM(C_1+C_2)} - \sigma^2_{FAM(C_1)} - \sigma^2_{FAM(C_2)}] / 2$$

$$PM_{e(C_1;C_2)} = COV_{e(C_1;C_2)} = [\sigma^2_{e(C_1+C_2)} - \sigma^2_{e(C_1)} - \sigma^2_{e(C_2)}] / 2$$

Onde:

$PM_{FAM(C_1;C_2)}$ = produto médio associado à famílias entre C_1 e C_2 ;

$PM_{e(C_1;C_2)}$ = produto médio associado ao erro efetivo médio entre C_1 e C_2 ;

Com base nos produtos médios ou covariâncias acima calcularam-se as correlações definidas pelas fórmulas:

Correlação fenotípica (r_f):

$$r_f = PM_{FAM(C1;C2)} / [\sigma_{FAM(C1)}^2 \cdot \sigma_{FAM(C2)}^2]^{1/2}$$

Correlação ambiental (r_a):

$$r_a = PM_{e(C1;C2)} / [\sigma_{e(C1)}^2 \cdot \sigma_{e(C2)}^2]^{1/2}$$

Correlação genotípica (r_g):

$$r_g = \sigma_{g(C1;C2)} / [\sigma_{g(C1)}^2 \cdot \sigma_{g(C2)}^2]^{1/2}$$

Sendo:

$\sigma_{g(C1;C2)}$ = covariância genotípica entre os caracteres C_1 e C_2 que, por sua vez, é definida por:

$$\sigma_{g(C1;C2)} = [PM_{FAM(C1;C2)} - PM_{e(C1;C2)}] / r \cdot l$$

$\sigma_{g(C1)}^2$ e $\sigma_{g(C2)}^2$ são as variâncias genotípicas de C_1 e C_2 , conforme já definido no item variância genotípica.

3.1.5. Decomposição da interação famílias x locais

Essa decomposição auxilia no entendimento da natureza da interação famílias x locais, podendo ser simples (componente A) ou complexa (componente B). A componente A representa a variação entre as famílias dentro de cada local, e a componente B é devida à falta de correlação entre as médias das famílias de um local para outro. A equação necessária para esta decomposição foi derivada de Cockerham (1963), apud Vencovsky et al. (1992), conforme segue:

$$QM_{FAMxL} = \underbrace{\frac{1}{2} \cdot [(QM_{FAML1})^{1/2} - (QM_{FAML2})^{1/2}]^2}_{A \text{ (simples)}} + \underbrace{(1 - r_{L1L2}) \cdot (QM_{FAML1} \cdot QM_{FAML2})^{1/2}}_{B \text{ (complexa)}}$$

$$QM_{FAMxL} = \quad \quad \quad A \text{ (simples)} \quad \quad + \quad \quad \quad B \text{ (complexa)}$$

Onde:

QM_{FAMxL} = quadrado médio da interação famílias x locais, calculado na análise conjunta dos dados (QM_9 da Tabela 4);

QM_{FAML1} e QM_{FAML2} = quadrados médios referentes às famílias nas análises individuais dos locais 1 e 2 (QM_4 da Tabela 3);

r_{L1L2} = correlação entre as médias ajustadas das famílias de um local para o outro.

3.1.6. Ganho esperado pela seleção (Gs)

O ganho genético para qualquer caráter de interesse pode ser alcançado pela seleção direta ou indireta. A seleção direta é aquela em que pratica-se a avaliação e seleção diretamente no caráter de interesse e a indireta é aquela em que quantifica-se o ganho genético alcançado no caráter de interesse ou principal através da seleção no caráter secundário. Neste caso, o caráter secundário deve apresentar correlação genotípica com o caráter principal.

3.1.6.1. Seleção direta no caráter (Gsd)

O ganho esperado pela seleção direta depende do diferencial de seleção aplicado e da herdabilidade do caráter principal (x), conforme fórmula abaixo:

$$\mathbf{Gsd}_x = ds_x \cdot h_x^2$$

Onde:

Gsd_x = ganho esperado pela seleção direta no caráter principal (x);

ds_x = diferencial de seleção no caráter principal (x);

$ds_x = 0_{FAM(S)} - 0_{FAM(O)}$ (média das famílias selecionadas menos a média original das famílias);

h_x^2 = herdabilidade do caráter principal (x).

3.1.6.2. Seleção indireta no caráter (Gsi)

O ganho esperado pela seleção indireta é calculado pela fórmula abaixo:

$$\mathbf{Gsi}_{x(y)} = ds_{x(y)} \cdot h_x^2$$

Onde:

$Gsi_{x(y)}$ = ganho esperado no caráter principal (x) quando a seleção é praticada no caráter secundário (y);

$ds_{x(y)}$ = diferencial de seleção indireto no caráter principal (x), que é obtido em função da média do caráter daqueles indivíduos cuja superioridade foi evidenciada com base no outro caráter (y) sobre o qual se pratica a seleção direta.

O ganho por seleção também pode ser expresso em porcentagem sobre a média original das famílias:

$$G_s (\%) = [(ds \cdot h^2) / 0_{FAM(O)}] \cdot 100$$

Ou ainda, por ano, considerando neste caso que o ciclo de seleção recorrente é completado em dois anos (Figura 2):

$$G_{sa} (\%) = \{[(ds \cdot h^2) / 0_{FAM(O)}] \cdot 100\} / 2$$

3.1.7. Ganhos esperados pela seleção através do índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943)

O índice de seleção caracteriza-se por combinar as informações de mais de um caráter em apenas um índice (número) para cada família, neste caso, praticando-se a seleção sobre os valores do índice e avaliando-se as respostas indiretas esperadas nos caracteres originais.

$$I = b_1 \cdot C_1 + b_2 \cdot C_2 + \dots + b_n \cdot C_n$$

Onde:

b_n = coeficiente de regressão múltipla do n-ésimo caráter;

C_n = fenótipo do n-ésimo caráter.

Na fórmula acima, os valores de b são calculados de maneira a maximizar a correlação entre o valor do índice e o valor genético agregado da família, sendo este último definido pela fórmula:

$$H = e_1 \cdot g_1 + e_2 \cdot g_2 + \dots + e_n \cdot g_n$$

Onde:

e_n = valor econômico relativo do caráter;

g_n = valor genético do caráter

Os b 's foram calculados por:

$$b = F^{-1} \cdot G \cdot W$$

Sendo:

b = vetor dos coeficientes de regressão múltipla;

F^{-1} = inversa da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres;

G = matriz de variâncias e covariâncias genotípicas entre os caracteres;

W = vetor de valores relativos dos caracteres.

O esquema abaixo demonstra a forma do cálculo matricial:

$$\begin{pmatrix} b_1 \\ b_1 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ b_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{F(1)}^2 & \sigma_{F(1;2)} & \dots & \sigma_{F(1;n)} \\ \sigma_{F(2;1)} & \sigma_{F(2)}^2 & \dots & \sigma_{F(2;n)} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \sigma_{F(n;1)} & \sigma_{F(n;2)} & \dots & \sigma_{F(n)}^2 \end{pmatrix}^{-1} \cdot \begin{pmatrix} \sigma_{g(1)}^2 & \sigma_{g(1;2)} & \dots & \sigma_{g(1;n)} \\ \sigma_{g(2;1)} & \sigma_{g(2)}^2 & \dots & \sigma_{g(2;n)} \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \sigma_{g(n;1)} & \sigma_{g(n;2)} & \dots & \sigma_{g(n)}^2 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} W_1 \\ W_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \\ W_n \end{pmatrix}$$

Onde:

$\sigma_{P(n)}^2$ = variância fenotípica do caráter C_n ;

$\sigma_{P(1;2)}$ = covariância fenotípica entre os caracteres C_1 e C_2 ;

$\sigma_{g(n)}^2$ = variância genotípica do caráter C_n ;

$\sigma_{g(1;2)}$ = covariância genotípica entre os caracteres C_1 e C_2 .

Os pesos ou valores relativos adotados neste trabalho para construção do índice foram: REND (10), ESTAT (1), STESP (5), FLR80 (1), GRPAN (2) e GRINT (1). Estes pesos foram estabelecidos segundo o critério de importância relativa de cada caráter, com base na experiência em pesquisa com arroz irrigado.

Todas as análises de variância foram realizadas no programa estatístico Statistical Analysis System (SAS Institute, 2000), pelo procedimento GLM (Modelos Lineares Generalizados). Os ganhos esperados pela seleção e o índice clássico foram calculados no programa GENES (Cruz, 2001a).

3.2. Estudo 2 - Divergência genética entre os genitores estimada através de marcadores microssatélites e frequências alélicas estimadas na população CNA 11 original e observadas nas famílias S_{0:2}

3.2.1. Germoplasma utilizado

As linhagens e as cultivares incluídas neste estudo foram os genitores das populações CNA 1 e CNA 11, conforme relação mostrada na Tabela 2. Deve-se considerar que a população CNA 1 foi utilizada como doadora do gene de macho-esterilidade (msms) e plantas dessa população foram cruzadas em um esquema rotativo com as cultivares ou linhagens listadas na Tabela 1 para formar a população CNA 11.

As famílias S_{0:2} analisadas a nível molecular foram as mesmas empregadas no estudo 1, porém o número foi reduzido de 140 para 133 famílias, de modo a conciliar a realização das análises em dois géis de poliacrilamida junto com os 25 genitores. Sete famílias foram excluídas ao acaso.

3.2.2. Extração do DNA

As sementes foram previamente desinfetadas através da submersão por um minuto em álcool 95 % para quebra da tensão superficial e três minutos em solução de hipoclorito de sódio 7 a 9 %. A seguir foram lavadas em água destilada e aproximadamente 100 sementes foram colocadas em placas de Petri contendo papel filtro umedecido com uma solução fungicida (Triadimenol, 40,5 µg i. a. L⁻¹). As placas de Petri foram incubadas em estufa com temperatura de 25°C para germinação das sementes. Após o período de cinco a sete dias, foi feito o corte do coleóptilo e da primeira folha de 40 plântulas por família, tendo ambos o comprimento de 10 a 20 mm, para trituração em nitrogênio líquido e posterior extração do DNA, conforme metodologia descrita por Nelson (1993).

3.2.3. Análise com marcadores microssatélites

Neste trabalho foram utilizados 22 *primers* selecionados do estudo realizado por Chen et al. (1997). Para se obter uma amostra representativa do

genoma, utilizou-se pelo menos um loco por cromossomo, identificado por um par de *primers*. A relação dos locos de microssatélites (*primers*) utilizados encontra-se na Tabela 5.

A amplificação do DNA foi realizada em termociclador MJ Research PTC-100™, programado para 1 ciclo a 94° C por 5 minutos seguidos por 35 ciclos a 94° C por 1 minuto, 55° C – 61° C (conforme constituição de nucleotídeos dos *primers*) por 1 minuto, 72° C por 2 minutos e 72° C por 5 minutos para a extensão final. A temperatura de anelamento usada foi a média da temperatura de anelamento de cada *primer* (*forward* e *reverse*), calculada conforme a composição das bases púricas (adenina e guanina) e pirimídicas (citosina e timina), pela fórmula abaixo:

$$T_a = 2 \cdot \Sigma(AT) + 4 \cdot \Sigma(CG)$$

Sendo:

T_a = temperatura de anelamento (° C);

$\Sigma(AT)$ = somatório das bases adenina e timina;

$\Sigma(CG)$ = somatório das bases citosina e guanina.

O volume final da reação de PCR foi de 13 µl, contendo 50 ng de DNA genômico, 400 µM de dNTP mix, tampão 1 X (20 mM de Tris-HCl com pH 8,0 e 50 mM de KCl), 1,5 mM de MgCl₂, 0,2 µM de cada *primer* (*forward* e *reverse*) e uma unidade da enzima Taq DNA polimerase.

Os produtos das amplificações foram separados por eletroforese em gel desnaturante de poliacrilamida 5 % e a revelação foi feita com nitrato de prata, conforme metodologia descrita por Promega Corporation (1986).

Todos os alelos receberam um escore quanto à presença (nota 1) e ausência (nota 0).

TABELA 5. Locos de microssatélites utilizados na análise dos 25 genitores das populações CNA 1 e CNA 11, seqüência dos *primers*, localização cromossômica (CRM), temperatura de anelamento (TA; °C), tamanho dos alelos na cultivar IR 36 (TAM; pb), número de repetições perfeitas (NRP) e conteúdo de informação de polimorfismo (PIC). UFRGS, 2002.

Locos	Seqüência dos <i>primers</i> ¹	CRM	TA	TAM	NRP	PIC
RM55	F5'CCGTCGCCGTAGTAGAGAAG3' R5'TCCCGGTTATTTAAGGCG3'	3	60	226	17	0,64
RM81	F5'GAGTGCTTGTGCAAGATCCA3' R5'CTTCTTCACTCATGCAGTTC3'	1,3	59	110	10	---
RM202	F5'CAGATTGGAGATGAAGTCCTCC3' R5'CCAGCAAGCATGTCAATGTA3'	11	62	189	30	---
RM206	F5'CCCATGCGTTTAACTATTCT3' R5'CGTTCCATCGATCCGTATGG3'	11	59	147	21	0,88
RM207	F5'CCATTCGTGAGAAGATCTGA3' R5'CACCTCATCCTCGTAACGCC3'	2	61	118	25	0,84
RM210	F5'TCACATTCGGTGGCATTG3' R5'CGAGGATGGTTGTTCACTTG3'	8	57	140	23	0,86
RM212	F5'CCACTTTTCACTACTACCAG3' R5'CACCCATTTGTCTCTCATTATG3'	1	61	136	24	0,72
RM219	F5'CGTCGGATGATGTAAAGCCT3' R5'CATATCGGCATTTCGCCTG3'	9	58	202	17	0,85
RM220	F5'GGAAGGTAAGTGTTCACAC3' R5'GAAATGCTTCCACATGTCT3'	1	58	127	17	0,62
RM222	F5'CTTAAATGGGCCACATGCG3' R5'CAAAGCTTCCGGCCAAAAG3'	10	58	213	18	0,76
RM223	F5'GAGTGAGCTTGGGCTGAAAC3' R5'GAGGCAAGTCTTGGCACTG3'	8	61	165	25	0,77
RM225	F5'TGCCCATATGGTCTGGATG3' R5'GAAAGTGGATCAGGAAGGC3'	6	58	140	18	0,77
RM232	F5'CCGGTATCCTTCGATATTGC3' R5'CCGACTTTTCTCCTGACG3'	3	60	158	24	0,78
RM233	F5'CCAAATGAACCTACATGTTG3' R5'GCATTGCAGACAGCTATTGA3'	2,5	57	162	20	---
RM234	F5'ACAGTATCCAAGGCCCTGG3' R5'CACGTGAGACAAAGACGGAG3'	7	61	156	25	0,83
RM235	F5'AGAAGCTAGGGCTAACGAAC3' R5'TCACCTGGTCAGCCTCTTTC3'	12	61	124	24	0,81
RM239	F5'TACAAAATGCTGGGTACCCC3' R5'ACATATGGGACCCACCTGTC3'	10	61	144	5	0,46
RM241	F5'GAGCCAAATAAGATCGCTGA3' R5'TGCAAGCAGCAGATTTAGTG3'	4	58	138	31	0,68
RM242	F5'GGCCAACGTGTGTATGTCTC3' R5'TATATGCCAAGACGGATGGG3'	9	61	225	26	0,81
RM247	F5'TAGTGCCGATCGATGTAACG3' R5'CATATGGTTTTGACAAAGCG3'	12	58	131	16	0,84
RM249	F5'GGCGTAAAGGTTTTGCATGT3' R5'ATGATGCCATGAAGGTCAGC3'	5	59	121	14	0,78
RM261	F5'CTACTTCTCCCCTTGTGTCG3' R5'TGTACCATCGCCAAATCTCC3'	4	61	125	8	0,70

¹ F = *forward*; R = *reverse*; --- dado não disponível. Fonte: Chen et al., 1997.

3.2.4. Freqüências alélicas estimadas na população CNA 11 e observadas nas famílias $S_{0:2}$

As freqüências alélicas estimadas na população original, isto é, na população obtida após os três ciclos de recombinação, foram calculadas ponderando a participação relativa de cada genitor na síntese da população CNA 11 (Tabela 2). Para isto foram considerados os alelos presentes em cada genitor e multiplicado pela sua respectiva participação relativa.

As freqüências alélicas observadas para as 133 famílias $S_{0:2}$ que foram submetidas à análise molecular e para as 50 e 10 melhores famílias selecionadas pelo critério de rendimento de grãos foram calculadas com base nos alelos presentes em cada loco.

3.2.5. Análise estatística

A similaridade genética entre cada par de genótipos, com base nos marcadores microssatélites, foi feita pelo coeficiente de Jaccard utilizando-se o módulo SIMQUAL do pacote estatístico NT-SYS PC (Rohlf, 2000). O dendrograma dos genótipos foi realizado com base na matriz de similaridade com os coeficientes de Jaccard, através do critério de análise UPGMA (*Unweighthed Pair-Group Method, Arithmetic Average*) e da função SAHN, ambos utilizando também o programa NT-SYS PC. Para avaliar a consistência dos dendrogramas foi feita a análise de *bootstrap* com o programa computacional Bood (Coelho, 2002). Os números colocados nos nós do dendrograma representam a porcentagem de vezes que o respectivo agrupamento ocorreu.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Estudo 1 – Avaliação dos parâmetros genéticos da população CNA 11 e ganhos esperados pela seleção

4.1.1. Avaliação dos parâmetros genéticos da população CNA 11

Os resumos das análises de variância conjunta para os dez caracteres mostram a existência de diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para a maioria das fontes de variação (Tabela 6). O fator local foi significativo para todos os caracteres. Em Cachoeirinha foram observadas maiores médias para REND, FLR80, GRPAN, MMGR e GRINT (Tabela 7). A STESP foi mais elevada em Santa Vitória do Palmar, com média de 41,5 %, sendo 6,1 pontos percentuais maior do que a média de Cachoeirinha. A ocorrência de temperaturas mais baixas em Santa Vitória do Palmar nos meses de fevereiro e março de 2000 (Apêndice 3), período em que as plantas se encontravam no estágio reprodutivo, pode ter contribuído para aumentar a STESP neste local. O índice de centro branco nos grãos também foi maior em Santa Vitória do Palmar.

Os efeitos de famílias e da interação famílias x locais foram significativos para todas as variáveis, demonstrando ampla variabilidade fenotípica dos genótipos estudados e também comportamento diferenciado de um local para outro (Tabela 6). Se por um lado o efeito de famílias indica a possibilidade de obtenção de ganhos genéticos pela seleção para todos os caracteres, a significância da interação famílias x locais pode dificultar o processo de seleção, considerando que as melhores famílias em um local não são necessariamente as melhores no outro local.

Os contrastes famílias vs testemunhas foram significativos somente para REND, STESP, GRPAN, MMGR e CBGR, mostrando que as médias ajustadas das famílias se diferenciaram das médias ajustadas das testemunhas para estes caracteres (Tabela 6). Para o caráter REND, a média das famílias (614 g

parcela⁻¹) correspondeu à apenas 58 % da média das testemunhas (1.054 g parcela⁻¹) (Tabela 7) e a amplitude de variação foi de 244 a 1.289 g parcela⁻¹ (Apêndice 1). Estes dados mostram que as famílias avaliadas apresentam média de REND relativamente baixa, mas, por outro lado, a variabilidade genética é bastante ampla, considerando que as cinco melhores famílias apresentam REND igual ou superior à média das testemunhas (Apêndice 1).

Os caracteres STESP e GRPAN são correlacionados e devem ser analisados conjuntamente. As famílias S_{0.2} apresentaram maior média de STESP (38,8 %) e menor média de GRPAN (54 grãos por panícula) do que as médias das testemunhas, que foram 26,1 % e 72 grãos por panícula (Tabela 7). A amplitude de variação das médias das famílias para o caráter STESP foi de 21,2 a 73,0 % e a testemunha com melhor desempenho foi a cultivar INIA TACUARI, com 17,5 % (Apêndice 1). Para o caráter GRPAN também se observou que as melhores famílias tiveram desempenho inferior ao da melhor testemunha. Estes dois componentes podem ser considerados como os principais responsáveis para explicar a baixa média de REND das famílias.

As famílias mostraram maior média da MMGR (25,6 g) comparado à média das testemunhas (24,1 g). Por outro lado, a qualidade dos grãos, avaliada pelo caráter CBGR, foi inferior nas famílias, com nota média de 2,2, enquanto as testemunhas apresentaram média de 1,2 (Tabela 7).

Não houve diferenças significativas entre as médias das famílias S_{0.2} e das testemunhas para os caracteres ESTAT, FLR80, MCHGL, GRINT e CMPGR (Tabela 6). Isto mostra que as famílias avaliadas apresentam estatura de planta e ciclo adequados e que o tamanho do grão e o rendimento de grãos inteiros estão de acordo com o exigido pelo mercado brasileiro de arroz. O comportamento destas variáveis pode ter sido consequência das eficientes seleções realizadas nas etapas de síntese e na avaliação da população original em Pelotas e em Santa Vitória do Palmar, na safra 1998/99.

As interações famílias x locais e testemunhas x locais mostraram resultados diferentes para cinco dos dez caracteres avaliados. Enquanto a primeira foi significativa para todos os caracteres, a segunda não o foi para FLR80, STESP, GRPAN, GRINT e CMPGR (Tabela 6). Isto significa que, para estas variáveis, as quatro cultivares testemunhas tiveram o mesmo

TABELA 6. Resumo das análises de variância conjunta para os caracteres rendimento de grãos (REND), estatura de planta (ESTAT), ciclo até a floração (FLR80), esterilidade de espiguetas (STESP), número de grãos por panícula (GRPAN), manchas nas glumas (MCHGL), massa de mil grãos (MMGR), rendimento de grãos inteiros (GRINT), comprimento do grão (CMPGR) e índice de centro branco nos grãos (CBGR), referentes aos experimentos realizados em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar, RS, estação de crescimento 1999/2000. UFRGS, 2002.

Fontes de variação	Quadrados médios e significância pelo teste de F ¹										
	GL	REND	ESTAT	FLR80	STESP	GRPAN	MCHGL ²	MMGR	GRINT	CMPGR ³	CBGR ²
Repetição/local	4	644443**	3052,77**	157,98**	1635,64**	4648,37**	1,090**	10,94**	119,01**	0,0050 ^{ns}	0,0900 ^{ns}
Bloco/rep/local	66	18150*	67,82**	10,66 ^{ns}	156,97**	262,86**	0,203**	2,77 ^{ns}	18,80*	0,0026 ^{ns}	0,0456 ^{ns}
Locais	1	57121390**	52776,57**	9331,87**	8138,81**	4919,62**	3,662**	376,30**	155,43**	0,0354**	9,0026**
Tratamentos	143	217976**	361,53**	180,82**	329,46**	488,13**	0,436**	10,84**	67,10**	0,0158**	0,3239**
- Famílias (Fam.)	139	213654**	406,69**	200,30**	345,44**	498,19**	0,444**	11,02**	71,17**	0,0173**	0,3315**
- Testemunhas (Test.)	3	71568**	96,13 ^{ns}	58,20**	307,81*	1243,90**	1,186**	24,74**	64,60**	0,0001 ^{ns}	0,0500 ^{ns}
- Famílias vs test.	1	750226**	118,74 ^{ns}	21,61 ^{ns}	625,24*	1266,93**	0,103 ^{ns}	8,95*	21,33 ^{ns}	0,0000 ^{ns}	0,7058**
Tratamentos x locais	143	41453**	92,28**	25,12**	134,95**	255,88**	0,186**	3,54**	21,44**	0,0028 ^{ns}	0,0900**
- Famílias x locais	139	38703**	98,89**	27,23**	149,47**	274,07**	0,192**	3,80**	23,62**	0,0029*	0,0929**
- Test. x locais	3	74830**	110,06*	20,50 ^{ns}	93,08 ^{ns}	104,70 ^{ns}	0,625**	6,46*	21,59 ^{ns}	0,0032 ^{ns}	0,3637**
- Fam. vs test. X locais	1	888215**	457,85**	92,20**	10,55 ^{ns}	1703,29**	0,140 ^{ns}	8,51*	12,60 ^{ns}	0,0246**	0,5249**
Erro efetivo médio	506	12446	38,14	9,25	96,96	174,98	0,130	2,15	13,59	0,0024	0,0473
TOTAL	863										

¹ **, * = significativo a 1 % e 5 %, respectivamente; ^{ns} = não significativo. ² Análise da variância realizada com dados transformados pela raiz quadrada;

³ Análise da variância realizada com dados transformados pelo logaritmo neperiano.

TABELA 7. Estimativas dos parâmetros genéticos de 140 famílias $S_{0:2}$ derivadas da população de seleção recorrente de arroz CNA 11 e quatro testemunhas para os caracteres rendimento de grãos (REND), estatura de planta (ESTAT), ciclo até a floração (FLR80), esterilidade de espiguetas (STESP), número de grãos por panícula (GRPAN), manchas nas glumas (MCHGL), massa de mil grãos (MMGR), rendimento de grãos inteiros (GRINT), comprimento do grão (CMPGR) e índice de centro branco nos grãos (CBGR), referentes aos experimentos realizados em Cachoeirinha (L1) e em Santa Vitória do Palmar (L2), RS, estação de crescimento 1999/2000. UFRGS, 2002.

Parâmetros	Caracteres									
	REND (g parc. ⁻¹)	ESTAT (cm)	FLR80 (dias)	STESP (%)	GRPAN (n°)	MCHGL ² (nota 0-9)	MMGR (g)	GRINT (%)	CMPGR ³ (mm)	CBGR ² (nota 0-5)
0_{FAML1}^1	883,4	85,1	88,0	35,3	56,6	2,1	26,2	56,6	6,6	1,9
0_{FAML2}^1	369,4	93,0	81,4	41,5	51,8	2,4	24,9	55,7	6,7	2,5
0_{GERAL}	626,7	77,3	84,7	38,4	54,2	2,2	25,6	56,2	6,7	2,2
0_{FAM}^1	614,4	85,3	84,8	38,8	53,7	2,2	25,6	56,1	6,7	2,2
0_{TEST}^1	1053,6	79,8	82,4	26,1	71,7	2,0	24,1	58,4	6,7	1,2
CV_{EXP} (%)	17,8	7,2	3,6	25,6	24,4	25,4	5,7	6,6	2,6	15,1
σ^2_P	35609	67,8	33,4	57,6	83,0	0,074	1,84	11,86	0,0029	0,055
σ^2_g	33535	61,4	31,8	41,4	53,9	0,052	1,48	9,60	0,0025	0,047
h^2 (%)	94,2	90,6	95,4	71,9	64,9	70,7	80,5	80,9	86,3	85,7
CV_g (%)	29,8	9,2	6,7	16,6	13,7	16,1	4,8	5,5	2,6	15,0
B	1,7	1,3	1,8	0,6	0,6	0,6	0,8	0,8	1,0	1,0

¹ Médias ajustadas pelo método dos quadrados mínimos usando o comando LSMEANS do SAS (SAS Institute Inc., 2000). ² Análise da variância realizada com dados transformados pela raiz quadrada; ³ Análise da variância realizada com dados transformados pelo logaritmo neperiano.

comportamento nos dois locais. Deve-se lembrar que o número de famílias é muito superior ao número de testemunhas e que as famílias são formadas por um conjunto de genótipos, com divergência genética em muitos locos e com maior heterozigiosidade que as cultivares, o que pode contribuir para a significância da interação com o ambiente. De qualquer modo, pela importância da interação, cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização (Cruz et al., 1997).

Os coeficientes de variação experimentais (Tabela 7) mostram uma precisão aceitável para todas as determinações, sendo mais altos para STESP (25,6 %), MCHGL (25,4 %) e GRPAN (24,4 %), que são caracteres que foram avaliados na amostra de 20 panículas coletadas ao acaso dentro de cada parcela. O coeficiente de variação para REND (17,8 %) está de acordo com o tipo de ensaio realizado, que envolve grande número de genótipos e tamanho reduzido das parcelas. Em trabalhos similares, Rangel et al. (1998a) e Rangel et al. (1998b), trabalhando com as populações CNA 1, CNA-IRAT 4 e CNA-IRAT P, obtiveram coeficientes da variação para o caráter rendimento de grãos que ficaram entre 17 e 26 %. Cordeiro (2001) avaliou várias famílias nas gerações $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$, em dois locais, e obteve coeficiente de variação de 11,3 % para rendimento de grãos.

As estimativas das variâncias genotípicas (σ^2_g) e das herdabilidades (h^2) foram altas, confirmando que grande parte da variabilidade fenotípica é devida à variação no genótipo (Tabela 7). Os valores de herdabilidade ficaram entre 64,9 % (GRPAN) e 95,4 % (FLR80). Isto confere também boa precisão de seleção pelo fenótipo, já que a raiz quadrada da herdabilidade indica a precisão da seleção (Falconer, 1989).

Para REND, a h^2 obtida foi de 94,2 %, estando de acordo com os valores citados em trabalhos similares. Por exemplo, Cordeiro (2001) encontrou valores de herdabilidade que variaram de 85,6 % a 97,2 % na avaliação de famílias provenientes da população CNA 5, em duas gerações ($S_{0.2}$ e $S_{0.3}$) e com diferentes números de intercruzamentos. Rangel et al. (1998a) e Rangel et al. (1998b) encontraram valores mais baixos, ficando na amplitude de 49,9 % a

74,0 %. Morais (1992) encontrou valores de h^2 entre famílias de 27,8 % a 68,7 %.

O coeficiente de herdabilidade é uma propriedade da população em estudo e reflete o grau de variabilidade genética entre as unidades de avaliação. A principal função da herdabilidade é o seu papel preditivo, que expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico (Falconer, 1989). Neste caso, como é o primeiro ciclo de seleção na população CNA 11 denota-se ampla variabilidade genética entre as famílias. À medida que o processo de seleção e recombinação das famílias superiores vai se processando, a variância genotípica vai diminuindo (Geraldi et al., 2000), reduzindo, por conseguinte, a herdabilidade.

O coeficiente de variação genético (CV_g) e o índice de variação (b) são também indicativos da possibilidade de obter-se ganhos por seleção. Os valores mais altos do CV_g foram para os caracteres REND (29,8 %), STESP (16,6 %), GRPAN (13,7 %), MCHGL (16,1 %) e CBGR (15,0 %) (Tabela 7). Rodrigues et al. (1998) encontraram valores similares de CV_g para os caracteres rendimento de grãos (20,5 %), brusone na folha (11,7 %), estatura de planta (13,2 %), número de espiguetas por panícula (11,1 %) e porcentagem de grãos cheios (9,3 %). Os valores elevados dos CV_g 's indicam que a população avaliada apresenta alta variabilidade genética e que há possibilidade de serem obtidos ganhos significativos para os caracteres citados acima por meio da seleção das melhores plantas $S_{0:1}$ com base na avaliação das famílias $S_{0:2}$.

O índice de variação quantifica a proporção da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental (Vencovsky, 1987) e valores iguais ou maiores do que a unidade indicam uma situação favorável para seleção. Neste trabalho, os valores de b foram superiores à unidade para REND (1,7), ESTAT (1,3), FLR80 (1,8) e CMPGR (1,0). Associando as informações dos CV_g 's e dos valores de b pode-se inferir que todos os caracteres avaliados, exceto MMGR e GRINT, têm possibilidades de progresso genético expressivo através da seleção. Não obstante, se for considerado ainda os valores de h^2 , que também foram altos para MMGR e GRINT, pode-se concluir que todos os caracteres podem ser melhorados na população CNA 11.

4.1.2. Correlações fenotípicas, ambientais e genotípicas entre rendimento de grãos e os demais caracteres

O rendimento de grãos é um dos caracteres mais importantes em qualquer programa de melhoramento de plantas e, por isso, o estudo das correlações com outros caracteres pode ser útil no processo de seleção. Para avaliação do rendimento de grãos é necessário a realização de ensaios específicos, o que demanda maior quantidade de sementes, maior espaço físico, mais trabalho e maiores custos.

A identificação de variáveis associadas geneticamente com o rendimento de grãos pode contribuir no trabalho de seleção. Neste sentido, foram determinadas as correlações fenotípicas, ambientais e genotípicas entre o rendimento de grãos e os outros nove caracteres estudados (Tabela 8).

As variáveis MCHGL, MMGR, CMPGR e CBGR não apresentaram correlações significativas com o REND e, portanto, não serão incluídas nos métodos de seleção que serão discutidos mais adiante neste trabalho. A ESTAT, FLR80, STESP, GRPAN e GRINT mostraram correlações fenotípicas e genotípicas significativas com o REND, sendo as três primeiras negativas e as duas últimas positivas (Tabela 8). Isto significa que as famílias com maior rendimento de grãos possuem plantas com menor estatura, menor ciclo, menor esterilidade de espiguetas, maior número de grãos por panícula e maior rendimento de grãos inteiros após o benefício. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por Rangel et al. (1998b) e Rodrigues et al. (1998), destacando-se nos três trabalhos, incluindo esse, que as correlações genotípicas foram sempre negativas entre o rendimento de grãos e os caracteres estatura de planta e ciclo até a floração.

Com base nos resultados da Tabela 8 e exercitando a possibilidade de seleção indireta para REND, as melhores alternativas seriam a seleção através de ESTAT, STESP e GRPAN, que apresentaram as correlações genotípicas mais altas. Deve-se considerar ainda que STESP e GRPAN também são altamente correlacionadas ($r_g = -0,754^{**}$, dado não apresentado), considerando que dentro de uma mesma panícula à medida que um aumenta o outro diminui. Deste modo, o melhorista poderá fazer uma opção entre esses dois caracteres (STESP e GRPAN), devendo usar apenas um como critério de seleção, tanto por razões de praticidade como por fundamentos estatísticos.

TABELA 8. Correlações fenotípicas, ambientais e genotípicas entre rendimento de grãos e demais variáveis avaliadas. UFRGS, 2002.

Caracteres	Correlações		
	Fenotípicas	Ambientais	Genotípicas
Estatuta de planta (ESTAT)	-0,536*	0,080 ^{ns}	-0,587**
Ciclo até a floração (FLR80)	-0,275**	-0,177*	-0,281**
Esterilidade de espiguetas (STESP)	-0,591**	-0,157 ^{ns}	-0,693**
Número de grãos por panícula (GRPAN)	0,613**	0,134 ^{ns}	0,760**
Manchas nas glumas (MCHGL)	-0,029 ^{ns}	-0,093 ^{ns}	-0,021 ^{ns}
Massa de 1000 grãos (MMGR)	0,024 ^{ns}	0,055 ^{ns}	0,021 ^{ns}
Rendimento de grãos inteiros (GRINT)	0,232**	0,022 ^{ns}	0,263**
Comprimento do grão (CMPGR)	-0,036 ^{ns}	0,001 ^{ns}	-0,040 ^{ns}
Índice de centro branco nos grãos (CBGR)	0,091 ^{ns}	0,005 ^{ns}	0,101 ^{ns}

$t_{(0,01;139)} = 0,217$; $t_{(0,05;139)} = 0,165$.

4.1.3. Decomposição da interação famílias x locais para o rendimento de grãos

Para cálculo desta decomposição foram necessários os valores dos quadrados médios (QM) de famílias (análise individual) e da interação famílias x locais (análise conjunta) e a correlação entre as médias das famílias do local 1 com as do local 2, conforme segue:

$$QM_{FAMxL} = 38.703 \text{ (Tabela 6);}$$

$$QM_{FAM1} = 155.333 \text{ (Apêndice 2);}$$

$$QM_{FAM2} = 97.024 \text{ (Apêndice 2);}$$

$$r_{L1L2} = 0,71255^{**} \text{ (dado não mostrado).}$$

Substituindo-se os dados acima na equação abaixo, obtém-se:

$$QM_{FAMxL} = \frac{1}{2} \cdot [(QM_{FAM1})^{1/2} - (QM_{FAM2})^{1/2}]^2 + (1 - r_{L1L2}) \cdot (QM_{FAM1} \cdot QM_{FAM2})^{1/2}$$

$$38.703 = 3.414 + 35.289$$

$$100 = 8,82 + 91,18$$

$$100 = A + B \text{ (simples + complexa)}$$

A componente B, chamada de complexa, é a mais importante neste trabalho e representa 91,2 % do total do quadrado médio da interação famílias x locais. A outra componente (A), denominada de simples, é devida apenas às diferenças na variabilidade entre famílias dentro dos locais. Neste estudo, o componente A contribui com apenas 8,8 % do total da interação. Estes resultados confirmam a dificuldade de seleção de famílias superiores para ambos os locais simultaneamente. Em outras palavras, as melhores famílias em um local não coincidem integralmente com as melhores famílias no outro local.

4.1.4. Ganhos esperados pela seleção direta para rendimento de grãos

Os ganhos esperados pela seleção dependem da herdabilidade do caráter, da intensidade de seleção e dos critérios a serem adotados. Neste estudo, trabalhou-se com três critérios de seleção: a) baseado na média de REND dos dois locais; b) na média de REND do local 1 e, c) na média de REND do local 2. Também estimou-se o ganho esperado com duas intensidades de seleção: $i = 7,1 \%$ (10 famílias selecionadas) e $i = 35,7 \%$ (50 famílias selecionadas).

As simulações realizadas consideraram sempre os ganhos diretos no critério empregado e indireto nos outros dois critérios para efeito de comparação (Tabela 9). Os ganhos esperados para REND foram altos quando foram selecionadas 10 famílias e diminuíram à medida que a intensidade de seleção decresceu para 50 famílias. Os melhores resultados foram observados quando a seleção foi feita de forma independente para cada local, mostrando ganhos esperados de 51,5 % e de 112,1 %, respectivamente em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar. Este comportamento confirmou a interação do tipo complexa para famílias x locais, mostrada no item anterior. Também deve-se considerar que os maiores ganhos percentuais obtidos em Santa Vitória do Palmar estão associados a uma média de REND mais baixa (Tabela 7).

Considerando a idéia de extração de linhagens para desenvolvimento de novas cultivares, a alternativa mais eficiente, neste caso, seria a escolha das dez melhores famílias em cada local, seguindo as próximas gerações até famílias $S_{2:7}$, conforme preconizado por Rangel et al. (1997), nos respectivos locais. Obviamente, os outros caracteres também devem ser

TABELA 9. Ganhos esperados para rendimento de grãos com base em três critérios e em duas intensidades de seleção direta no caráter (Local 1 = Cachoeirinha, RS; Local 2 = Santa Vitória do Palmar, RS). UFRGS, 2002.

Critérios de seleção	Intensidade de seleção (%)	Ganhos esperados (%)		
		Na média dos 2 locais	No local 1	No local 2
Seleção pela média dos dois locais	7,14	65,7	50,3	102,6
Seleção pela média do local 1	7,14	63,1	51,5	90,8
Seleção pela média do local 2	7,14	62,3	41,4	112,1
Seleção pela média dos dois locais	35,7	30,3	24,8	43,3
Seleção pela média do local 1	35,7	28,6	26,2	34,3
Seleção pela média do local 2	35,7	26,6	17,7	47,9

considerados na seleção de plantas dentro e entre as famílias até o lançamento de uma nova cultivar.

Para escolha das melhores plantas $S_{0:1}$ para recombinação e assim gerar um novo ciclo de seleção recorrente, que também é uma das prioridades deste trabalho, a estratégia seria completamente diferente. Neste caso, deve-se trabalhar com uma intensidade de seleção menor, de modo a utilizar um número efetivo (N_e) que mantenha variabilidade genética disponível para os próximos ciclos de seleção. Neste trabalho foram avaliadas somente 140 famílias $S_{0:2}$ e optou-se por simular a escolha das 50 melhores para recombinação, o que corresponde a uma intensidade de seleção de 35,7 %.

Retornando à discussão dos resultados de REND, para fins de seleção das melhores famílias para a etapa de recombinação o critério que melhor se enquadra é a seleção pela média dos dois locais, considerando que a população melhorada deve reunir alelos de adaptação mais ampla.

A eficiência de seleção pela média (ES_{md}), para o caso de seleção das 50 melhores famílias, é dada pela equação abaixo:

$$ES_{md} = [(24,8 \% + 43,4 \%) / (26,2 \% + 47,9 \%)] \cdot 100 = 92,0 \%$$

O resultado acima indica que a eficiência da seleção pela média dos dois locais foi de 92,0 % do que seria obtido se o critério fosse a seleção das melhores famílias em cada local, sendo um valor perfeitamente adequado ao programa de seleção recorrente.

O ganho esperado com a seleção das 50 melhores famílias, pelo critério da média, foi de 30,3 % para um ciclo completo de seleção, o que corresponde a 15,15% por ano (Gsa), já que o ciclo se processa em dois anos. Este resultado é superior ao Gsa encontrado por Moraes (1992) com a população CNA-IRAT 4/0/3 (7,24 %); por Rangel et al. (1998b) com as populações CNA-IRAT 4PR (4,9 %) e CNA-IRAT 4ME (6,0 %); por Rodrigues et al. (1998) com a população CNA 1 (12 %); e por Rangel et al. (1998a) com as populações CNA-1/0/1 (4,6 %), CNA-1/1/1 (3,4 %), CNA-IRAT 4/2/1 (3,1 %) e CNA-IRAT P/2/2 (8,8 %).

Os resultados deste trabalho devem ser interpretados com o devido cuidado com os seguintes aspectos: a) este é o primeiro ciclo de seleção recorrente após a síntese da população CNA 11; b) a média de REND das famílias avaliadas ainda é muito baixa ($614 \text{ g parcela}^{-1} = 3.072 \text{ kg ha}^{-1}$, vide Tabela 7); c) a semeadura dos ensaios foi deliberadamente fora da época recomendada pela pesquisa, de modo a forçar a pressão de frio no final do ciclo, contribuindo assim para aumentar a variância e diminuir a média.

4.1.5. Ganhos esperados pela seleção direta para rendimento de grãos e indireta para os demais caracteres

Para efeito de simplificação dos modelos de seleção, a partir deste ponto será considerado apenas como critério de seleção as médias das famílias nos dois locais para todos os caracteres. Serão também consideradas apenas as variáveis que apresentaram correlações genóticas significativas com REND, que foram ESTAT, FLR80, STESP, GRPAN e GRINT.

O ganho estimado para REND com a seleção direta das 10 melhores famílias para este caráter foi de $404 \text{ g parcela}^{-1}$ (65,7 % em relação à média original) (Tabela 10). Neste caso, a média das 10 famílias selecionadas (as 10 primeiras listadas no Apêndice 1), que foi de $1.043 \text{ g parcela}^{-1}$, é similar à média das testemunhas ($1.054 \text{ g parcela}^{-1}$). Isto mostra que já no primeiro ciclo de seleção foram obtidas plantas com potencial produtivo similar às das

TABELA 10. Estimativa dos ganhos esperados pela seleção direta no rendimento de grãos e esterilidade de espiguetas e indireta nos demais caracteres, e baseada no índice clássico de seleção, expressas em valor (Gs) e em porcentagem da média (Gs %), referentes aos caracteres rendimento de grãos (REND; g / parcela), estatura de planta (ESTAT; cm), ciclo até a floração (FLR80; dias), esterilidade de espiguetas (STESP; %), número de grãos por panícula (GRPAN) e rendimento de grãos inteiros (GRINT; %), empregando-se duas intensidades de seleção ($i = 7,14\%$ e $i = 35,7\%$). UFRGS, 2002.

Caracte- rística	Seleção direta para REND		Seleção direta para STESP		Seleção através do índice clássico	
	Gs	Gs %	Gs	Gs %	Gs	Gs %
Seleção de 10 famílias ($i = 7,14\%$)						
REND	403,9	65,7	212,3	34,6	403,7	65,7
ESTAT	-8,2	-9,6	-4,4	-5,2	-8,7	-10,2
STESP	-5,3	-13,7	-9,0	-23,3	-5,1	-13,2
FLR80	-2,5	-3,0	0,14	-0,16	-1,3	-1,5
GRPAN	7,2	13,4	6,3	11,7	7,4	13,7
GRINT	0,7	1,2	-0,02	-0,03	1,4	2,6
 Ganho total 	427,8	106,6	232,2	75,0	427,6	106,9
ES ¹ _(REND)	---	(100)	---	52,7	---	100,0
ES ² _(Ganho total)	---	(100)	---	70,4	---	100,3
Seleção de 50 famílias ($i = 5,7\%$)						
REND	186,2	30,3	109,6	17,8	185,8	30,2
ESTAT	-3,8	-4,5	-3,3	-3,9	-4,3	-5,1
STESP	-3,4	-8,9	-5,4	-14,0	-3,2	-8,3
FLR80	-1,8	-2,1	-1,8	-2,2	-2,1	-2,4
GRPAN	4,1	7,7	4,4	8,3	4,1	7,6
GRINT	0,5	1,0	0,6	1,0	0,6	1,1
 Ganho total 	199,8	54,5	125,1	47,2	200,1	54,7
ES ¹ _(REND)	---	(100)	---	58,8	---	99,7
ES ² _(Ganho total)	---	(100)	---	86,6	---	100,4

¹ Eficiência da seleção para o caráter REND comparado com o GS (%) obtido com a seleção direta para REND; ² Eficiência da seleção para o |ganho total| comparado com o |GS total| (%) obtido com a seleção direta para REND.

cultivares testemunhas ou até superior, como no caso da família 128, com 1.289 g parcela⁻¹ (Apêndice 1).

De maneira indireta houve ganhos para os demais caracteres, acumulando um ganho total, em módulo, de 106,6 %. As variáveis que tiveram suas médias reduzidas foram ESTAT (-8,2 cm), STESP (-5,3 pontos percentuais) e FLR80 (-2,5 dias), enquanto que GRPAN (7,2 grãos panícula⁻¹) e GRINT (0,7 ponto percentual) tiveram suas médias incrementadas (Tabela 8).

O mesmo comportamento foi observado quando foram selecionadas as 50 melhores famílias, porém com a conseqüente redução no ganho total para 54,5 %. As direções das mudanças nas médias dos caracteres como resultado do processo seletivo estão perfeitamente de acordo com o desejado pelos melhoristas de arroz, considerando que se buscam plantas com maior produção de grãos, maior rendimento de grãos inteiros e menores estatura, ciclo e esterilidade de espiguetas.

4.1.6. Ganhos esperados pela seleção direta para esterilidade de espiguetas e indireta para os demais caracteres

Um dos critérios para a seleção de plantas tolerantes ao frio tem sido a escolha com base na menor esterilidade de espiguetas, considerando que é um caráter facilmente visualizado no campo e que apresenta correlação com este estresse abiótico (Yoshida, 1981; Mackill et al., 1996). No programa de seleção recorrente para tolerância ao frio adotado pelo CNPAF (Rangel et al., 2000) a seleção de plantas macho-férteis dentro da população base, cultivada em local com ocorrência de frio, é feita com base no critério de esterilidade de espiguetas. Como a seleção é feita em plantas individuais, não é possível medir-se diretamente o rendimento de grãos neste momento. Este caráter é quantificado na geração de avaliação das famílias $S_{0,2}$. Dessa forma, espera-se que a STESP seja um bom critério de seleção, o que foi confirmado pela alta correlação genotípica com o rendimento de grãos ($r_g = -0,693^{**}$) (Tabela 8).

Considerando os aspectos acima, neste trabalho foram feitas simulações de seleção direta para STESP, com duas intensidades de seleção (7,15 % e 35,7 %), e foram estimados os efeitos indiretos para os outros cinco caracteres em estudo. Deve-se mencionar que neste caso não há interesse em substituir a seleção direta no REND pela indireta através de STESP, mas sim verificar as conseqüências para REND em função do critério de seleção pela STESP e, assim, inferir a precisão ou a eficiência do que é realizado na fase de seleção de plantas individuais.

Com a seleção das 10 melhores famílias, considerando como critério a redução na STESP, houve decréscimo de 9,0 pontos percentuais na média das famílias selecionadas em comparação com a média original (Tabela 10). De forma indireta houve ganhos genéticos para REND, ESTAT e GRPAN, mas em

menor magnitude do que no caso da seleção direta para REND. Por exemplo, a própria variável REND mostrou ganho de 212 g parcela⁻¹ (Tabela 10), o que representa apenas 52,7 % do obtido na situação anterior. Também observou-se que as mudanças nas médias de FLR80 e GRINT foram insignificantes.

A redução na intensidade de seleção para 50 famílias causou uma sensível melhora no desempenho médio dos seis caracteres comparados com a seleção direta para REND. O REND das famílias selecionadas correspondeu a 58,8 % do REND com a seleção direta para este caráter e o ganho total passou de 70,4 % na situação anterior para 86,6 % neste caso (Tabela 10).

Neste estudo a média de STESP das famílias S_{0:2} foi de 38,8 % (Tabela 7) e a amplitude ficou entre 21,2 % e 73,0 % (Apêndice 1). Três fatores, sendo um ambiental e dois genéticos, contribuíram para a ampla variabilidade neste caráter. Como fator ambiental destaca-se a influência do frio no estágio reprodutivo, principalmente em Santa Vitória do Palmar, onde a média de STESP foi de 6,1 pontos percentuais maior do que em Cachoeirinha (Tabela 7). O estágio reprodutivo do arroz ocorreu nos meses de fevereiro e março de 2000, onde houveram 27 e 39 dias com temperaturas mínimas inferiores a 18 °C, respectivamente para Cachoeirinha e para Santa Vitória do Palmar (Apêndice 3).

Do ponto de vista genético deve-se considerar a presença do gene de macho-esterilidade (msms), que ainda está segregando nas famílias S_{0:2}, na frequência esperada de 0,17, considerando que foram selecionadas plantas Msms na geração S_{0:0}, estas sofreram uma autofecundação e as plantas msms foram eliminadas na geração S_{0:1}, tendo na geração S_{0:2} a seguinte proporção: 0,50 MsMs, 0,33 Msms e 0,17 msms. As plantas msms não são totalmente estéreis porque podem receber pólen das plantas macho-férteis ao redor, mas a esterilidade pode ser maior. O segundo aspecto é a incompatibilidade genética proporcionada pelo cruzamento de genótipos dos grupos índica e japônica, que compõem os genitores das populações CNA 1 e CNA 11 (Tabela 2).

Considerando os aspectos relacionados acima e os dados obtidos com a seleção direta e indireta para os seis caracteres através de STESP, que na intensidade de seleção de 50 famílias mostrou eficiência de 86,6 %, confirma-se a viabilidade de uso deste critério para seleção para tolerância ao frio em

arroz irrigado. A questão decisiva para sucesso do programa de melhoramento para tolerância ao frio é a regularidade e uniformidade da ocorrência de temperaturas baixas, de modo que as plantas selecionadas tenham atributos genéticos superiores para o caráter e não sejam resultantes do escape do estresse do frio em função das variações climáticas.

4.1.7. Ganhos esperados pela seleção através do índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) para seis caracteres

A vantagem da utilização do índice clássico de seleção é a possibilidade de operar a seleção simultaneamente para vários caracteres, que são ponderadas por pesos econômicos definidos pelo melhorista. Este método é especialmente válido quando a seleção direta em um caráter induz a mudanças indesejáveis em outros.

Os ganhos esperados pela seleção através do índice clássico foram extremamente similares aos obtidos com a seleção direta para REND, tanto para 10 como para 50 famílias selecionadas (Tabela 10). As prováveis causas dessa coincidência são as altas correlações genotípicas existentes entre o REND e as variáveis ESTAT, STESP e GRPAN. Também deve-se considerar o fato de que as mudanças nas médias dos caracteres com a seleção baseada em um único critério foram sempre na direção desejada, conforme apresentado nos modelos anteriores, o que reduz ou elimina as vantagens da utilização do índice clássico.

Comparando as famílias selecionadas pelo critério de seleção direta para REND com as famílias selecionadas através do índice clássico, houve diferença em apenas uma família, tanto na intensidade de 10 quanto na de 50 famílias escolhidas. Isto vem a confirmar os resultados similares obtidos com os dois modelos de seleção. A mesma comparação com a seleção direta para STESP, houve coincidência em apenas 30 % e 58 % das famílias selecionadas, respectivamente, para as pressões de seleção de 10 e 50 famílias.

Com base nos resultados apresentados neste trabalho, a seleção recorrente é um método alternativo para o melhoramento do arroz, permitindo a ampliação da base genética e a melhoria de vários caracteres simultaneamente através do processo cíclico de seleção e recombinação. Por outro lado, este

método é mais elaborado e exige ensaios de avaliação de rendimento em gerações precoces, demandando mais trabalho e tempo para completar um ciclo de seleção, o que necessariamente exige duas gerações por ano. O seu emprego deve ser para caracteres quantitativos, tais como rendimento de grãos, resistência durável a doenças e tolerância ao frio, que são mais difíceis de serem melhorados pelos métodos convencionais.

Apesar da pressuposição de que tenha havido ganho para tolerância ao frio na população a ser recombinada com base na informação das melhores famílias avaliadas em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar, na estação de crescimento 1999/2000, e considerando ainda que estas famílias foram derivadas da seleção de plantas que foram submetidas a um determinado estresse de frio em Pelotas e em Santa Vitória do Palmar, na estação de crescimento 1998/1999, não se tem dados suficientes para uma conclusão definitiva sobre este assunto. Para medir o ganho genético para tolerância ao frio sugere-se a realização de um experimento comparando a população original com a população melhorada, adotando-se uma metodologia eficiente de avaliação da reação ao frio.

4.2. Estudo 2 - Divergência genética entre os genitores estimada através de marcadores microssatélites e frequências alélicas estimadas na população CNA 11 original e observadas nas famílias S_{0:2}

4.2.1. Divergência genética entre os genitores da população CNA 11 estimada através de marcadores microssatélites

As análises com marcadores microssatélites foram realizadas com 22 pares de *primers*, que amplificaram um total de 126 alelos (fragmentos de DNA), com média de 5,73 alelos por loco (Tabelas 5 e 11). Todos os *primers* foram polimórficos nos genótipos estudados, incluindo os genitores das populações CNA 1 e CNA 11 e as famílias S_{0:2}, sendo que o loco de microssatélite RM235 foi o mais polimórfico, com 9 alelos. Em trabalhos similares Lopes (2002) e Ni et al. (2002) encontraram média de 5,6 e 6,8 alelos por loco, respectivamente. O grau de polimorfismo depende do número de genótipos estudados, da distância genética entre eles e da informatividade do loco (PIC). A Figura 3 mostra a variação alélica encontrada no loco de microssatélite RM212 para os 25 genitores da população CNA 11. O alelo 124 pb foi característico dos genótipos da subespécie japônica e os demais alelos estavam presentes nos genótipos da subespécie índica.

As estimativas de similaridade genética (SG), calculadas com os dados dos marcadores microssatélites e através do coeficiente de Jaccard, mostram que a média geral foi de $0,19 \pm 0,15$ (Tabela 12). A amplitude de variação de SG foi de 0,00 a 0,71. A cultivar CICA 8 foi, ao mesmo tempo, a mais distante geneticamente dos genótipos BLUEBELLE e CL SEL. 251, com SG = 0,00, e a mais próxima da linhagem CNA 3887, com SG = 0,71 (Tabela 12).

Os genótipos foram agrupados, com base nos dados dos coeficientes de similaridade genética da Tabela 12 e através do critério de análise UPGMA, formando um dendrograma mostrado na Figura 4. Tomou-se a média de SG como critério de separação dos grupos, obtendo-se assim três grupos claramente destacados.

O primeiro grupo foi formado por 14 genótipos pertencentes ao grupo índica, incluindo as cultivares BR-IRGA 409, CICA 8 e JAVAÉ, que são atualmente cultivadas em diferentes regiões do Brasil, e a cultivar IR 36

TABELA 11. Locos de microssatélites, denominação dos alelos, número de alelos amplificados (NAA), freqüências alélicas (F_a) estimadas na população CNA 11 original e observadas nas 133 famílias $S_{0:2}$, nas 50 (50 M) e nas dez (10 M) melhores famílias selecionadas pelo critério do rendimento de grãos. UFRGS, 2002. Continua

Locos	Alelos (pb)	NAA	F_a estimadas na pop. CNA 11	F_a observadas		
				Fam. $S_{0:2}$	50 M	10 M
RM55	218	4	0.02	0.00	0.00	0.00
	230		0.44	0.66	0.65	0.67
	236		0.31	0.03	0.04	0.06
	239		0.23	0.30	0.31	0.28
RM81	114	4	0.35	---	---	---
	120		0.37	---	---	---
	124		0.09	---	---	---
	129		0.19	---	---	---
RM202	164	5	0.33	0.14	0.09	0.05
	167		0.09	0.13	0.13	0.05
	178		0.14	0.02	0.01	0.00
	186		0.35	0.60	0.64	0.90
RM206	188	9	0.08	0.11	0.13	0.00
	137		0.02	0.15	0.17	0.20
	144		0.14	0.00	0.00	0.00
	147		0.13	0.11	0.16	0.25
	148		0.06	0.01	0.00	0.00
	151		0.04	0.29	0.23	0.25
	161		0.13	0.05	0.02	0.00
	171		0.00	0.01	0.01	0.00
RM207	178	5	0.47	0.35	0.39	0.25
	200		0.02	0.01	0.01	0.05
	118		0.41	0.19	0.15	0.00
	124		0.21	0.05	0.04	0.05
	136		0.27	0.46	0.49	0.45
RM210	140	7	0.00	0.09	0.08	0.10
	152		0.11	0.22	0.23	0.40
	147		0.21	0.12	0.07	0.00
	153		0.13	0.03	0.03	0.00
	159		0.02	0.00	0.00	0.00
	161		0.23	0.07	0.12	0.10
	163		0.34	0.76	0.76	0.80
RM212	166	4	0.02	0.01	0.00	0.00
	169		0.06	0.01	0.02	0.10
	119		0.06	0.20	0.17	0.05
	122		0.02	0.02	0.00	0.00
	124		0.55	0.21	0.15	0.10
RM219	147	7	0.37	0.57	0.69	0.85
	189		0.10	0.05	0.05	0.00
	192		0.30	0.11	0.07	0.05
	196		0.06	0.03	0.05	0.05
	197		0.13	0.01	0.00	0.00
	203		0.08	0.08	0.04	0.05
	210		0.06	0.18	0.20	0.35
RM220	218	5	0.27	0.54	0.60	0.50
	109		0.43	0.27	0.19	0.15
	114		0.01	0.02	0.00	0.00
	129		0.44	0.67	0.77	0.75
	131		0.00	0.04	0.04	0.10
	136		0.13	0.01	0.00	0.00

TABELA 11. Locos de microsatélites ...

Continuação

Locos	Alelos (pb)	NAA	F _a estimadas na pop. CNA 11	F _a observadas		
				Fam. S _{0:2}	50 M	10 M
RM222	200	6	0.56	0.31	0.30	0.10
	207		0.08	0.12	0.14	0.05
	215		0.26	0.45	0.48	0.76
	218		0.06	0.04	0.04	0.00
	225		0.02	0.04	0.02	0.05
	233		0.03	0.04	0.03	0.05
RM223	154	7	0.40	0.16	0.13	0.10
	156		0.14	0.09	0.08	0.00
	160		0.00	0.00	0.00	0.00
	162		0.02	0.00	0.00	0.00
	163		0.40	0.73	0.77	0.90
	167		0.00	0.00	0.00	0.00
	172		0.05	0.01	0.02	0.00
RM225	122	5	0.02	0.02	0.01	0.00
	135		0.16	0.24	0.25	0.20
	144		0.32	0.28	0.28	0.20
	145		0.08	0.03	0.04	0.05
	148		0.42	0.43	0.41	0.55
RM232	144	7	0.06	0.00	0.00	0.00
	146		0.02	0.01	0.00	0.00
	154		0.15	0.22	0.25	0.25
	161		0.06	0.00	0.00	0.00
	164		0.39	0.61	0.53	0.56
	165		0.31	0.13	0.16	0.00
	168		0.02	0.04	0.06	0.19
RM233	149	6	0.22	---	---	---
	150		0.31	---	---	---
	153		0.23	---	---	---
	155		0.03	---	---	---
	157		0.10	---	---	---
	173		0.12	---	---	---
RM234	143	6	0.06	0.00	0.00	0.00
	147		0.43	0.39	0.19	0.65
	152		0.02	0.01	0.00	0.00
	165		0.38	0.51	0.16	0.35
	167		0.11	0.00	0.00	0.00
	174		0.00	0.09	0.03	0.00
RM235	95	9	0.22	0.23	0.22	0.14
	102		0.27	0.09	0.07	0.10
	105		0.06	0.06	0.08	0.10
	119		0.07	0.08	0.06	0.10
	132		0.02	0.09	0.10	0.05
	138		0.06	0.00	0.00	0.00
	144		0.23	0.42	0.47	0.52
	148		0.01	0.00	0.00	0.00
	150		0.06	0.02	0.01	0.00
RM239	154	4	0.14	0.07	0.09	0.15
	155		0.49	0.25	0.23	0.05
	156		0.21	0.36	0.32	0.20
	158		0.16	0.33	0.36	0.60
RM241	134	4	0.48	0.40	0.40	0.70
	137		0.33	0.34	0.42	0.20
	144		0.16	0.17	0.12	0.10
	146		0.03	0.09	0.06	0.00

TABELA 11. Locos de microssatélites ...

Continuação

Locos	Alelos (pb)	NAA	F _a estimadas na pop. CNA 11	F _a observadas		
				Fam. S _{0:2}	50 M	10 M
RM242	198	4	0.16	0.07	0.06	0.10
	200		0.41	0.24	0.21	0.15
	206		0.14	0.30	0.37	0.50
	210		0.30	0.38	0.36	0.25
RM247	138	7	0.05	0.03	0.03	0.00
	142		0.29	0.41	0.43	0.60
	144		0.06	0.08	0.08	0.05
	147		0.02	0.00	0.00	0.00
	158		0.06	0.00	0.00	0.00
	162		0.20	0.07	0.07	0.10
	172		0.32	0.40	0.40	0.25
RM249	124	6	0.24	0.19	0.19	0.10
	127		0.13	0.09	0.08	0.00
	129		0.20	0.31	0.36	0.40
	131		0.31	0.39	0.35	0.50
	134		0.06	0.02	0.01	0.00
	149		0.06	0.00	0.01	0.00
RM261	131	5	0.02	0.18	0.17	0.30
	132		0.55	0.23	0.32	0.35
	134		0.34	0.48	0.43	0.35
	136		0.06	0.03	0.02	0.00
	141		0.03	0.08	0.06	0.00
Média		5.73		0,17	0,17	0,17

--- *Primers* que amplificam em dois cromossomos e por isto não foi possível distinguir os homozigotos dos heterozigotos.

(msms), que é a doadora do gene de macho-esterilidade. Este agrupamento está de acordo com os dados obtidos por Schmidt et al. (1997), que trabalharam com marcadores do tipo RAPD, identificados como específicos para os grupos índica e japônica através de BSA (*Bulked Segregant Analysis*), exceto a cultivar JAVAÉ, que foi considerada como intermediária entre os dois grupos. Por outro lado, Ferreira et al. (2000) avaliaram 111 genótipos do Banco Ativo de Germoplasma do CNPAF, também com marcadores do tipo RAPD, onde estava incluída a cultivar JAVAÉ, tendo esta agrupado junto com as índicas. As cultivares BR-IRGA 409, CICA 8 e ELONI foram também analisadas por Lopes (2002) e há concordância com os resultados obtidos neste trabalho, isto é, todas as três cultivares agruparam junto com as índicas.

Os genótipos mais próximos foram CICA 8 e CNA 3887 (SG = 0,71), que apresentam a cultivar Tetep como genitor comum (Tabela 2), seguido por UPR 103.18.1.2 e CL SEL. 694-1 (SG = 0,55), que também possuem um ancestral comum (IR 8), e BR-IRGA 409 e BG 90-2 (SG = 0,53), ambas derivadas de cruzamentos envolvendo linhagens do IRRI (*International Rice Research*

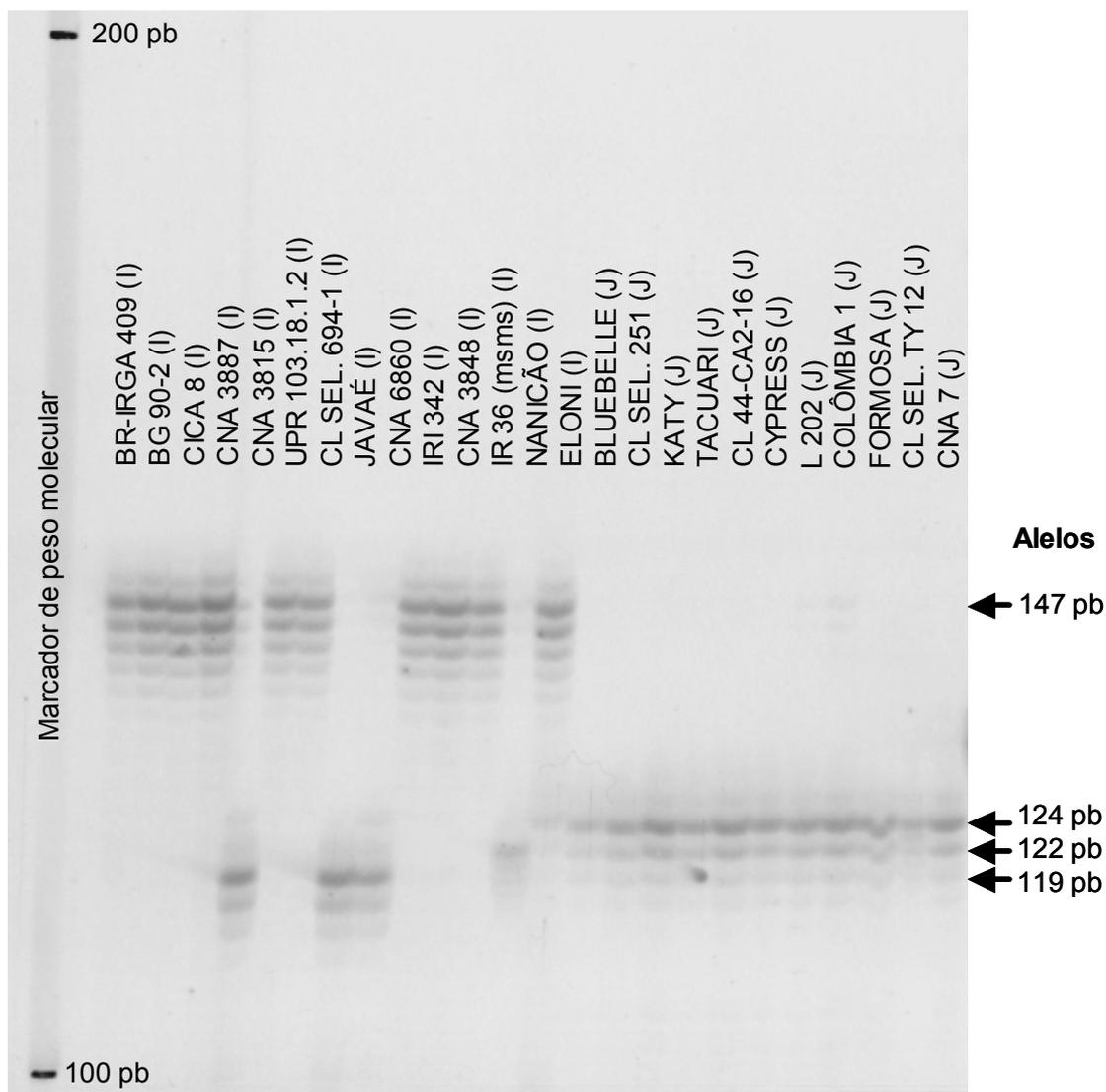


FIGURA 3. Variação alélica para o loco de microssatélite RM212 (cromossomo 1) entre os 25 genitores (I = índica, J = japônica) da população CNA 11, analisado em gel de poliacrilamida e corado com nitrato de prata. UFRGS, 2002.

Institute, Filipinas), tendo como ancestrais comuns PETA, CINA e LATI SAIL (Tous *et al.*, 1991). Destacou-se, ainda, o agrupamento entre CNA 3848 e IR 36 (SG = 0,52), sendo a segunda um dos genitores da primeira (Tabela 2). A similaridade genética média entre os pares de genótipos da subespécie índica foi de $0,33 \pm 0,10$. As principais características dos genótipos incluídos neste grupo são alto afilhamento, alto potencial de produção, grãos do tipo longo-fino e fontes de resistência a doenças e de tolerância à toxidez por ferro.

O segundo grupo foi formado pelas cultivares e linhagens da subespécie japônica tropical (Figura 4), conforme classificação proposta por Mackill (1995).

TABELA 12. Matriz de similaridade genética dos 25 genitores (I = índica, J = japônica) da população de seleção recorrente de arroz irrigado CNA 11 obtida pelo coeficiente de Jaccard para os dados dos marcadores microssatélites. UFRGS, 2002.

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	
1.BR-IRGA409 (I)																									
2.BG-90-2 (I)	0,53																								
3.CICA 8 (I)	0,45	0,39																							
4.CNA-3887 (I)	0,50	0,39	0,71																						
5.CNA-3815 (I)	0,34	0,36	0,47	0,38																					
6.UPR-103.18.1.2 (I)	0,43	0,45	0,39	0,43	0,32																				
7.CL-SEL-694-1 (I)	0,32	0,34	0,32	0,32	0,30	0,55																			
8.JAVAÉ (I)	0,40	0,31	0,36	0,44	0,33	0,34	0,25																		
9.CNA-6860 (I)	0,25	0,23	0,39	0,39	0,32	0,30	0,31	0,42																	
10.IRI-342 (I)	0,39	0,38	0,35	0,31	0,18	0,37	0,31	0,27	0,26																
11.CNA-3848 (I)	0,44	0,38	0,48	0,48	0,30	0,42	0,32	0,35	0,28	0,38															
12.IR-36(msms) (I)	0,23	0,27	0,32	0,26	0,14	0,21	0,16	0,19	0,24	0,24	0,52														
13.NANICÃO (I)	0,41	0,24	0,33	0,23	0,27	0,25	0,23	0,26	0,25	0,31	0,29	0,23													
14.ELONI (I)	0,25	0,30	0,25	0,22	0,20	0,30	0,38	0,21	0,27	0,17	0,31	0,24	0,16												
15.BLUEBELLE (J)	0,05	0,10	0,00	0,05	0,02	0,04	0,07	0,04	0,07	0,05	0,02	0,04	0,00	0,09											
16.CL-SEL-251 (J)	0,07	0,10	0,00	0,07	0,05	0,07	0,09	0,04	0,12	0,05	0,02	0,02	0,02	0,12	0,69										
17.KATY (J)	0,10	0,10	0,05	0,10	0,07	0,12	0,07	0,09	0,07	0,05	0,07	0,02	0,02	0,09	0,52	0,52									
18.TACUARI (J)	0,02	0,07	0,02	0,07	0,05	0,02	0,12	0,04	0,11	0,02	0,04	0,07	0,00	0,11	0,36	0,50	0,36								
19.CL-44-CA2-16 (J)	0,02	0,05	0,02	0,05	0,02	0,02	0,09	0,02	0,12	0,07	0,02	0,04	0,02	0,12	0,47	0,57	0,47	0,55							
20.CYPRESS (J)	0,04	0,07	0,09	0,12	0,07	0,07	0,04	0,12	0,14	0,05	0,07	0,09	0,02	0,09	0,45	0,41	0,32	0,35	0,32						
21.L202 (J)	0,02	0,05	0,12	0,12	0,07	0,04	0,07	0,09	0,20	0,07	0,07	0,12	0,04	0,11	0,29	0,32	0,29	0,44	0,45	0,64					
22.COLÔMBIA 1 (J)	0,02	0,07	0,02	0,00	0,07	0,04	0,07	0,07	0,07	0,05	0,02	0,04	0,05	0,09	0,29	0,29	0,22	0,36	0,29	0,25	0,22				
23.FORMOSA (J)	0,04	0,05	0,02	0,02	0,05	0,11	0,07	0,04	0,04	0,02	0,00	0,04	0,04	0,04	0,13	0,18	0,10	0,18	0,10	0,21	0,18	0,18			
24.CL-SEL-TY12 (J)	0,07	0,07	0,07	0,09	0,09	0,16	0,09	0,09	0,13	0,07	0,06	0,11	0,07	0,06	0,12	0,17	0,17	0,23	0,15	0,20	0,23	0,15	0,55		
25.CNA-7 (J)	0,21	0,18	0,15	0,21	0,12	0,23	0,20	0,14	0,23	0,15	0,17	0,09	0,09	0,11	0,18	0,22	0,22	0,21	0,22	0,21	0,28	0,10	0,28	0,37	
Média geral:	0,19	Desvio padrão: 0,15		Valor máximo: 0,71				Valor mínimo: 0,00																	

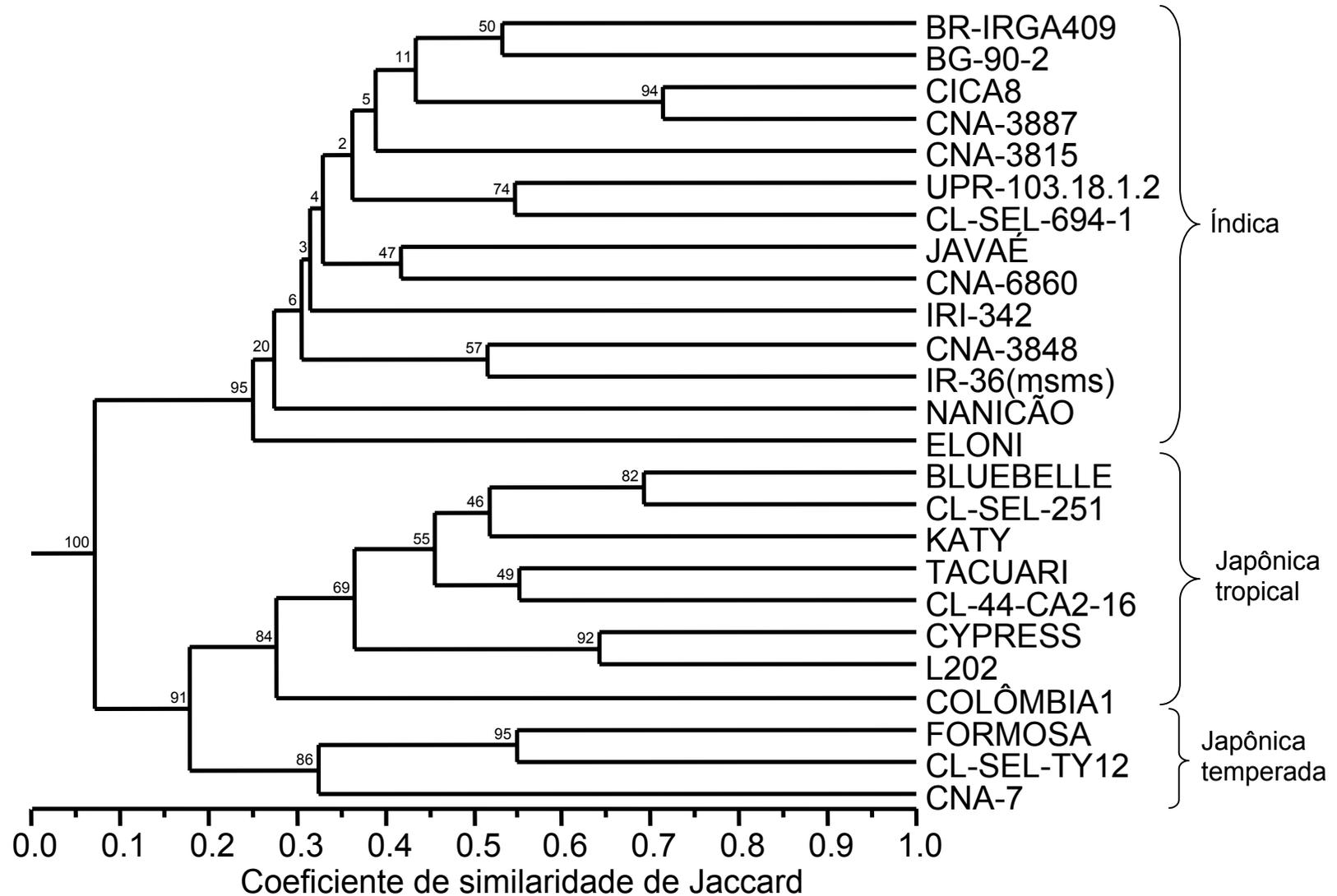


FIGURA 4. Dendrograma dos 25 genitores das populações de seleção recorrente de arroz irrigado CNA 1 e CNA 11 para os dados dos marcadores microssatélites (Os números nos nós representam a porcentagem de vezes que o agrupamento ocorreu pela análise de *bootstrap*). UFRGS, 2002.

Exceto as duas linhagens “CL”, todas as demais cultivares já foram estudadas e classificadas dentro deste grupo (Mackill, 1995; Maroof et al., 1997; Ferreira et al., 2000; Lopes, 2002; Ni et al., 2002). As maiores similaridades dentro deste grupo foram entre BLUEBELLE e CL SEL. 251 (SG = 0,69) e entre CYPRESS e L 202 (SG = 0,64), todas derivadas dos programas de melhoramento de arroz irrigado para grãos longos nos Estados Unidos e que mostraram estreita base genética no trabalho de Maroof et al. (1997). As características de maior interesse deste grupo na formação das populações CNA 1 e CNA 11 seriam qualidade de grãos, resistência à brusone e à bicheira da raiz e tolerância ao frio (L 202).

O terceiro grupo foi formado pelas cultivares IAS 12-9 FORMOSA e BRS BOJURU (denominação comercial da linhagem CL SEL. TY 12) e a linhagem CNA 7. Este grupo é considerado como japônica temperada (Mackill, 1995) e, de modo geral, as cultivares mais conhecidas no Brasil possuem grãos curtos, como é o caso das duas citadas acima. A linhagem CNA 7 possui grãos longos, mas esta é resultado do cruzamento com a linhagem IR 665-1-1-75-3 que, por sua vez, foi originada do cruzamento IR 8 // PETA / BELLE PATNA, tendo portanto participação de genótipos da subespécie índica, e de intenso processo de seleção para tipo de grão. Os genótipos mais próximos são as cultivares IAS 12-9 FORMOSA e CL SEL. TY 12, com SG = 0,55, que foram inseridas na síntese da população CNA 11 como fontes de tolerância ao frio (Tabela 11).

A similaridade genética média entre os genótipos da subespécie japônica, incluindo as tropicais e temperadas, foi de $0,30 \pm 0,15$, sendo similar à observada para o grupo índica. Vários trabalhos citam que há maior variabilidade genética dentro da subespécie índica (Ghareyazie et al., 1995; Mackill, 1995; Zhang et al., 1996; Cao et al., 1997; Zhu et al., 1998; Sun et al., 2001; Lopes, 2002) mas, neste caso, a amostragem pode não ter sido representativa em função do pequeno número de genótipos nos dois subgrupos japônicas.

Os *primers* capazes de discriminar corretamente os grupos índica e japônica foram o RM212, RM233 e RM261. Neste estudo, o único alelo característico da subespécie índica foi o 149 pb do loco RM233. Para os genótipos da subespécie japônica, observou-se dois alelos característicos que

foram o 124 pb, do loco RM212, e o 132 pb, do loco RM261. Este último alelo também foi identificado no trabalho de Lopes (2002), que analisou 38 genótipos de arroz, dos quais nove foram comuns a este estudo. Para diferenciação dos grupos japônica tropical e japônica temperada, foram identificados cinco locos com poder de discriminação: RM55 (alelo 239 pb), RM202 (alelo 178 pb), RM220 (alelo 109 pb), RM234 (alelo 147 pb) e RM239 (alelo 155 pb).

A diferenciação genética entre as subespécies também pode ser constatada através da média de similaridade entre genótipos índica x japônica, que foi de $0,07 \pm 0,05$, calculada com os dados da Tabela 12 ou observado no nó de união dos dois grupos na Figura 4. Considerando os dados de similaridade genética dentro e entre os grupos índica e japônica, pode-se inferir que há ampla variabilidade genética nos genitores que formaram a população CNA 11. Em outras palavras, há cerca de 70% de dissimilaridade dentro de cada grupo e de 93 % entre grupos. De modo similar, Mackill et al. (1996) encontraram 36 % de média de polimorfismo dentro da subespécie japônica e 76 % entre os grupos índica e japônica, para o caso dos marcadores microssatélites.

Considerando ainda que os dois caracteres mais importantes neste trabalho de seleção recorrente com a população CNA 11 são rendimento de grãos e tolerância ao frio, constata-se que o sucesso do primeiro objetivo será decorrência do acúmulo de genes favoráveis provenientes dos genótipos da subespécie índica e o do segundo do acúmulo de genes de origem dos genótipos da subespécie japônica. O grande desafio na continuidade deste trabalho é vencer as barreiras que dificultam os cruzamentos e a recombinação gênica entre os dois grupos e implantar uma metodologia eficiente de avaliação de tolerância ao frio nas populações melhoradas a cada ciclo.

4.2.2. Frequências alélicas estimadas na população CNA 11 original e observadas nas famílias $S_{0:2}$

As famílias $S_{0:2}$ foram submetidas à análise molecular para avaliação das mudanças nas frequências alélicas (F_a) e para identificar quais os genitores que estavam contribuindo com mais alelos para as famílias selecionadas após o primeiro ciclo de seleção. As médias das frequências

alélicas nos quatro grupos de genótipos estudados permaneceram estáveis em 0,17 (Tabela 11).

A diversidade gênica foi baixa nos genitores da população CNA 11, sendo que apenas quatro locos mostraram um ou mais genótipos em heterozigose (Apêndice 4). Nos locos RM81 e RM233, que amplificaram fragmentos de DNA em dois cromossomos ao mesmo tempo, não é possível distinguir os heterozigotos e, por esta razão, não foram considerados nos cálculos das freqüências alélicas das famílias $S_{0:2}$ e das melhores famílias selecionadas.

As variações nas freqüências alélicas mostraram claramente redução da contribuição dos genótipos da subespécie japônica à medida que o processo seletivo avançou. Por exemplo, o alelo 124 pb do loco RM212, presente exclusivamente nos genótipos da subespécie japônica (temperada e tropical), apresentou F_a estimada em 0,55 nos genitores da população CNA 11, e as F_a observadas diminuíram para 0,21 nas famílias $S_{0:2}$, para 0,15 nas 50 melhores famílias e para 0,10 nas 10 melhores famílias (Tabela 11). O mesmo comportamento foi observado para o alelo 132 pb no loco RM261, que também foi um alelo exclusivo dos genótipos de origem japônica.

Em situações mais contrastantes, alguns alelos contidos exclusivamente nos genótipos da subespécie japônica temperada (IAS 12-9 FORMOSA, CL SEL. TY 12 e CNA 7) tiveram suas freqüências diminuídas ou foram perdidos à medida que a intensidade de seleção aumentou para apenas 10 famílias. Neste caso encontram-se os alelos 178 pb (loco RM202), 136 pb (loco RM220) e 162 pb (loco RM247). Para o caso das japônicas tropicais também se observou redução nas freqüências alélicas com o processo seletivo, destacando-se os alelos 236 pb (RM55), 109 pb (RM220), 154 pb (RM223) e 155 pb (RM239), que reduziram suas freqüências de 0,31, 0,43, 0,40 e 0,49 para 0,06, 0,15, 0,10 e 0,05, respectivamente.

No sentido inverso do apresentado no parágrafo anterior, muitos alelos característicos dos genótipos da subespécie índica aumentaram a freqüência de maneira expressiva, como os alelos 186 pb (RM202) e 147 pb (RM212), que estão presentes somente nos genótipos desse grupo e que aumentaram as F_a de 0,35 e 0,37 para 0,90 e 0,85, respectivamente. A mesma situação ocorreu para três alelos que estão presentes nos genótipos da subespécie índica e na

cultivar japônica temperada CNA 7 (163 pb, RM210; 129 pb, RM220; e, 163 pb, RM223). O fato da cultivar CNA 7 apresentar alelos similares aos da subespécie índica pode ser atribuído a sua genealogia, como foi visto anteriormente.

O alelo 131 pb (RM261), que estava presente somente na cultivar ELONI, com F_a estimada em 0,02 na população CNA 11 (Apêndice 4), teve um comportamento interessante. Este alelo aumentou sua frequência para 0,30 nas dez melhores famílias $S_{0:2}$, permitindo inferir que este genótipo possui atributos favoráveis e que os mesmos foram selecionados contribuiu significativamente para aumentar o número de descendentes nas etapas de cruzamento e recombinação e que possui características mais próximas do que foi idealizado pelos melhoristas nas etapas de seleção.

Embora o comportamento geral tenha sido de aumentar a frequência dos alelos das cultivares índicas em prejuízo das de origem japônica, há casos em que isto não foi confirmado. Por exemplo, o alelo 239 pb (RM55), presente somente nos genótipos da subespécie japônica temperada, permaneceu estável nos quatro grupos avaliados (população CNA 11, famílias $S_{0:2}$, as 50 e as 10 melhores famílias), com valores de 0,23, 0,30, 0,31 e 0,28, respectivamente. O alelo 172 pb (RM247), pertencente ao grupo japônica tropical, também teve comportamento similar ao anterior (Tabela 11).

Para se ter uma visão mais abrangente das alterações nas frequências alélicas, foram feitas análises de agrupamento das famílias selecionadas com os genitores da população CNA 11, sempre considerando como critério de seleção o caráter rendimento de grãos das famílias $S_{0:2}$. A primeira simulação foi feita com as dez melhores famílias $S_{0:2}$ (MF) e o resultado é mostrado na Figura 5. Todas as dez famílias agruparam junto com os genótipos da subespécie índica e concentraram-se nas proximidades dos genitores BR-IRGA 409, BG 90-2, CICA 8, CNA 3887 e CNA 3815. Apenas a família MF111 parece se distanciar um pouco do grupo índica, apresentando cerca de 30 % de similaridade.

A segunda simulação foi feita com a seleção das 50 melhores famílias $S_{0:2}$, como foi proposto para recombinação do segundo ciclo de seleção recorrente. A situação permaneceu muito similar ao caso anterior, considerando que apenas a família MF3, classificada em 23º lugar na ordem

decrecente de rendimento de grãos (Apêndice 1), foi agrupada junto com as japônicas tropicais (Figura não apresentada). A última simulação foi feita com as dez piores famílias para o caráter rendimento de grãos e novamente todas agruparam com os genótipos da subespécie índica (Figura não apresentada).

As duas principais hipóteses para explicar este comportamento das frequências alélicas com que cada grupo está contribuindo para a população melhorada são a incompatibilidade genética entre os grupos e a seleção para tipo de planta e tipo de grãos que foi feita na população original. Mackill (1995) discute as dificuldades da realização de cruzamentos entre genótipos índica e japônica devido à esterilidade genética, à segregação distorcida e ao crescimento vegetativo deficiente. Isto provavelmente ocorreu durante o processo de recombinação ao acaso no campo, onde as plantas $S_{0,0}$ macho-estéreis que receberam pólen de plantas do outro grupo produziram poucos grãos e as poucas plantas geradas foram eliminadas na fase de seleção na população original, provavelmente pelo aspecto inferior do desenvolvimento da planta e pelo tipo de grão inadequado ao mercado do Brasil.

Dois aspectos devem ser considerados a partir das evidências mostradas acima. O primeiro relaciona-se com os possíveis mecanismos de diferenciação do arroz nas subespécies índica e japônica e o segundo questiona quais as alternativas que devem ser buscadas para lograr êxito na geração de recombinantes com tolerância ao frio e com alto rendimento e qualidade satisfatória de grãos.

Para o primeiro aspecto Matsuo (1997) levanta a seguinte questão: como as subespécies de arroz índica e japônica permanecem diferenciadas sem um suficiente isolamento? As duas subespécies são cultivadas em mistura em uma grande área que vai da Índia, passa pela Indochina e vai até a China, e vários tipos intermediários ou recombinados estão presentes. No caso das Américas, a maioria das cultivares utilizadas nos Estados Unidos é da subespécie japônica, enquanto na faixa tropical o domínio é de cultivares da subespécie índica. No Uruguai, por exemplo, a cultivar mais plantada (El Paso 144 L) pertence a subespécie índica, mas as demais são da subespécie japônica (INIA TACUARI, INIA CUARÓ, entre outras).

No estado do Rio Grande do Sul, a cultivar mais plantada é a IRGA 417, com 26 % da área (IRGA, 2002), e foi obtida através do cruzamento NEW REX

/ IR 19743-25-2-2 // BR-IRGA 409. Teoricamente, com base na genealogia, 25 % do conjunto gênico desta cultivar é do tipo japônica (NEW REX). Entretanto, no trabalho de Lopes (2002), tanto com marcadores do tipo RAPD quanto microssatélites, a cultivar IRGA 417 foi agrupada junto com as índicas, sendo que a similaridade genética entre os dois grupos foi de apenas 8 % para os marcadores microssatélites. Esta é mais uma evidência de que algum tipo de mecanismo associado ao processo seletivo ou à incompatibilidade genética levou ao aumento da freqüência dos alelos da subespécie índica.

Vários trabalhos mostraram o aumento dos genes da subespécie índica em populações derivadas do cruzamento entre as duas subespécies. O primeiro relato foi de Oka (1957) apud Matsuo (1997), onde o alelo *c*, relacionado com a coloração do apículo, aumentou de freqüência em relação ao alelo dominante *C* nas populações segregantes de F_2 até F_6 , derivadas do cruzamento entre as linhagens 414 (índica – *cc*) e 563 (japônica – *CC*). Comportamento similar foi observado com alelos de isoenzimas, em que aqueles originários dos genitores índica (*Acp* – 1^1 , *Cat* – 1^1 , *Pgi* – 1^1 , etc...) aumentaram de freqüência em relação aos originários de genitores japônica (*Acp* – 1^2 , *Cat* – 1^2 , *Pgi* – 1^2 , etc...) entre as gerações F_3 e F_7 (Morishima, não publicado apud Matsuo, 1997).

Ikehashi et al. (1986) discutem dois modelos genéticos, com um e dois locos, na tentativa de explicar as causas da esterilidade de espiguetas em cruzamentos intersubespecíficos. Como a interpretação genética é muito complexa não será detalhado neste texto. Em resumo, as mudanças nas freqüências gênicas podem ser atribuídas à seleção gamética devida à presença de genes que causam esterilidade nas plantas F_1 , à seleção contra indivíduos com alta esterilidade e tipo de planta fraco na geração F_2 e à competição entre plantas adjacentes no campo de avaliação das populações segregantes.

Uma segunda evidência da rediferenciação índica x japônica, isto é, do aumento da divergência genética entre as duas subespécies, é mostrada pelo aumento das combinações gênicas dos parentais em relação aos recombinantes. Oka (1964) observou, em gerações segregantes oriundas do cruzamento entre genótipos índica x japônica, que plantas possuindo características fenotípicas similares a dos genitores, tanto de um grupo quanto

do outro, produziam de 3 a 8 % mais sementes do que indivíduos recombinantes. O mesmo autor (Oka, 1988 apud Matsuo, 1997) analisou as freqüências de genes independentes nas populações F₅ e F₇ derivadas do mesmo cruzamento citado anteriormente (414 x 563) e observou que as combinações dos genes *Rc/rc* (coloração do pericarpo), *+/wx* (endosperma glutinoso) e *Ph/ph* (reação a fenol) aumentavam de freqüência sempre na direção dos genitores em detrimento dos recombinantes. Isto mostra que certos genes parecem apresentar uma coadaptação e contribuem para um certo tipo de especiação. A tendência para que alguns caracteres adaptativos e genes de isoenzimas apresentem combinações preferenciais também foi detectado em híbridos entre o arroz cultivado e o silvestre (Morishima, não publicado apud Matsuo, 1997).

5. CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos nos dois estudos, envolvendo a avaliação de campo das famílias $S_{0:2}$ derivadas da população de seleção recorrente de arroz CNA 11, e das análises com marcadores moleculares de microssatélites nos genitores e nas famílias, conclui-se que:

1. A população CNA 11 apresenta alto potencial para fins de melhoramento, com ampla variabilidade genética em todos os dez caracteres avaliados. Os valores elevados das herdabilidades, dos coeficientes de variação genético e dos índices de variação indicam que há possibilidades de se obter ganhos significativos através da seleção das melhores plantas $S_{0:1}$, com base nas avaliações das famílias $S_{0:2}$.
2. Os caracteres estatura de planta, esterilidade de espiguetas e número de grãos por panícula apresentam altas correlações genóticas com rendimento de grãos, podendo ser usados como critérios de seleção indireta para incrementar este caráter.
3. A esterilidade de espiguetas é um critério eficiente de seleção para identificação de genótipos de arroz com tolerância ao frio no estágio reprodutivo.
4. Os genitores da população CNA 11 apresentam ampla divergência genética estimada através de marcadores microssatélites, principalmente quando são comparados genótipos pertencentes a subespécies diferentes (índica ou japônica).
5. As frequências dos alelos característicos dos genótipos da subespécie índica aumentam progressivamente à medida que a intensidade de seleção aumenta. O comportamento inverso é constatado para os alelos característicos dos genótipos da subespécie japônica.

6. As melhores famílias $S_{0:2}$ com relação ao rendimento de grãos mostram maior similaridade genética com os genitores da subespécie índica.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Com base nos resultados obtidos neste trabalho e na revisão de literatura sobre a incompatibilidade genética observada nas progênes derivadas de cruzamentos entre genótipos Índica x japônica, serão propostas algumas alternativas para o programa de melhoramento para tolerância ao frio no Rio Grande do Sul, usando o método de seleção recorrente.

A primeira sugestão refere-se à utilização de cruzamentos manuais nas etapas de recombinação, isto é, sem uso do gene de macho-esterilidade genética (msms). Esta possibilidade requer o emprego de grande quantidade de mão-de-obra e nem sempre será factível nos programas de melhoramento.

A segunda sugestão é buscar fontes de tolerância ao frio que sejam o mais próximas possíveis das cultivares adaptadas ao Rio Grande do Sul, que na sua maioria são da subespécie Índica, de modo a permitir que haja maior possibilidade de híbridos férteis na descendência. Neste sentido, Cruz et al. (2001) e Cruz et al. (2002) já identificaram genótipos de origem chilena (QUILLA's), de origem do CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical) e do FLAR (*Fondo Latinoamericano para Arroz de Riego*) com tolerância ao frio nas fases de germinação, plântula e reprodutiva, e que possuem características de planta e de grãos melhores do que as fontes de tolerância ao frio da subespécie japônica temperada.

A avaliação da tolerância ao frio deve ser diferenciada para os estádios de germinação, de plântula e reprodutivo. As metodologias de avaliação da tolerância ao frio já foram estudadas e descritas por Maya (1988), Cruz et al. (2001) e por Cruz et al. (2002). Para os estádios iniciais de desenvolvimento há maior possibilidade de êxito, considerando que a estrutura necessária é relativamente simples e o espaço físico não é limitante. Neste caso, a avaliação da população original de seleção recorrente poderia ser feita em câmaras de crescimento com temperatura controlada e somente as plântulas com

tolerância ao frio seriam transplantadas para o campo, para posterior seleção. No estádio reprodutivo sugere-se avaliações de campo em locais onde ocorram temperaturas mais baixas com maior regularidade, como na Província de La Plata, na Argentina, ou na Estação Experimental de Quillimapú, no Chile. O uso da câmara de crescimento é limitado pela falta de espaço físico para avaliação de um mínimo de 2000 plantas.

A última alternativa a ser discutida neste trabalho é a possibilidade de uso dos marcadores moleculares como uma ferramenta de avaliação das frequências alélicas entre os ciclos de seleção recorrente. Esta avaliação servirá de base para quantificar a contribuição dos genótipos de cada subespécie e também para monitorar o grau de variabilidade genética da população melhorada em cada ciclo.

A outra possibilidade de uso dos marcadores moleculares seria para o mapeamento de QTL's (locos para características quantitativas) associados ou ligados com os genes que conferem tolerância ao frio no arroz. Assim, através da seleção assistida destes QTL's poderia facilitar a introgressão de genes envolvidos com tolerância ao frio nos genótipos adaptados, eliminando a problemática da avaliação das plantas segregantes no campo, principalmente no estádio reprodutivo. Neste sentido Saito et al. (2001) identificaram dois QTL's proximamente ligados (estimado em 4,7 a 17,2 cM) no cromossomo 4 do arroz e verificaram que estes QTL's estavam associados com o comprimento das anteras. Entretanto, até o momento a seleção assistida por marcadores moleculares para QTL's têm sido eficiente para populações fechadas, isto é, populações derivadas de retrocruzamentos (RC_2), linhagens F_6 e linhagens recombinantes (*RIL*). No caso de populações abertas, onde estão incluídas as populações de seleção recorrente, a seleção assistida poderá ser ineficiente porque os QTL's mapeados em populações fechadas podem não ser válidos para este tipo de população.

Com os recentes avanços na integração de mapas físicos e genéticos do genoma do arroz (Wu et al., 2002; Chen et al., 2002), as primeiras versões do seqüenciamento completo do genoma de genótipos índica e japônica (Goff et al., 2002; Yu et al., 2002) e o início da era da genômica funcional ou proteômica, novos horizontes se abrem para que, no futuro próximo, a

conjugação de genes de interesse seja feita de maneira muito mais eficiente e rápida.

Em síntese, apesar da existência de ampla divergência genética estimada entre os genitores da população de seleção recorrente CNA 11, com os dados das alterações nas frequências alélicas pela ação do processo seletivo, natural e humano, associado aos fatores que causam a incompatibilidade genética nos cruzamentos entre genótipos índica e japônica, constatou-se que as melhores famílias apresentaram maior similaridade genética com os genitores da subespécie índica.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVARADO, J. R. Influence of air temperature on rice population, length of period from sowing to flowering and spikelet sterility. In: HILL, J. E. et al. TEMPERATE RICE CONFERENCE, 2., Sacramento, CA, USA, 1999. **Proceedings...** Los Baños: International Rice Research Institute, 2002. p. 63-68.

AKAGI, H. et al. Microsatellite DNA markers for rice chromosomes. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 93, n. 1, p. 1071-1077, 1996.

AUTRIQUE, E. et al. Genetic diversity in Durum Wheat based on RFLPs, morphophysiological traits, and coefficient of parentage. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 3, p. 735-742, 1996.

BERED, F. et al. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 27, n. 3, p. 513-520, 1997.

BERTIN, P. et al. Use of somaclonal variation and in vitro selection for chilling tolerance improvement in rice. **Euphytica**, Dordrecht, v. 96, n. 1, p. 135-142, 1997.

BRONDANI, C. et al. Development and mapping of *Oryza glumaepatula*-derived microsatellite markers in the interspecific cross *Oryza glumaepatula* x *O. sativa*. **Hereditas**, Copenhagen, v. 134, n. 1, p. 59-71, 2001.

BUSO, G. S. C. et al. Analysis of genetic variability of South American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers. **Molecular Ecology**, Oxford, v. 7, n. 1, p. 107-117, 1998.

BUSO, G. S. C. et al. Analysis of random and specific sequences of nuclear and cytoplasmic DNA in diploid and tetraploid American wild rice species (*Oryza* spp.). **Genome**, Ottawa, v. 44, n. 3, p. 476-494, 2001.

CABEZAS-SANTACRUZ, J. D. Análisis de la variabilidad genética entre líneas de arroz (*Oryza sativa* L.) derivadas de la población CNA-IRAT 2, en diferentes ciclos de recombinación. Palmira: Universidad Nacional de Colombia, 1995. 63 f. Monografía (Graduação) - Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, 1995.

CAO, D. et al. Pedigree and RAPD-based DNA analysis of commercial U.S. rice cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 5, p. 1630-1635, 1997.

CARMONA, P. S. Evolución del cultivo de arroz com riego en Rio Grande do Sul, Brasil. **Arroz en las Américas**, Cali, v. 5, n. 2, p. 1-4, 1984.

CHANG, T. T. The origin, evolution, cultivation, dissemination, and diversification of Asian and African rices. **Euphytica**, Dordrecht, v. 25, n. 2, p. 425-441, 1976.

CHANG, T. T. et al. Genetic variousness in the climatic adaptation of rice cultivars. In: CLIMATE and rice. Los Baños: International Rice Research Institute, 1976. p. 87-109.

CHAVES, L. J. Criterios para escoger progenitores par un programa de selección recurrente. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Selección recurrente en arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p. 13-24. (Publicación CIAT; 267).

CHATEL, M. et al. **Selección recurrente con androesterilidad en arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1995. 70 p.

CHATTERJEE, D. A modified key and enumeration of species of *Oryza sativa* L. **Indian Journal of Agricultural Science**, New Delhi, v. 18, p. 185-192, 1948.

CHEN, M. et al. An integrated physical and genetic map of the rice genome. **The Plant Cell**, Rockville, v. 14, p. 537-545, 2002.

CHEN, X. et al. Development of a microsatellite framework map providing genome-wide coverage in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 95, n. 4, p. 553-567, 1997.

CIAT. Escala ilustrada para evaluar germoplasma de arroz en el campo, según su grado de afección (1, 3, 5, 7 ó 9) por manchado de grano. **Agricultura en las Américas**, Cali, v. 5, n. 1, 1984. (Anexo).

CIAT. **Evaluación de la culinaria y molinera del arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1989. 73 p.

COELHO, A. S. G. **Bood**: Avaliação de dendrogramas baseados em estimativas de distância / similaridade através do procedimento de *bootstrap*. Versão 3.01. Goiânia, 2002. 1 disquete.

CORDEIRO, A. C. C. **Número de inter cruzamentos na eficiência da seleção recorrente na cultura do arroz**. Lavras: UFLA, 2001. 149 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.

CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, M. et al. Identificación de materiales genéticos de arroz para tolerancia a temperaturas bajas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 2.; REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 24., 2001, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: Instituto Rio Grandense do Arroz, 2001. p. 15-17.

CRUZ, C. D. **Programa GENES** – versão windows 2001.0.0 Viçosa, 2001a. 1 CD.

CRUZ, R. P. da. **Tolerância ao frio em arroz irrigado**: metodologias de avaliação e bases genéticas. 2001. 158 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2001b.

CRUZ, R. P. da et al. Tolerância ao frio na fase de germinação do arroz: correlações entre características avaliadas em condições de campo e sob temperatura controlada. In: CONGRESSO DA CADEIA PRODUTIVA DO ARROZ, 2002; REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 7., 2002, Florianópolis. **Anais...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2002. p. 298-301. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 134).

CUEVAS-PÉREZ, F. E. et al. Genetic base of irrigated rice in Latin America and the Caribbean, 1971 to 1989. **Crop Science**, Madison, v. 32, n. 4, p. 1054-1059, 1992.

DATTA, D. et al. Genetic analysis of cold tolerance at seedling phase in rice. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 43, p. 345-349, 1983.

DAVIERWALA, A. P. et al. Use of three different marker systems to estimate genetic diversity of Indian elite rice varieties. **Genetica**, Dordrecht, v. 108, p. 269-284, 2000.

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, 1990.

EPAGRI. **Arroz irrigado**: recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil. 4 ed. Itajaí: EPAGRI: Itajaí; EMBRAPA-CPACT: Pelotas; IRGA: Porto Alegre, 1997. 80 p.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. Harlow: Longman Scientific and Technical, 1989. 463 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**: theory and technique. Ames: Iowa State University, 1993. 536 p.

FERRAZ, E. C. Ecofisiologia do arroz. In: CASTRO, P. R. C.; et al. (Eds.) **Ecofisiologia da produção agrícola**. Piracicaba: Associação Brasileira para a Pesquisa da Potassa e do Fósforo, 1987. p. 185-202.

FERREIRA, M. E. et al. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3 ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220 p. (EMBRAPA-CENARGEN. Documento, 20).

FERREIRA, M. E. et al. Caracterización y uso de marcadores RAPD y microsátélites (SSR) en el monitoreo del programa de mejoramiento poblacional en arroz. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Avances en el mejoramiento poblacional en arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 37-62.

FUENTES, J. L. et al. Analyses of genetic diversity in Cuban rice varieties using isozyme, RAPD and AFLP markers. **Euphytica**, Dordrecht, v. 109, n. 2, p. 107-115, 1999.

GARLAND, S. H. et al. The use of microsatellite polymorphisms for the identification of Australian breeding lines of rice (*Oryza sativa* L.). **Euphytica**, Dordrecht, v.108, n. 1, p. 53-63, 1999.

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

GERALDI, I. O. et al. Muestreo genético para programas de mejoramiento poblacional. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Avances en el mejoramiento poblacional en arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 9-19.

GHAREYAZIE, B. et al. Classification of rice germplasm. I. Analysis using AFLP and PCR-based RFLP. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 91, n. 2, p. 218-227, 1995.

GLASZMANN, J. C. A varietal classification of Asian cultivated rice (*Oryza sativa* L.) based on isozyme polymorphism. In: IRRI. RICE GENETICS, 1985, Manila, Philippines. **Proceedings...** Manila: International Rice Research Institute, 1986. p. 183-90.

GLASZMANN, J. C. Isozymes and classification of Asian rice varieties. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 74, n. 1, p. 21-30, 1987.

GOFF, S. A. et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. japonica). **Science**, Washington, v. 296, n. 5565, p. 92-100, 2002.

GUIMARÃES, E. P. et al. Genetic diversity of upland rice germoplasm distributed in Latin America. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 3, p. 187-194, 1996.

GUIMARÃES, E. P. Hibridação em arroz. In: CURSO INTERNACIONAL DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE ARROZ. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998. 15 p. (Apostila de aula).

HALLAUER, A. R. et al. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1981. 468 p.

HANSON, W. D. Theoretical distribution of the initial linkage block lengths intact in the gametes of a population intermated for n-generations. **Genetics**, Baltimore, v. 44, n. 5, p. 839-846, 1959.

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

IKEHASHI, H. et al. Genetics of F₁ sterility in remote crosses of rice. In: IRRI. RICE GENETICS, 1985, Manila, Philippines. **Proceedings...** Manila: International Rice Research Institute, 1986. p. 119-132.

IRGA. **Importância do arroz e a pesquisa desenvolvida pelo Irga**. Cachoeirinha: IRGA, 1997. (folder).

IRGA. Cultivares. In: **Arroz irrigado: Recomendações técnicas da pesquisa para o sul do Brasil**. Porto Alegre: IRGA, 2001. p. 55-64.

IRGA. **Arroz irrigado no RS: área, produção e rendimento**. 2002. Disponível em <<http://www.irga.rs.gov.br>>. Acesso em: 05 set. 2002.

JASIENIUK, M. et al. Plant diversity: new insights from molecular biology and genomics technologies. **Weed Science**, Lawrence, v. 49, n. 2, p. 257-265, 2001.

JENNINGS, P. R. et al. Temperature tolerance. In: _____. **Rice improvement**. Los Baños: International Rice Research Institute, 1979. cap. 10, p. 183-186.

KHAN, D. R. et al. Selection for tolerance to low temperature-induced spikelet at anthesis in rice. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 4, p. 694-698, 1986.

KO, H. L. et al. Random amplified polymorphic DNA analysis of Australian rice (*Oryza sativa* L.) varieties. **Euphytica**, Dordrecht, v. 80, n. 3, p. 179-189, 1994.

LEE, J. H. Screening methods for cold tolerance at Crop Experiment Station Phytotron and at Chuncheon. In: RICE COLD TOLERANCE WORKSHOP, 1979, Los Baños. **Report...** Los Baños: International Rice Research Institute, 1979. p. 77-90.

LI, C. C. et al. Inheritance of cool-temperature seedling vigor in rice and its relationship with other agronomic characters. **Crop Science**, Madison, v.20, n. 3, p.295-298, 1980.

LOPES, M. C. B. **Caracterização fenotípica e molecular de genótipos de arroz irrigado**. 2002. 80 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002.

MACKILL, D. J. Classifying japonica rice cultivars with RAPD markers. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 3, p. 889-894, 1995.

MACKILL, D. J. et al. Level of polymorphism and genetic mapping of AFLP markers in rice. **Genome**, Ottawa, v. 39, n. 5, p. 969-977, 1996.

MACKILL, D. J. et al. Genetic variation for traits to temperate adaptation of rice cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 4, p. 1340-1346, 1997.

MAHISHI, D.M. et al. Inheritance of panicle exertion in *Oryza sativa* under low temperature. In: INTERNATIONAL RICE GENETICS SYMPOSIUM, 2., 1991. Los Baños. **Proceedings...** Los Baños: International Rice Research Institute, 1991. 844 p.

MARÍN-GARAVITO, J. M. **Efecto del número de ciclos de recombinación en la variabilidad de poblaciones de arroz (*Oryza sativa* L.)**. Palmira: Universidad Nacional de Colombia, 1994. 50 f. Monografía (Graduação) - Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, 1994.

MAROOOF, M. A. S. et al. Correlation between molecular marker distance and hybrid performance in U. S. Southern long grain rice. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 1, p. 145-150, 1997.

MATSUO, T. Origin and differentiation of cultivated rice. In: MATSUO, T.; et al. (Ed.) **Science of the rice plant**. Tokyo: Food and Agriculture Policy Research Center, 1997. v. 3, cap. 2, p. 69-111.

MAYA, O. I. M. **Identificación de metodologías para la evaluación de tolerancia a temperaturas bajas en arroz (*Oryza sativa* L.)**. Palmira: Universidad Nacional de Colombia, 1988. 123 f. Monografía (Graduação) - Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira, Universidad Nacional de Colombia, Palmira, 1988.

MILACH, S. C. K. Principais tipos de marcadores moleculares e suas características. In: MILACH, S. C. K. (Ed.) **Marcadores moleculares em plantas**. Porto Alegre: ed. autor, 1998. p. 17-28.

MOOMAW, J. C. et al. The environment of tropical rice production. In: IRRI. **The mineral nutrition of the rice plant**: proceedings of the Symposium at the International Rice Research Institute. Baltimore: The Johns Hopkins Press, 1965. p. 3-13.

MORAIS, O. P. de. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade**. Viçosa: UFV, 1992. 251 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1992.

MORAIS, O. P. de. Tamaño efectivo de la población. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Selección recurrente en arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p. 25-44. (Publicación CIAT, 267).

MORAIS, O. P. de et al. Primeiro ciclo de seleção recorrente na população CG2. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 6., 1998, Goiânia. **Perspectivas para a cultura do arroz nos ecossistemas de várzeas e terras altas**. Goiânia: EMBRPA-CNPAF, 1998. p. 201-203. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 85).

MORAIS, O. P. de et al. Desempenho da população CG2 em seu segundo ciclo de seleção. In: CONGRESSO DA CADEIA PRODUTIVA DO ARROZ, 2002; REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 7., 2002, Florianópolis. **Anais...** Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2002. p. 138-140. (Embrapa Arroz e Feijão. Documentos, 134).

MORINGA, T. Cytogenetical investigation on *Oryza* species. In: IRRI. **Rice Genetics and Cytogenetics**. Amsterdam: Elsevier, 1964. p. 91-110.

MORISHIMA, H. Species relationships and the search for ancestors. In: TSUNODA, S.; TAKAHASHI, N. (Eds.). **Biology of rice**. Tokyo: Japan Sci. Soc. Press, 1984. p. 3-30.

NELSON, J. C. DNA isolation from cereals. In: 1993 ITMI WHEAT MAPPING WORKSHOP, 1993, Ithaca. **Laboratory manual ...** Ithaca: Cornell University, 1993. p. 15-17.

NI, J. et al. Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellite markers. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 601-607, 2002.

OKA, H. I. Intervarietal variation and classification of cultivated rice. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 18, p. 79-89, 1958.

OKA, H. I. Considerations on the genetic basis of intervarietal sterility in *Oryza sativa*. In: RICE genetics and cytogenetics. Amsterdam: Elsevier, 1964. p. 158-174.

PANAUD, O. et al. Development of microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*Oryza sativa* L.). **Molecular & General Genetics**, New York, v. 252, n. , p. 597-607, 1996.

PANDEY, D.K. et al. Genetics of panicle exertion in cold-tolerant rice (*Oryza sativa*). **Plant Breeding**, Berlin, v. 111, n. 1, p.82-85, 1993.

PATERNIANI, E. et al. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. et al. (Eds.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. v. 1, p. 217-274.

PAULL, R. E. Temperature-induced leakage from chilling-sensitive and chilling-resistant plants. **Plant Physiology**, Rockville, v. 68, n. 1, p. 149-153, 1981.

PEDROSO, B. A. **Arroz irrigado**: obtenção e manejo de cultivares. 3. ed. Porto Alegre: Sagra, 1989. 179 p.

PINHEIRO, B. da S. et al. Lacuna de produtividade em arroz irrigado no Brasil. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 2; REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 24., 2001, Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre: Instituto Rio Grandense do Arroz, 2001. p. 754-757.

PROMEGA CORPORATION. **Silver Sequence™ DNA sequencing system technical manual**. Madison: Promega, 1986. 19p.

QIAN, W. et al. Genetic variation within and among populations of a wild rice *Oryza granulata* from China detected by RAPD and ISSR markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 102, n. 2-3, p. 440-449, 2001.

RANGEL, P. H. N. et al. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 5, p. 349-357, 1996.

RANGEL, P. H. N. et al. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Selección recurrente en arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p. 3-11. (Publicación CIAT, 267).

RANGEL, P. H. N. **Origem e evolução do arroz**. In: CURSO INTERNACIONAL DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE ARROZ. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998. 8 p. (Apostila de aula).

RANGEL, P. H. N. et al. Ganhos de produtividade de grãos no melhoramento populacional do arroz de várzea. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 6., 1998, Goiânia. **Perspectivas para a cultura do arroz nos ecossistemas de várzeas e terras altas**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998a. p. 174-176. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 85).

RANGEL, P. H. N. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 6, p. 905-912, 1998b.

RANGEL, P. H. N. et al. Mejoramiento poblacional del arroz de riego em Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.) **Avances en el mejoramiento poblacional en arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. p. 65-85.

REY, Y. O. et al. Mejoramiento poblacional de arroz de sabanas para precocidad. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 6., 1998, Goiânia. **Perspectivas para a cultura do arroz nos ecossistemas de várzeas e terras altas**. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1998. p. 289-292. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 85).

RIBEIRO, A. S. Estudo preliminar da etiologia das manchas de grãos em arroz. In: REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 11., Pelotas, 1981. **Anais ... Pelotas**, UEPAE de Pelotas, 1981. p. 283-8.

RIBEIRO, A. S. **Doenças do arroz irrigado**. 2 ed. Brasília: EMBRAPA; Pelotas: UEPAE de Pelotas, 1984. 56 p. (Circular Técnica, 19).

ROBINSON, I. P. Aloenzimas na genética de populações de plantas. In: ALFENAS, A. C. (Ed.) **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins**: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos. Viçosa: UFV, 1998. p. 329-380.

RODRIGUES, R. E. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e de resposta à seleção na população de arroz irrigado CNA 1. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 5, p. 685-691, 1998.

ROHLF, F. J. **NTSYS – PC**: numerical taxonomy and multivariate analysis system. Versão 2.10 m. New York: Exeter Software, 2000. 1 CD.

ROUGHAN, P. G. Phosphatidylglycerol and chilling sensitivity in plants. **Plant Physiology**, Rockville, v. 77, n. 3, p. 740-746, 1985.

SAITO, K. et al. Identification of two closely linked quantitative trait loci for cold tolerance on chromosome 4 of rice and their association with anther length. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 103, n. 6-7, p. 862-868, 2001.

SAMPATH, S. The genus *Oryza*: its taxonomy and species interrelationships. **Oryza**, Cuttack, v. 1, p. 1-9, 1962.

SAS Institute. **System for Information**. Versão 8.0. Cary, 2000. 3 CD.

SCHMIDT, A. et al. Identification of indica-and-japonica-specific regions of the *Oryza sativa* genome. **Revista Brasileira Genética**, Ribeirão Preto, v. 20, C69, p. 152, 1997.

SCHLOSSER, I. et al. Morphological classification of traditional Philippine upland rice cultivars in upland nurseries using cluster analysis methods for recommendation, breeding and selection purposes. **Journal of Agronomy and Crop Science**, Berlin, v. 184, n. 3, p. 165-171, 2000.

SINGH, R. J. et al. Monogenic male-sterility in rice: induction, identification and inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 21, n. 2, p. 286-289, 1981.

SMILLIE, R. M. et al. Assay of chilling injury in wild and domestic tomatoes based on photosystem activity of the chilled leaves. **Plant Physiology**, Rockville, v. 63, n. 5, p. 796-801, 1979.

SRINIVASULU, K. et al. Screening of upland and short duration rice varieties for cold tolerance at seedling emergence stage. **Oryza**, Cuttack, v. 25, p. 87-90, 1988.

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

SOUZA JR., C. L. de. et al. Response to recurrent selection under small effective population size. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 4, p. 841-846, 2000.

SUN, C. Q. et al. Comparison of the genetic diversity of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) and cultivated rice (*Oryza sativa* L.) using RFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 102, n. 1, p. 157-162, 2001.

TEMNYKH, S. et al. Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v.100, n. 5, p. 697-712, 2000.

TEMNYKH, S. et al. Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential. **Genome Research**, Plainview, v. 11, n. 8, p. 1441-1452, 2001.

TERRES, A. L. Melhoramento de arroz irrigado para tolerância ao frio no Rio Grande do Sul. Brasil. In: REUNIÓN SOBRE MEJORAMIENTO DE ARROZ EN EL CONO SUR, Goiânia, 1989. Diálogos XXXIII. Montevideu: IICA-PROCISUR, 1991.

THANH, N. D. et al. Genetic variation in root morphology and microsatellite DNA loci in upland rice (*Oryza sativa* L.) from Vietnam. **Euphytica**, Dorcrecht, v. 105, n. 1, p. 43-51, 1999.

THOMAS, G. et al. Discriminatin between *Oryza malampuzhaensis* Krish. et Chand. e *Oryza officinalis* Wall ex Watt based on RAPD markers and morphological traits. **Euphytica**, Dorcrecht, v. 122, n. 1, p. 181-189, 2001.

TOUS, D. I. G. et al. Origen de las cultivares de arroz en Colombia, 1971 – 1989. **Arroz**, Bogotá, v. 40, n. 372, p. 8-16, 1991.

VAUGHAN, D. A. **The genus Oryza L.** Current status of taxonomy. IRRI Research Paper. Manila: International Rice Research Institute, 1989. p. 21. (Series, 138).

VEILLET, S. et al. Combined genetic analysis of partial blast resistance in na upland rice population and recurrent selection for line and hybrid values. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 92, n. 6, p. 644-653, 1996.

VERGARA, B. S. Physiological and morphological adaptability of rice varieties to climate. In: CLIMATE and rice. Los Baños: International Rice Research Institute, 1976. p. 67-83.

VENCOVSKY, R. et al. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: MELHORAMENTO e produção de milho. Campinas, Fundação Cargil, 1987. v. 1, p. 135-214.

VIRK, P. S. et al. The identification of duplicate accessions within a rice germplasm collection using RAPD analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 90, n. 7-8, p. 1049-1055, 1995.

VIRK, P. S. et al. Effectiveness of different classes of molecular marker for classifying and revealing variation in rice (*Oryza sativa*) germplasm. . **Euphytica**, Dordrecht, v. 112, n. 3, p. 275-284, 2000.

WEEDEN, N. F. et al. Identifying and mapping genes of economic significance. **Euphytica**, Dordrecht, v. 73, n. 1-2, p. 191-198, 1994.

WU, J. Z. et al. A comprehensive rice transcript map containing 6591 expressed sequence tag sites. **The Plant Cell**, Rockville, v. 14, n. 3, p. 525-535, 2002.

WU, K-S. et al. Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in rice. **Molecular & General Genetics**, New York, v. 241, n. 1-2, p. 225-235, 1993.

YOSHIDA, S. **Fundamentals of rice crop science**. Los Baños: International Rice Research Institute, 1981. cap. 1, p. 1-63.

YU, J. et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* L. ssp. indica). **Science**, Washington, v. 296, n. 5565, p. 79-92, 2002.

ZHANG, Q. et al. Genetic diversity and differentiation of indica and japonica rice detected by RFLP analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 83, n. 4, p. 495-499, 1992.

ZHANG, Q. et al. Molecular marker heterozygosity and hybrid performance in indica and japonica rice. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 93, n. 8, p. 1218-1224, 1996.

ZHU, J. et al. AFLP markers for the study of rice biodiversity. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 96, n. 5, p. 602-611, 1998.

8. APÊNDICES

APÊNDICE 1. Médias ajustadas das 140 famílias $S_{0,2}$ e das quatro testemunhas para os caracteres rendimento de grãos (RENDG = g parcela⁻¹; RENDT = t ha⁻¹), estatura de planta (ESTAT; cm), ciclo até a floração (FLR80; dias), esterilidade de espiguetas (STESP; %), número de grãos por panícula (GRPAN), manchas nas glumas (MCHGL; nota 0-9), massa de mil grãos (MMGR; g), rendimento de grãos inteiros (GRINT; %), comprimento do grão (CMPGR; mm) e índice de centro branco nos grãos (CBGR; nota 0-5), referentes aos experimentos realizados em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar, RS, estação de crescimento 1999/2000. UFRGS, 2002.

Tratamento	RENDG	RENDT	ESTAT	FLR80	STESP	GRPAN	MCHGL	MMGR	GRINT	CMPGR	CBGR
Fam. 128	1289	6,45	74	81	25,6	65	2,8	24,9	59	6,8	2,7
Fam. 20	1276	6,38	77	82	24,9	80	3,4	23,9	55	6,7	2,6
Fam. 30	1093	5,47	76	89	37,8	56	3,2	29,2	50	7,4	2,6
Fam. 125	1091	5,45	82	87	28,2	67	1,6	25,9	61	6,4	2,6
Fam. 126	1040	5,20	79	85	35,2	74	1,1	25,4	62	6,4	1,7
Fam. 62	954	4,77	74	80	33,6	57	2,7	25,3	57	6,8	2,2
Fam. 111	941	4,70	76	76	34,6	66	3,0	26,8	59	6,6	3,1
Fam. 97	936	4,68	67	81	27,2	61	2,4	26,6	54	7,1	2,5
Fam. 19	931	4,65	76	90	32,1	65	2,8	25,2	59	6,2	2,2
Fam. 76	882	4,41	82	72	34,3	56	1,1	26,6	54	7,0	2,6
Fam. 74	880	4,40	76	85	36,9	59	0,8	23,5	63	5,7	3,0
Fam. 32	871	4,36	83	79	34,1	61	1,8	24,7	60	6,2	1,6
Fam. 95	845	4,22	72	78	26,0	67	1,7	25,6	55	6,6	2,9
Fam. 65	829	4,14	76	76	29,8	57	3,5	24,2	56	6,4	0,9
Fam. 140	822	4,11	79	80	32,0	68	2,9	23,1	52	5,6	3,8
Fam. 53	822	4,11	83	85	30,1	70	1,5	24,1	60	6,2	1,6
Fam. 75	820	4,10	78	87	28,3	63	2,6	25,7	59	6,9	0,6
Fam. 56	807	4,03	82	91	27,1	53	3,0	26,1	56	6,6	2,4
Fam. 23	795	3,98	73	83	30,4	53	1,5	25,1	58	6,5	2,0
Fam. 45	795	3,98	84	85	42,8	49	4,2	28,4	61	7,0	3,4
Fam. 117	781	3,91	76	79	34,5	67	2,0	25,2	56	6,1	3,3
Fam. 87	772	3,86	85	79	34,3	69	2,7	25,4	56	6,8	1,6
Fam. 3	768	3,84	89	83	28,2	60	0,8	25,2	62	6,9	1,0
Fam. 113	760	3,80	77	72	48,7	37	1,2	26,2	55	6,8	2,1
Fam. 96	754	3,77	80	82	29,1	62	2,1	26,2	59	6,5	2,6
Fam. 46	753	3,76	75	96	36,9	54	2,9	26,3	57	7,1	2,0
Fam. 116	752	3,76	74	79	40,2	58	2,3	24,3	55	6,9	1,8
Fam. 88	747	3,74	79	81	32,2	60	2,3	25,7	54	7,3	2,6
Fam. 133	745	3,72	84	80	31,8	65	1,4	26,3	59	6,6	2,0
Fam. 40	740	3,70	71	85	27,7	58	1,1	24,7	59	6,8	1,9
Fam. 124	738	3,69	93	90	27,6	63	2,6	24,2	60	5,9	2,7
Fam. 38	737	3,68	76	96	42,3	52	1,8	27,0	54	7,3	2,1
Fam. 123	736	3,68	80	79	38,7	62	1,7	24,8	54	6,6	1,9
Fam. 106	735	3,68	94	86	40,8	52	1,5	28,6	50	7,8	3,1
Fam. 134	735	3,67	80	74	38,3	60	1,5	24,4	59	6,5	2,5
Fam. 5	732	3,66	86	87	30,3	68	2,2	24,8	58	6,5	2,4

APÊNDICE 1. Médias ajustadas ...

Continuação

Tratamento	RENDG	RENDT	ESTAT	FLR80	STESP	GRPAN	MCHGL	MMGR	GRINT	CMPGR	CBGR
Fam. 59	731	3,66	84	89	40,9	53	2,3	22,5	54	6,5	2,5
Fam. 73	729	3,65	81	79	39,0	50	2,2	27,2	54	6,9	2,3
Fam. 34	728	3,64	98	91	36,0	56	2,0	23,8	56	6,5	1,7
Fam. 14	722	3,61	81	77	38,4	55	2,3	27,3	58	7,0	2,0
Fam. 48	719	3,59	77	90	30,2	64	2,5	26,4	54	7,1	1,8
Fam. 139	714	3,57	90	88	38,9	59	3,5	26,2	54	6,6	3,5
Fam. 122	711	3,55	81	78	33,1	51	1,3	27,9	53	7,1	2,3
Fam. 136	700	3,50	101	92	21,2	52	3,2	27,4	51	5,6	2,3
Fam. 18	699	3,50	86	89	39,5	62	1,4	26,3	59	6,9	2,6
Fam. 11	696	3,48	81	74	34,5	58	0,8	26,8	61	7,1	1,9
Fam. 6	696	3,48	86	85	35,9	61	3,2	24,2	59	6,3	2,4
Fam. 131	696	3,48	84	76	40,7	55	1,5	22,6	59	6,3	0,3
Fam. 119	685	3,42	86	82	44,8	58	2,1	23,5	53	6,8	1,4
Fam. 21	680	3,40	88	76	33,4	74	1,9	26,3	56	6,9	2,6
Fam. 78	679	3,39	87	87	46,7	40	2,5	27,7	46	7,6	2,8
Fam. 69	674	3,37	74	78	36,3	49	3,6	24,7	55	6,8	2,1
Fam. 44	665	3,33	76	76	31,9	55	1,5	24,8	54	6,7	2,0
Fam. 92	662	3,31	79	86	40,7	56	2,1	25,6	56	6,8	1,1
Fam. 54	659	3,30	78	88	35,2	50	2,3	26,4	55	6,6	3,1
Fam. 41	659	3,29	81	79	37,3	59	1,6	24,6	60	6,3	2,1
Fam. 39	657	3,29	77	77	31,8	54	1,7	27,4	56	6,2	3,6
Fam. 100	655	3,27	103	84	36,3	50	2,0	28,5	48	7,2	1,6
Fam. 109	652	3,26	80	82	39,0	50	2,8	25,7	56	6,5	1,8
Fam. 17	651	3,26	84	86	37,6	58	2,0	28,2	58	6,8	2,5
Fam. 1	646	3,23	83	89	32,6	65	1,2	25,0	57	7,2	0,9
Fam. 81	645	3,22	78	98	43,8	50	3,0	26,0	57	6,9	2,5
Fam. 114	640	3,20	88	79	40,0	62	1,1	25,0	60	6,6	2,6
Fam. 93	620	3,10	75	79	31,2	55	1,2	24,3	59	6,4	3,8
Fam. 35	613	3,06	77	88	39,4	55	3,2	26,1	59	6,5	2,9
Fam. 94	612	3,06	84	83	35,9	52	1,9	25,3	61	6,3	2,1
Fam. 68	608	3,04	96	86	49,2	43	1,7	29,1	57	7,3	2,1
Fam. 64	607	3,04	87	85	38,1	57	3,1	23,0	59	6,1	3,0
Fam. 118	603	3,02	79	91	38,5	40	3,2	24,7	58	7,0	1,4
Fam. 26	599	2,99	88	75	35,3	53	1,4	27,7	55	6,9	1,4
Fam. 91	588	2,94	100	88	40,4	51	2,0	26,3	57	7,0	1,7
Fam. 24	583	2,92	83	90	26,7	78	4,0	25,5	56	6,7	1,6
Fam. 112	582	2,91	78	79	43,5	43	1,8	24,5	56	7,1	1,5
Fam. 9	580	2,90	98	90	46,3	52	4,8	24,8	51	6,5	2,6

APÊNDICE 1. Médias ajustadas ...

Continuação

Tratamento	RENDG	RENDT	ESTAT	FLR80	STESP	GRPAN	MCHGL	MMGR	GRINT	CMPGR	CBGR
Fam. 4	577	2,89	89	76	32,4	48	2,3	26,2	58	6,6	3,2
Fam. 135	576	2,88	84	87	39,4	65	1,8	24,9	58	6,4	2,4
Fam. 83	574	2,87	82	86	47,1	47	1,8	25,2	62	6,7	1,9
Fam. 2	562	2,81	81	84	48,0	51	3,2	26,3	57	7,1	1,2
Fam. 15	561	2,81	80	92	33,0	66	1,7	24,0	56	6,1	1,9
Fam. 72	559	2,79	89	88	53,5	42	2,2	26,3	56	6,8	3,0
Fam. 67	559	2,79	82	82	40,6	50	1,4	27,9	54	7,1	1,9
Fam. 120	558	2,79	82	94	44,2	53	2,2	25,4	59	6,3	1,8
Fam. 89	556	2,78	73	88	35,8	48	2,0	24,9	59	6,3	2,6
Fam. 127	546	2,73	79	85	33,0	60	2,0	24,0	59	6,4	3,2
Fam. 71	542	2,71	93	87	42,0	44	1,9	24,5	59	6,5	1,7
Fam. 77	540	2,70	92	78	38,5	49	2,8	24,2	56	6,8	1,6
Fam. 16	540	2,70	92	73	39,9	57	2,1	25,5	58	6,8	2,4
Fam. 61	526	2,63	80	92	45,6	54	3,2	25,5	53	6,6	2,4
Fam. 137	519	2,59	81	84	33,7	52	1,7	26,6	56	6,9	2,0
Fam. 28	517	2,59	88	90	41,2	53	3,1	26,9	61	6,5	2,0
Fam. 51	517	2,59	103	85	34,2	54	2,1	28,1	57	6,9	2,2
Fam. 85	516	2,58	88	79	37,8	56	2,0	24,5	59	6,3	3,5
Fam. 22	516	2,58	87	87	37,3	65	1,9	25,0	58	6,5	2,1
Fam. 27	514	2,57	81	90	33,1	58	2,5	24,6	57	6,5	2,5
Fam. 50	514	2,57	87	88	45,1	47	1,6	26,9	59	6,7	2,0
Fam. 33	512	2,56	81	88	34,3	53	1,3	26,0	57	6,8	2,0
Fam. 7	511	2,55	91	89	53,9	39	2,1	24,4	54	6,5	2,1
Fam. 84	507	2,54	78	89	37,5	53	2,4	28,2	53	7,0	2,1
Fam. 29	504	2,52	90	89	40,7	50	1,5	27,3	59	6,6	2,6
Fam. 79	503	2,51	87	88	40,9	49	1,8	24,9	58	6,9	1,8
Fam. 129	495	2,47	100	89	40,1	46	2,4	23,8	59	6,8	2,0
Fam. 47	491	2,45	103	84	42,9	44	3,1	25,2	54	6,7	2,5
Fam. 132	484	2,42	83	80	28,0	56	2,1	24,6	57	6,2	2,5
Fam. 43	483	2,42	76	95	38,8	61	1,7	25,1	58	6,8	1,4
Fam. 13	479	2,39	85	80	46,1	40	1,8	28,4	52	6,9	3,5
Fam. 130	478	2,39	90	73	43,6	46	4,3	25,7	55	7,2	3,1
Fam. 90	475	2,37	94	90	46,6	38	2,2	26,6	58	6,4	1,7
Fam. 80	473	2,36	86	90	45,9	51	4,5	24,6	54	7,0	1,6
Fam. 104	466	2,33	96	86	47,2	46	2,1	24,1	58	6,7	2,4
Fam. 107	461	2,30	92	86	42,7	40	1,1	26,0	56	6,6	2,3
Fam. 57	458	2,29	85	77	31,6	47	1,4	24,6	57	6,6	2,4
Fam. 31	455	2,27	97	85	43,8	57	2,2	24,9	50	6,8	1,9

APÊNDICE 1. Médias ajustadas...

Continuação

Tratamento	RENDG	RENDT	ESTAT	FLR80	STESP	GRPAN	MCHGL	MMGR	GRINT	CMPGR	CBGR
Fam. 138	434	2,17	86	85	45,1	51	2,5	24,9	52	6,2	2,7
Fam. 99	430	2,15	91	88	40,3	56	2,0	24,3	57	6,7	1,9
Fam. 25	428	2,14	96	93	34,3	62	2,1	24,3	52	6,5	3,5
Fam. 70	425	2,12	97	84	41,9	62	1,6	24,4	56	6,9	1,8
Fam. 66	423	2,11	94	86	52,8	41	4,8	25,8	53	6,8	2,2
Fam. 8	423	2,11	96	85	46,5	41	2,3	26,2	56	6,8	2,2
Fam. 98	418	2,09	94	84	47,1	41	1,5	24,8	58	6,9	1,9
Fam. 36	418	2,09	98	86	48,0	46	1,3	25,2	54	6,5	1,6
Fam. 60	416	2,08	81	91	38,7	57	2,0	26,4	59	6,7	1,5
Fam. 37	414	2,07	81	97	41,1	50	1,5	24,7	53	6,1	2,1
Fam. 82	408	2,04	86	79	40,5	37	1,5	25,7	61	6,8	2,4
Fam. 115	405	2,02	95	82	43,4	39	2,2	27,8	53	6,9	3,3
Fam. 105	403	2,02	95	88	43,1	43	2,9	27,3	55	7,0	2,4
Fam. 42	392	1,96	77	90	34,4	50	1,5	25,4	56	6,3	2,4
Fam. 63	390	1,95	92	88	48,9	40	2,3	27,3	50	7,0	2,6
Fam. 108	390	1,95	95	86	37,3	50	2,1	24,8	55	6,4	2,9
Fam. 110	376	1,88	100	90	38,7	48	4,3	26,1	43	7,1	1,9
Fam. 12	368	1,84	102	85	52,1	38	2,1	26,0	53	6,7	1,3
Fam. 55	367	1,84	100	80	33,7	54	2,6	25,1	54	6,6	1,7
Fam. 58	361	1,81	100	89	48,0	50	3,7	24,2	43	7,0	1,2
Fam. 103	354	1,77	89	90	43,7	38	3,2	24,8	55	6,6	2,0
Fam. 121	351	1,75	77	99	38,2	56	1,8	25,6	47	6,9	1,6
Fam. 52	340	1,70	87	83	73,0	32	2,6	24,6	56	6,8	1,9
Fam. 101	326	1,63	100	88	55,2	43	1,2	26,9	57	6,5	3,1
Fam. 49	322	1,61	77	93	55,9	42	2,3	25,7	55	6,7	2,3
Fam. 86	322	1,61	96	78	51,9	48	2,3	25,4	57	6,8	1,2
Fam. 10	296	1,48	98	89	48,2	46	2,9	23,1	56	6,5	1,7
Fam. 102	244	1,22	89	94	51,3	42	2,8	26,0	56	6,8	2,8
BR-IRGA 410	1037	5,18	85	71	32,3	71	3,1	25,6	57	6,7	1,4
IRGA 418	920	4,60	78	68	22,8	68	1,2	24,8	62	6,7	1,0
IRGA 420	1074	5,37	75	57	31,7	57	2,6	24,8	54	6,7	1,1
INIA TACUARI	1185	5,92	81	91	17,5	91	1,1	21,1	60	6,8	1,1
Média famílias	614	3,07	85	85	38,8	54	2,2	25,6	56	6,7	2,2
Média test.	1054	5,27	80	72	26,1	72	2,0	24,1	58	6,7	1,2
Média geral	627	3,13	85	84	38,4	54	2,2	25,6	56	6,7	2,2
Amplitude¹	244-1289	1,22-6,45	67-103	72-99	21,2-73,0	32-80	0,8-4,8	22,5-29,2	43-63	5,6-7,8	0,3-3,8

¹ Amplitude de variação das médias ajustadas das famílias $S_{0,2}$.

APÊNDICE 2. Resumo das análises de variância individuais para o caráter rendimento de grãos (g parcela¹) dos ensaios realizados em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar, RS, estação de crescimento 1999/2000. UFRGS, 2002.

Fontes de Variação	GL	Cachoeirinha		Santa Vitória do Palmar	
		SQ	QM	SQ	QM
Repetições	2	1.014.205	507.103**	1.563.561	781.780**
Blocos/repetições	33	710.033	21.516 ^{ns}	487.898	14.785**
Tratamentos	143	23.911.091	167.210**	13.204.124	92.337**
- Famílias	139	21.591.254	155.333**	13.486.386	97.024**
Erro efetivo	253	4.648.120	18.372	1.649.638	6.520
Total	431	33.638.810		18.753.813	
C. V. (%)			15,3		21,8

** = significativo a 1 % pelo teste de F; ns = não significativo.

APÊNDICE 3. Temperaturas máximas e mínimas do ar ocorridas nos meses de fevereiro e março de 2000 em Cachoeirinha e em Santa Vitória do Palmar, RS. UFRGS, 2002.

DIA	Cachoeirinha				Santa Vitória do Palmar			
	FEV/200		MAR/2000		FEV/2000		MAR/2000	
	Temp. máx. °C	Temp. mín. °C	Temp. máx. °C	Temp. mín. °C	Temp. máx. °C	Temp. mín. °C	Temp. máx. °C	Temp. mín. °C
1	28,2	19,6	25,7	18,7	26,0	19,6	25,2	17,1
2	30,8	20,0	33,8	21,0	26,8	19,2	27,6	18,8
3	29,3	18,0	32,7	20,0	25,2	20,4	26,9	19,8
4	29,0	19,5	27,7	20,2	25,2	15,5	29,7	19,5
5	31,4	16,5	32,6	19,2	27,3	14,8	27,8	19,8
6	33,3	18,0	25,4	20,9	27,5	16,8	26,1	19,8
7	31,8	17,7	27,8	18,3	27,6	18,7	25,0	16,0
8	33,0	17,4	27,0	13,7	27,8	17,4	26,0	15,7
9	34,8	18,0	27,2	13,6	25,8	20,7	25,7	18,0
10	33,7	20,0	30,0	14,0	29,0	18,2	25,3	15,6
11	35,8	18,8	28,8	14,7	32,1	19,7	25,0	15,7
12	36,6	18,7	27,6	13,6	30,9	21,7	25,9	14,8
13	31,6	19,6	28,7	15,3	24,4	20,6	26,3	16,7
14	26,6	22,6	31,2	15,4	24,0	17,9	27,2	15,3
15	24,0	18,3	32,5	18,7	24,5	18,0	28,9	15,4
16	28,4	15,8	33,0	16,6	24,4	17,2	29,4	20,7
17	28,7	14,8	30,7	19,6	25,8	17,7	24,6	17,7
18	30,2	15,0	27,6	14,4	27,2	18,1	24,0	12,6
19	29,2	15,4	27,7	10,4	27,5	17,6	26,0	12,6
20	30,6	16,4	29,3	12,0	27,9	17,7	26,9	16,5
21	31,1	15,7	28,8	12,5	28,2	17,8	21,3	18,0
22	31,7	18,3	28,3	18,6	27,8	16,2	24,0	11,7
23	31,6	18,2	32,8	20,5	27,7	15,1	27,0	16,4
24	33,4	18,1	26,8	18,2	28,2	16,1	25,8	16,9
25	33,7	19,3	27,4	12,6	28,4	17,9	25,0	12,0
26	31,2	19,4	30,8	11,9	28,6	20,8	25,2	15,7
27	36,0	21,1	26,6	18,0	24,9	21,8	23,1	15,5
28	29,3	22,4	23,7	15,4	27,0	17,8	21,5	10,4
29	24,8	19,1	24,6	9,5	24,8	13,9	21,5	6,9
30			28,8	15,2			22,9	8,4
31			25,5	17,6			24,5	17,5
Média	31,0	18,3	28,7	16,1	27,0	18,1	25,5	15,7
Máxima	36,6	22,6	33,8	21,0	32,1	21,8	29,7	20,7
Mínima	24,0	14,8	23,7	9,5	24,0	13,9	21,3	6,9

APÊNDICE 4. Genótipos observados em 22 locos de microssatélites nos 25 genitores da população CNA 11. UFRGS, 2002.

GENÓTIPOS	Locos de microssatélites ¹																					
	RM55	RM81	RM202	RM206	RM207	RM210	RM212	RM219	RM220	RM222	RM223	RM225	RM232	RM233	RM234	RM235	RM239	RM241	RM242	RM247	RM249	RM261
1.BR-IRGA409 (I)	230	114/129	186	178	136	163	147	210	129	207	163	148	154	149/173	165	144	156	134	210	142	129	134
2.BG-90-2 (I)	230	114/129	167	178	136	163	147	218	129	215	163	145	N	149/157	165	144	155	134	210	142	129	141
3.CICA 8 (I)	230	120/129	186	148	152	163	147	218	129	215	163	148	164	149/173	165	144	158	137	210	142	131	134
4.CNA-3887 (I)	230	129	186	151	152	163	147	192	129	200/215	163	148	164	149/173	165	144	158	134	210	142	131	134
5.CNA-3815 (I)	230	120	186	178	152	163	119	218	109	215	163	148	168	149/173	165	144	158	144	206	142	129	141
6.UPR-103.18.1.2 (I)	239	129	186	178	136	163	147	218	129	200/215	163	148	164	149/157	165	119/148	154	134	206	142	129	134
7.CL-SEL-694-1 (I)	239	114/124/ 129	186	178	118	163	147	218	129	200	163	135	164	149/157	165	150	158	144	206	172	129	134
8.JAVAÉ (I)	230	120/124	186	151	136	163	119	203	129	200/215	163	122	154	149/155	165	144	156	134	206	142	131	134
9.CNA-6860 (I)	230	120/124	188	178	152	163	119	192	129	200/215/ 233	163	148	164	149/157	147	144	156	137	206	172	131	134
10.IRI-342 (I)	n. d.	124/129	186	178	136	153	147	196	129	215	163	148	154	149/157	165	95	155	137	210	144	127	134
11.CNA-3848 (I)	230	124/129	186	161	136	163	147	218	129	200/215	163	148	164	149/173	165	138	156	146	210	142	127	136
12.IR-36(msms) (I)	230	120/129	188	161	136	161	147	218	129	200/215	172	145	164	149/173	167	138	156	137	210	138	127	136
13.NANICÃO (I)	218	120/124	186	178	136	166	122	218	129	207	162	148	146	149/173	165	144	156	137	210	147	129	134
14.ELONI (I)	230	120/129	188	137	118	163	147	218	114/129	200	163	135/144	165	149/157	165	132	156	146	198	172	129	131
15.BLUEBELLE (J)	236	114	164	200	124	147	124	189	109	200	154	145	165	150	147	95	155	134	198	172	124	132
16.CL-SEL-251 (J)	236	114	164	178	124	147	124	192	109	200	154	144	165	150	147	102	155	134	198	172	124	132
17.KATY (J)	236	114	164	147	118	147	124	203	109	200	154	148	165	153	147	119	155	134	198	142	124	132
18.TACUARI (J)	236	114	167	161	118	161	124	192	109	200	154	144	165	150/153	147	102	155	144	200	172	131	132
19.CL-44-CA2-16 (J)	236	114	164	147	118	153	124	192	109	200	154	144	165	150	147	105	156	137	200	172	124	132
20.CYPRESS (J)	230	120	164	144	124	147	124	189	109	200	154	144	164	150/153	147	95	156	134	200	158	131	132
21.L202 (J)	230	120	164	144	118	169	124	192	109	200	154	144	164	150/153	147	95	156	137	200	162	131	132
22.COLÔMBIA 1 (J)	236	120	167	144	136	159	124	189	109	225	156	135	165	155	147	102	156	144	200	172	124	132
23.FORMOSA (J)	239	120	178	178	124	161	124	197	136	218	156	135	144	150/153	143	102	154	134	200	162	149	132
24.CL-SEL-TY12 (J)	239	120	178	178	118	161	124	197	136	200/215/ 233	156	148	161	150/153	167	102	154	134	200	162	134	132
25.CNA-7 (J)	239	114	178	178	118	163	124	192	129	215	163	148	164	150/153	152	95	156	134	200	162	124	132

¹ A denominação de cada alelo representa o seu tamanho em pares de bases. Os genótipos com um único alelo por loco são homocigotos, exceto nos locos RM81 e RM233 que amplificam fragmentos de DNA em dois cromossomos. n. d. = não determinado.

9. VITA

Sérgio Iraçu Gindri Lopes, filho de Izidoro Fernandes Lopes e Anadir Gindri Lopes, nasceu em 18 de novembro de 1961, em São Francisco de Assis, Rio Grande do Sul.

Completo o ensino de primeiro e segundo graus no Colégio Estadual Senador Salgado Filho, na habilitação de Técnico em Agropecuária, em São Francisco de Assis.

Em agosto de 1979 ingressou na Faculdade de Agronomia da Universidade Federal de Santa Maria, graduando-se como Engenheiro Agrônomo em dezembro de 1983.

No ano de 1984 foi aprovado no concurso realizado pelo Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA), onde trabalhou nas atividades de assistência técnica e pesquisa agrícola, nos Perímetros Irrigados da região do Baixo São Francisco, nos Estados de Alagoas e Sergipe, através do convênio IRGA / CODEVASF. Em agosto de 1988 retornou ao RS onde foi lotado na Equipe de Solos e Águas da Estação Experimental do Arroz, em Cachoeirinha, em atividades ligadas à pesquisa de fertilidade de solo e nutrição de plantas.

Em março 1989 ingressou no curso de Mestrado em Ciência do Solo na Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul de Porto Alegre, recebendo o título de Mestre em Ciência do Solo em agosto de 1991. Desta data até outubro de 1996 continuou as atividades de pesquisa na Equipe de Solos e Águas.

A partir de outubro de 1996 incorporou-se à Equipe de Melhoramento Genético de Arroz, onde desenvolveu atividades de pesquisa até ingressar no curso de Doutorado na Faculdade de Agronomia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, em março de 1999.