

# Variabilidade genética durante quatro ciclos de seleção recorrente em arroz

Odilon Peixoto de Moraes Júnior<sup>(1)</sup>, Patrícia Guimarães Santos Melo<sup>(1)</sup>,  
Orlando Peixoto de Moraes<sup>(2)</sup> e José Manoel Colombari Filho<sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup>Universidade Federal de Goiás, Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, Campus Samambaia, Avenida Esperança s/n, CEP 74690-900 Goiânia, GO, Brasil. E-mail: odilonpmorais@gmail.com, pgsantos@gmail.com <sup>(2)</sup>Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, Km 12, Caixa Postal 179, CEP 75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil. E-mail: orlando.morais@embrapa.br, jose.colombari@embrapa.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos entre progênies da população CNA6 de arroz (*Oryza sativa*) de terras altas para os caracteres produtividade de grãos e altura de plantas, em quatro ciclos de seleção recorrente, para análise da variabilidade genética e da interação genótipo × local. Os dados experimentais foram obtidos de ensaios de rendimentos de progênies  $S_{0,2}$ , conduzidos em delineamento experimental de blocos aumentados de Federer, sem repetição para progênies por local. O efeito de progênies  $S_{0,2}$  foi significativo em todos os ciclos para produtividade de grãos e nos três primeiros ciclos para altura de plantas, o que é indicativo da manutenção do potencial genético da população em gerar progênies transgressivas. A participação do componente da interação progênie × local na variância fenotípica foi de alta magnitude. A variabilidade genética da população CNA6 de arroz de terras altas quanto à produtividade de grãos e à altura de plantas é mantida durante os quatro ciclos de seleção recorrente.

Termos para indexação: *Oryza sativa*, componentes de variância, genética quantitativa, interação genótipo × ambiente, melhoramento populacional.

## Genetic variability during four cycles of recurrent selection in rice

Abstract – The objective of this work was to estimate genetic and phenotypic parameters among progenies of the CNA6 population of upland rice (*Oryza sativa*) for grain yield and plant height in four cycles of recurrent selection, in order to evaluate the genetic variability and the genotype × location interaction. The experimental data were obtained from yield trials of  $S_{0,2}$  progenies, which were carried out in the experimental design of Federer's augmented blocks, without replications for progenies within each location. The effect of  $S_{0,2}$  progenies was significant in all cycles for grain yield and in the first three cycles for plant height, indicating the maintenance of the population's genetic potential to generate transgressive progenies. The participation of the component of the progeny × location interaction in phenotypic variance was of high magnitude. The genetic variability of the CNA6 population of upland rice is maintained for grain yield and plant height during the four cycles of recurrent selection.

Index terms: *Oryza sativa*, variance components, quantitative genetics, genotype × environment interaction, population improvement.

## Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o principal componente da dieta básica da população mundial; portanto, é de extrema importância dentro do conceito de segurança alimentar. No Brasil, o principal produtor desse cereal entre os países ocidentais (FAO, 2013), os programas de melhoramento genético têm sido direcionados para incrementar o potencial produtivo por meio do desenvolvimento de genótipos superiores, como cultivares (Breseghello et al., 2011; Colombari Filho et al., 2013). Contudo, para alcançar os ganhos genéticos desejados, é necessário escolher corretamente as

estratégias para manipulação da variabilidade genética disponível e os métodos de melhoramento a serem empregados (Châtel et al., 2008).

Entre os métodos de melhoramento, a seleção recorrente destaca-se pela eficiência no aumento da frequência dos alelos favoráveis de uma população por meio da recombinação dos genótipos superiores. Desde o final da década de 1980, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) tem utilizado esse método em seu programa de melhoramento de arroz (Martínez et al., 2014). Em espécies autógamas, a maior parte dos programas de melhoramento desenvolve linhagens endogâmicas (cultivares) a partir de

populações biparentais, de modo que a autofecundação a partir de F2 permita uma recombinação limitada; assim, algumas combinações gênicas favoráveis acabam se mantendo em frequência muito baixa, o que impossibilita a sua seleção (Ramalho et al., 2012). No entanto, a seleção recorrente apresenta a importante vantagem de produzir os maiores aumentos da frequência das combinações gênicas favoráveis logo nas primeiras recombinações dos genótipos superiores de uma população, a qual geralmente também apresenta maior base genética, por ser obtida preferencialmente de cruzamentos entre múltiplos genitores. Além disso, a recombinação contínua, presente na seleção recorrente, promove a ruptura de blocos gênicos e incrementa tanto a frequência de algumas combinações gênicas favoráveis quanto a variabilidade genética disponível (Hallauer et al., 2010). Dessa forma, a seleção recorrente é um método dinâmico, que, em cada ciclo, produz genótipos superiores e que facilita a incorporação de germoplasma exótico ao programa de melhoramento. Porém, cabe ressaltar que, para esse método, pode haver limite imposto pelo esgotamento da variabilidade genética disponível na população (Geraldí, 1997), o que torna necessário avaliar a variabilidade disponível em populações de seleção recorrente, no decorrer dos ciclos de seleção.

A estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos é uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa, pois auxilia a tomada de decisão a respeito das estratégias seletivas empregadas e possibilita a predição de ganhos genéticos para futuros ciclos de seleção e a avaliação da viabilidade do programa de melhoramento genético (Hallauer et al., 2010; Ramalho et al., 2012). Apesar de existirem muitos trabalhos relacionados à estimativa de parâmetros genéticos em populações de espécies autógamas, como em arroz (Bueno et al., 2012; Colombari Filho et al., 2013; Ahmad et al., 2015; Tuhina-Khatun et al., 2015), Falconer & Machay (1996) relataram que os resultados são válidos apenas para a população cujo material experimental constitui algum tipo de amostra e para as condições ambientais em que o estudo foi realizado. Por isso, o estudo contínuo das estimativas de componentes de variância de populações é fundamental para orientar o melhoramento na seleção recorrente, em que diferentes fatores podem influenciar a magnitude da variabilidade genética durante os ciclos de seleção, como, por exemplo, o tamanho da amostra para

recombinação, que, por sua vez, depende do tamanho efetivo da unidade de recombinação (Bernardo, 2010).

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos entre progênies da população CNA6 de arroz de terras altas para os caracteres produtividade de grãos e altura de plantas, em quatro ciclos de seleção recorrente, para análise da variabilidade genética e da interação genótipo  $\times$  local.

## Material e Métodos

O material genético utilizado foi composto por progênies  $S_{0,2}$  da população de seleção recorrente de arroz de terras altas, denominada CNA6, desenvolvida pela Embrapa. Essa população foi obtida no ano agrícola 1993/1994, pela incorporação, na população CNA-IRAT 5/2/1, de alelos provenientes de 27 genitores. Informações mais detalhadas sobre a composição e o desenvolvimento da população CNA6 são apresentadas por Morais Júnior et al. (2015).

Foram utilizados, no presente estudo, dados dos caracteres produtividade de grãos (PG, em  $\text{kg ha}^{-1}$ ) e altura de plantas (AP, em cm), coletados nos ensaios de rendimento de progênies  $S_{0,2}$  conduzidos nos anos agrícolas 2000/2001, 2003/2004, 2006/2007 e 2009/2010, correspondentes aos ciclos 3, 4, 5 e 6, respectivamente. Em cada ciclo, os ensaios foram conduzidos em diferentes locais e compostos por progênies  $S_{0,2}$  do respectivo ciclo com pelo menos três testemunhas (Tabela 1).

O delineamento experimental adotado foi de blocos aumentados de Federer, sem repetição para progênies dentro do mesmo local. As parcelas foram constituídas por quatro linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,30 m e densidade de 60 sementes por metro, com semeadura manual ou por máquina. Para a avaliação do caráter PG, foram colhidas as duas linhas centrais com descarte da bordadura de 0,5 m inicial e final de cada linha; em seguida, os grãos foram pesados após secagem, com correção dos valores para 13% de umidade. Para o caráter AP, foi obtida a média de três leituras da distância entre a base da planta até a extremidade da panícula, na maturidade completa. Os ensaios de rendimento de progênies  $S_{0,2}$  foram conduzidos de acordo com as recomendações técnicas para a cultura, mas sem controle químico de doenças, para seleção de progênies  $S_{0,2}$  com resistência genética.

Foram realizadas análises de variância conjuntas que incluíram locais dentro de cada ciclo, conforme o modelo linear:  $y_{ijkm} = \mu + l_k + b_{j/k} + t_m + g_{i/m} + t_{lmk} + g_{lik} + \varepsilon_{ijkm}$ , em que  $y_{ijkm}$  é a observação do genótipo  $i$ , no bloco  $j$ , no local  $k$ , pertencente ao tipo  $m$ ;  $\mu$  é a constante inerente a todas as observações;  $l_k$  é o efeito fixo de local  $k$  ( $k=1, 2, \dots, K$ );  $b_{j/k}$  é o efeito fixo de bloco  $j$  ( $j=1, 2, \dots, J$ ), dentro do local  $k$ ;  $t_m$  é o efeito fixo de tipo  $m$  ( $M=2$ , com um grupo de progênies e outro de testemunhas);  $g_{i/m}$  é o efeito do genótipo  $i$  (progênies de efeito aleatório e testemunhas de efeito fixo) dentro do tipo  $m$  ( $i=1, 2, \dots, P, P+1, P+2, \dots, P+C$ , em que  $P$  é o número de progênies e  $C$  é o número de testemunhas), tendo-se considerado  $g_{i/m} \sim \text{NID}(0, \sigma_g^2)$ ;  $t_{lmk}$  é o efeito fixo da interação entre tipo  $m$  e local  $k$ ;  $g_{lik}$  é o efeito aleatório da interação entre o genótipo  $i$  e o local  $k$ , tendo-se considerado  $g_{lik} \sim \text{NID}(0, \sigma_{gl}^2)$ ; e  $\varepsilon_{ijkm}$  é o erro experimental médio associado à  $ijkm$ -ésima parcela, considerado como independente e identicamente distribuído, sob  $\text{NID}(0, \sigma^2)$ .

Com base na esperança matemática dos quadrados médios com inclusão de todos os locais por ciclo, foram estimados os seguintes componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos, com as expressões: variância do erro entre parcelas ( $\sigma^2$ ),

$\sigma^2 = \text{QM}_E$ ; variância da interação progênie  $\times$  local ( $\sigma_{pl}^2$ ),  $\hat{\sigma}_{pl}^2 = (\text{QM}_{PL} - \text{QM}_E) / k_1$ ; variância genética entre progênies  $S_{0.2}(\sigma_p^2)$ ,  $\hat{\sigma}_p^2 = (\text{QM}_P - \text{QM}_E) / k_2$ ; variância fenotípica entre médias de progênies  $S_{0.2}(\sigma_F^2)$ ,  $\hat{\sigma}_F^2 = \text{QM}_P / k_2$ ; e coeficiente de herdabilidade, no sentido amplo, entre médias de progênies  $S_{0.2}(h_p^2)$ ,  $\hat{h}_p^2 = (\hat{\sigma}_p^2 / \hat{\sigma}_F^2) 100$ . Nestas expressões,  $\text{QM}_P$  é o quadrado médio de progênies  $S_{0.2}$ ;  $\text{QM}_{PL}$  é o quadrado médio da interação entre progênie e local; e  $k_1$  e  $k_2$  são os valores dos coeficientes associados à estimativa do componente de variância nas expressões  $E(\text{QM}_{PL}) = \sigma^2 + k_1 \sigma_{pl}^2$  e  $E(\text{QM}_P) = \sigma^2 + k_2 \sigma_p^2$ , resultantes do desbalanceamento do conjunto dos dados experimentais.

Para as estimativas desses parâmetros, foram obtidos os intervalos de confiança (IC) para  $(1-\alpha)=95\%$  de probabilidade, como sugerido por Burdick & Graybill (1992), uma vez que o tamanho da amostra afeta diretamente a precisão das estimativas (Souza Júnior, 1989).

Também foram obtidas estimativas dos parâmetros coeficientes de variação experimental e genético, em percentagem, e do índice de variação  $b$ , de acordo com Vencovsky (1987). Foi estimada, para cada ciclo, a acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ), pela expressão  $\hat{r}_{gg} = (1 - 1/F)^{1/2}$ , em que  $F$  é o valor da razão de variâncias associada à análise de variância conjunta (Resende & Duarte, 2007). Para cada par de locais por ciclo, foi estimado o coeficiente de correlação de Pearson, empregado como correlação fenotípica entre médias de genótipos ( $\hat{r}_F$ ), que incluem progênies  $S_{0.2}$  e testemunhas. Para a verificação da significância das correlações, foi utilizado o teste  $t$ , associado a  $(n - 2)$  graus de liberdade. Todas as análises estatísticas foram realizadas com uso do programa SAS (SAS Institute Inc., Cary, NC, EUA), via procedimentos GLM, Varcomp e IML.

## Resultados e Discussão

Por meio da análise de variância para os caracteres produtividade de grãos (PG) e altura de plantas (AP), foi verificada precisão experimental satisfatória nos quatro ciclos de seleção recorrente, em razão das baixas magnitudes do coeficiente de variação experimental ( $\text{CV}_e$ ), equiparáveis às encontradas para a cultura do arroz de terras altas por Costa et al. (2002) e Bueno et al. (2012). Maiores estimativas de  $\text{CV}_e$  foram obtidas para PG, o que era esperado, já que este caráter é o

**Tabela 1.** Locais, cultivares utilizadas como testemunhas e número de progênies em cada ciclo (3, 4, 5 e 6) de seleção, nos ensaios de rendimento de progênies  $S_{0.2}$  da população CNA6 de arroz (*Oryza sativa*) de terras altas.

Descrição	Número de progênies			
	3	4	5	6
<b>Local (coordenadas geográficas)</b>				
Santo Antônio de Goiás, GO (16°40'S, 49°15'W)	1	1	1	1
Primavera do Leste, MT (5°33'S, 54°17'W)	1			
Sinop, MT (11°52'S, 55°29'W)		1		1
Vilhena, RO (12°44'S, 60°08'W)	1			
Teresina, PI (05°05'S, 42°48'W)			1	
Paragominas, PA (02°59'S, 47°21'W)				1
<b>Testemunha</b>				
BRS Primavera	1	1	1	1
Guarani	1	1	1	
Carajás	1	1	1	
BRS Bonança		1	1	1
BRSMG Curinga				1
BRS Sertaneja				1
Progênies $S_{0.2}$	220	92	114	61

de herança quantitativa mais complexa e é muito influenciado pelo ambiente (Tabela 2).

Foram identificadas diferenças para o efeito de progênes nos ciclos 3, 5 e 6 para PG (Tabela 2). A existência de contrastes significativos e de altas amplitudes entre as médias das progênes  $S_{0.2}$ , 10% superiores ( $\bar{P}_s$ ) e 10% inferiores ( $\bar{P}_i$ ), em todos os ciclos, é um indicativo da presença de favorável variabilidade genética na população. As médias das  $\bar{P}_s$  situaram-se acima das médias das testemunhas nos ciclos 3, 5 e 6, o que destaca o potencial da população em gerar transgressivos para PG. Como a PG está correlacionada com vários outros caracteres e não houve controle químico de doenças nos ensaios, possivelmente, uma das razões da superioridade das médias das  $\bar{P}_s$  é a maior resistência genética média das progênes  $S_{0.2}$  a doenças, principalmente a brusone (*Magnaporthe grisea*), responsável pelas maiores perdas de produtividade em arroz (Wang & Valent, 2009).

Para o caráter altura da planta (AP), foram verificadas diferenças quanto ao efeito de progênes em todos os ciclos, o que evidencia a existência de contrastes significativos entre médias de progênes. As amplitudes entre as médias das  $\bar{P}_s$  e das  $\bar{P}_i$  foram uniformes, tendo-se considerado o primeiro e último ciclo para AP (Tabela 2). Assim como para o caráter PG, infere-se que a variabilidade genética para AP também foi mantida na população ao longo dos ciclos de seleção recorrente.

O efeito de interação progênie  $\times$  local (P $\times$ L) não foi significativo apenas no ciclo 4, para ambos os caracteres (Tabela 2). O efeito da interação P $\times$ L pode interferir na seleção de progênes superiores de ampla adaptabilidade, caso a interação seja do tipo complexa, o que é indicativo de inconsistência na superioridade de genótipos entre ambientes (Vencovsky & Barriga, 1992). Para os dois caracteres avaliados, o efeito da interação testemunha  $\times$  local (T $\times$ L) foi mais pronunciado que o da interação P $\times$ L sobre o comportamento na interação com o ambiente – possivelmente em decorrência da natureza genética (grau de endogamia) dos genótipos (progênes ou linhagens). Segundo Cockerham (1963), isso ocorre porque a variância genotípica dentro de progênes  $S_{0.2}$  – a qual equivaleria à geração  $F_{2.4}$  para a frequência alélica de 0,5 – aproxima-se de 3/4 da variância aditiva e 3/8 da variância de dominância. Entretanto,

a variância genética dentro de linhagens endogâmicas, correspondente às testemunhas, é igual a zero.

Para ambos os caracteres, os intervalos de confiança (IC) associados às estimativas de variância genotípica entre progênes  $S_{0.2}$  ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) foram consistentes, pois as estimativas diferiram estatisticamente de zero ( $\leq 0,05$ ), o que indica boa precisão (Tabela 3). Amostras maiores possibilitam a obtenção de estimativas mais precisas (Souza Júnior, 1989). Porém, no presente trabalho, as estimativas do IC não foram significativamente influenciadas pelo tamanho amostral, mesmo nos ciclos 4 e 6, nos quais foi avaliado um menor número de progênes  $S_{0.2}$  (Tabela 1). Desse modo, pode-se inferir que a variância genotípica entre progênes  $S_{0.2}$  foi mantida durante os ciclos de seleção para PG e AP. Esses resultados são indicativos da não ocorrência de deriva genética decorrente das amostragens de genótipos superiores selecionados para recombinação em cada ciclo; ou, caso a deriva genética tenha ocorrido, possivelmente, a variância genotípica entre progênes  $S_{0.2}$  foi mantida em razão da ruptura de blocos gênicos pelas recombinações realizadas em cada novo ciclo (Bearzoti & Vencovsky, 2002).

Os ICs associados às estimativas da interação P  $\times$  L ( $\hat{\sigma}_{pl}^2$ ) para os caracteres PG e AP, assim como aqueles relacionados às  $\hat{\sigma}_p^2$ , foram consistentes ao longo dos ciclos, exceto no ciclo 4 (Tabela 3), em que a  $\hat{\sigma}_{pl}^2$  apresentou IC negativo para o caráter PG, sendo considerada igual a zero. Para o caráter AP, apesar de a estimativa  $\hat{\sigma}_{pl}^2$  não ter tido IC negativo, este apresentou alta amplitude. A inconsistência dos ICs para essas estimativas no ciclo 4 foi atribuída à ausência de efeito significativo e ao número baixo de graus de liberdade relativos à interação P $\times$ L. De maneira geral, houve boa precisão das estimativas, com amplitudes aproximadamente uniformes dos ICs ao longo dos quatro ciclos de seleção recorrente. As altas  $\hat{\sigma}_{pl}^2$  detectadas e a significância para o efeito da interação P $\times$ L (Tabelas 2 e 3) são um indicativo do comportamento divergente das progênes  $S_{0.2}$  entre os locais, para ambos os caracteres.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade, no sentido amplo, entre as médias de progênes  $S_{0.2}$  ( $\hat{h}_p^2$ ), foram precisas ao longo dos ciclos de seleção, com base em seus pequenos ICs para os caracteres PG e AP. A exceção foi o ciclo 4 para PG, em que a  $\hat{h}_p^2$  não diferiu estatisticamente de zero ( $\alpha=0,05$ ) em razão

da forte influência da variância residual ( $\hat{\sigma}^2$ ) (Tabelas 2 e 3). A magnitude das  $\hat{h}_p^2$  obtidas neste estudo para ambos os caracteres (Tabela 3), é equiparável às estimativas de outros trabalhos com a cultura do arroz

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância conjunta em cada ciclo de seleção recorrente, com seus respectivos coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ), média geral, média das progênies  $S_{0,2}$ , média das progênies  $S_{0,2}$  10% superiores e 10% inferiores, e média das testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos e altura de plantas da população CNA6 de arroz (*Oryza sativa*) de terras alta.

Fonte de variação	Ciclo 3		Ciclo 4		Ciclo 5		Ciclo 6	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Produtividade de grãos (kg ha <sup>-1</sup> )								
Local (L)	2	10.011.354,4**	1	4.017.605,4**	1	354.071,7 <sup>ns</sup>	2	24.938.004,7**
Bloco/L	30	480.891,3**	8	426.148,2 <sup>ns</sup>	18	650.498,1**	9	248.618,1 <sup>ns</sup>
Tipo (T)	1	10.533.850,6**	1	24.418.580,5**	1	13.005.201,4**	1	4.729.564,4**
Genótipo (G)/T	221	709.667,6**	94	287.463,6 <sup>ns</sup>	116	733.422,1**	63	1.116.792,1**
Progênie (P)	219	644.997,8**	91	271.409,5 <sup>ns</sup>	113	548.931,8**	60	972.145,4**
Testemunha (C)	2	7.827.404,5**	3	774.436,8*	3	7.715.082,4**	3	4.165.054,0**
G × L	442	453.200,0**	94	158.254,0 <sup>ns</sup>	116	438.116,0**	126	700.709,7**
P × L	438	409.058,1**	91	158.874,6 <sup>ns</sup>	113	416.725,6*	120	536.580,3**
C × L	4	5.418.924,3**	3	139.430,2 <sup>ns</sup>	3	1.485.685,7**	6	3.966.764,9**
T × L	2	23.729.177,8**	1	1.326.908,9*	1	554.082,2 <sup>ns</sup>	2	77.579,6 <sup>ns</sup>
Erro	59	228.134,0	24	186.537,8	52	233.364,1	25	166.322,2
$CV_e$		18,26		18,57		13,97		12,42
Média geral		2.615		2.326		3.459		3.285
Média das progênies $S_{0,2}$ 10% superiores		3.493		2.892		4.310		4.220
Média das progênies $S_{0,2}$		2.567		2.174		3.309		3.218
Média das progênies $S_{0,2}$ 10% inferiores		1.705		1.538		2.121		2.042
Média das testemunhas		2.919		3.036		3.794		3.582
Altura de plantas (cm)								
Local (L)	2	19.235,4**	1	1.799,9**	1	4.783,8**	2	20.378,7**
Bloco/L	30	34,2 <sup>ns</sup>	8	53,3 <sup>ns</sup>	18	109,5**	9	54,2 <sup>ns</sup>
Tipo (T)	1	1.455,1**	1	227,9*	1	372,4**	1	734,7**
Genótipos (G)/T	221	85,3**	94	97,0**	116	136,3**	63	102,1**
Progênies (P)	219	77,0**	91	75,0*	113	109,9**	60	89,9**
Testemunhas (C)	2	992,0**	3	765,2**	3	1.127,5**	3	346,3**
G × L	442	42,6**	94	43,5 <sup>ns</sup>	116	94,7**	126	68,9**
P × L	438	42,1**	91	40,1 <sup>ns</sup>	113	65,7*	120	70,2**
C × L	4	98,2**	3	146,3*	3	1.184,0**	6	38,3 <sup>ns</sup>
T × L	2	1.038,1**	1	444,1**	1	9,9 <sup>ns</sup>	2	939,3**
Erro	59	22,7	24	32,7	52	42,9	25	24,6
$CV_e$		4,85		5,16		5,52		4,95
Média geral		98,1		110,7		118,5		102,3
Média das progênies $S_{0,2}$ 10% superiores		108,4		122,3		132,6		113,4
Média das progênies $S_{0,2}$		98,7		111,3		119,4		103,3
Média das progênies $S_{0,2}$ 10% inferiores		88,1		99,4		103,8		93,1
Média das testemunhas		94,5		108,7		116,7		98,8

\* e \*\*Significativo, pelo teste t, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente. <sup>ns</sup>Não significativo.

de terras altas (Colombari Filho et al., 2013; Ahmad et al., 2015; Tuhina-Khatun et al., 2015).

**Tabela 3.** Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade de grãos e altura de plantas da população CNA6 de arroz (*Oryza sativa*) de terras alta, em quatro ciclos de seleção, com seus respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança<sup>(1)</sup>.

Parâmetro	Ciclo 3	Ciclo 4	Ciclo 5	Ciclo 6
Produtividade de grãos (kg ha <sup>-1</sup> )				
LS	214.592,2	667.578,3	338.369,6	494.311,3
$\hat{\sigma}_p^2$	144.709,2	45.185,4	173.770,8	293.592,5
LI	105.540,2	15.410,1	111.736,7	198.769,5
LS	371.881,5	-29.991.760,9	528.258,6	669.016,8
$\hat{\sigma}_{pl}^2$	188.423,3	-29.454,0 <sup>(2)</sup>	201.806,6	404.697,9
LI	120.034,6	-5.862,8	106.967,9	272.283,6
LS	339.366,5	361.007,4	355.652,8	316.931,7
$\hat{\sigma}^2$	228.134,0	186.537,8	233.364,1	166.322,2
LI	163.910,5	113.730,8	164.906,5	102.298,1
LS	77,08	66,19	73,83	91,66
$\hat{h}_p^2$	64,63	31,27	57,49	82,89
LI	48,00	-23,60	33,61	68,03
CV <sub>g</sub>	14,82	9,78	12,59	16,84
b	0,81	0,53	0,90	1,36
$\hat{r}_{gg}$	0,80	0,56	0,76	0,91
Altura de plantas (cm)				
LS	26,44	55,06	66,23	46,21
$\hat{\sigma}_p^2$	18,86	22,55	36,86	23,81
LI	14,28	13,19	24,08	15,26
LS	37,18	8.022,90	104,32	90,53
$\hat{\sigma}_{pl}^2$	20,21	7,88	25,05	49,83
LI	13,05	1,57	11,01	32,92
LS	33,74	63,23	65,69	46,86
$\hat{\sigma}^2$	22,68	32,67	42,91	24,59
LI	16,29	19,92	30,23	15,12
LS	80,92	78,58	76,05	86,66
$\hat{h}_p^2$	70,55	56,45	60,94	72,66
LI	56,71	21,69	38,85	48,91
CV <sub>g</sub>	4,40	4,27	5,09	4,72
b	0,91	0,83	0,91	0,97
$\hat{r}_{gg}$	0,84	0,75	0,78	0,85

<sup>(1)</sup>  $\hat{\sigma}_p^2$ , variância genotípica entre progênies S<sub>0;2</sub>;  $\hat{\sigma}_{pl}^2$ , variância da interação genótipo × local;  $\hat{\sigma}^2$ , variância residual;  $\hat{h}_p^2$ , coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies S<sub>0;2</sub>; CV<sub>g</sub>, coeficiente de variação genético; b, índice de variação; e  $\hat{r}_{gg}$ , acurácia seletiva. Ciclo 3: k<sub>1</sub>=0,960, k<sub>2</sub>=2,881; Ciclo 4: k<sub>1</sub>=0,939, k<sub>2</sub>=1,878; Ciclo 5: k<sub>1</sub>=0,909; k<sub>2</sub>=1,817; Ciclo 6: k<sub>1</sub>=0,915, k<sub>2</sub>=2,745. <sup>(2)</sup> Estimativa negativa foi considerada igual a zero.

Deve-se ressaltar a importância do uso do parâmetro índice de variação b como forma de contornar a limitação imposta pelo CV<sub>g</sub> e auxiliar nas inferências realizadas com base no coeficiente de herdabilidade (Vencovsky & Barriga, 1992). Esse parâmetro quantifica a proporção da variância genotípica em relação à variância residual, sem o efeito da média, em que valores de b iguais ou superiores à unidade são indicativos de situação favorável à seleção (Vencovsky, 1987). Em relação ao caráter PG, a menor estimativa foi detectada no ciclo 4 (0,53), devido à elevada influência da variância residual ( $\hat{\sigma}^2$ ), como já descrito. O ciclo 6 apresentou-se como o mais favorável à seleção, em razão da estimativa de b ter sido superior à unidade (1,36), o que permite prever ganho genético significativo em PG para o próximo ciclo de seleção recorrente (Tabela 3). Quanto ao caráter AP, as estimativas de b, assim como as de  $\hat{h}_p^2$  e CV<sub>g</sub>, permaneceram aproximadamente constantes durante os ciclos de seleção, embora com menor estimativa para o ciclo 4 em decorrência do maior erro experimental ( $\hat{\sigma}^2$ ) e da presença de forte interação P×L. Desse modo, é possível concluir que a variabilidade genotípica disponível no último ciclo de seleção recorrente, para ambos os caracteres, representa a possibilidade de ganhos com seleção para os próximos ciclos.

Para várias espécies autógamas (Menezes Júnior et al., 2008; Breseghello et al., 2009; Niu et al., 2010; Benites & Pinto, 2011; Morais Júnior et al., 2015), a seleção recorrente tem apresentado bons resultados tanto para caracteres de alta como de baixa herdabilidade. Ganhos genéticos, em longo prazo, em seleção recorrente, são alcançados pelo contínuo aumento da frequência de alelos favoráveis na população, o que faz com que a média da população seja deslocada para o sentido desejado. Contudo, é muito importante que a variabilidade genética para os caracteres submetidos à seleção não seja reduzida para viabilizar a seleção. Em estudo de simulação, Bearzoti & Vencovsky (2002) detectaram ganhos genéticos em mais de 36 ciclos de seleção recorrente para um caráter de baixa herdabilidade (10%), com tamanho efetivo igual a 20, ou seja, 20 progênies (gerações S<sub>0;1</sub>, S<sub>0;2</sub> ou superiores) recombinadas em esquema de dialelo circulante. Esse resultado é indicativo da possibilidade de ganhos genéticos com seleção recorrente durante longo período, mesmo em populações com pequeno tamanho efetivo, provavelmente pelo fato de a seleção

recorrente promover a ruptura de blocos gênicos, o que aumenta tanto a frequência de algumas combinações gênicas favoráveis quanto a variabilidade genética disponível. No entanto, é preciso recombinar amostras de tamanho efetivo adequado, que considerem o parentesco genético entre as unidades de seleção, para assegurar a manutenção da variabilidade genética das populações de seleção recorrente. No caso de programas de seleção recorrente em arroz, com uso de macho-esterilidade e sementes  $S_{0.1}$  ( $N_e=1$ ) para recombinação, esse tamanho de amostra é igual a 50 progênies (Morais Júnior et al., 2015).

Resende & Duarte (2007) sugerem que os testes de progênies sejam abordados do ponto de vista genético e estatístico. Os autores ainda propõem o uso da estatística acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ) para informar sobre a eficácia da inferência acerca dos valores genotípicos dos genótipos avaliados e como medida do grau de precisão experimental. As estimativas de  $\hat{r}_{gg}$  para PG apresentaram valores situados nas classes moderada, no ciclo 4, e muito alta, no ciclo 6 (Tabela 3). Quanto à AP, os valores de  $\hat{r}_{gg}$  situaram-se na classe alta, para todos os ciclos. Observou-se que as estimativas de  $\hat{r}_{gg}$  apresentaram relação direta com as de  $\hat{h}_p^2$ ,  $CV_g$  e  $b$ ; a mesma justificativa se aplica à magnitude das estimativas dos quatro parâmetros. Resende & Duarte (2007) demonstraram que o parâmetro acurácia seletiva é mais adequado que o coeficiente de variação experimental para avaliação da precisão experimental em ensaios para teste de progênies, uma vez que estas estão associadas a maior variabilidade genotípica e a menor variância residual.

Altas magnitudes de quadrados médios da interação  $G \times L$  ( $QM_{GL}$ ) foram detectadas para todos os pares de locais, exceto para dois pares: Primavera do Leste, MT, e Vilhena, RO (ciclo 3); e Santo Antônio de Goiás, GO, e Sinop, MT (ciclo 4) (Tabela 4). Embora grande parte das estimativas de correlação fenotípica entre as médias de genótipos ( $\hat{r}_F$ ) tenha sido significativa, todas apresentaram baixas magnitudes, em consequência da falta de correlação entre o desempenho dos genótipos (progênies  $S_{0.2}$  e testemunhas) e os locais, tanto para PG como para AP, o que evidencia a forte participação da parte complexa da interação  $G \times L$ . Portanto, a interação  $G \times L$  do tipo complexa é outro fator que pode ter influenciado os componentes de variância e, possivelmente, os ganhos com seleção na população. A interação  $G \times L$  é considerada um dos principais

fatores limitantes da resposta à seleção e, em geral, da eficiência dos programas de melhoramento genético quando o objetivo é o desempenho médio dos genótipos, haja vista que, em arroz de terras altas, a minimização dos efeitos da interação  $G \times L$  é importante, já que se buscam linhagens de adaptação ampla e não específica a locais ou regiões (Colombari Filho et al., 2013).

As médias de progênies  $S_{0.2}$  para PG nos ciclos 5 e 6 foram maiores que as nos primeiros ciclos, o que indica possível progresso genético para o caráter (Tabela 2). Entretanto, para AP, os resultados não foram igualmente favoráveis, pois as médias de progênies  $S_{0.2}$  mantiveram-se aproximadamente constantes ao longo dos ciclos de seleção, o que, provavelmente, também não contribuiu para o aumento da tolerância média da população ao acamamento devido à menor frequência de plantas baixas. Possivelmente, isso decorreu da recombinação em campo com uso do gene de macho-esterilidade, pelo fato de as plantas macho férteis mais altas, provenientes da segregação existente dentro de progênies, serem favorecidas na dispersão dos grãos de pólen em relação às plantas macho férteis mais baixas, ao contrário da seleção praticada para redução da AP. Assim, quando se faz uso da macho-esterilidade genética, recomenda-se realizar a remoção de plantas mais altas (“roqing”) durante a recombinação da

**Tabela 4.** Estimativas do quadrado médio da interação genótipo  $\times$  par de locais ( $QM_{GL}$ ) e da correlação fenotípica de genótipos ( $\hat{r}_F$ ) entre par de locais ( $A_1$  e  $A_2$ ), para os caracteres produtividade de grãos e altura de plantas da população CNA6 de arroz (*Oryza sativa*) de terras alta, em cada ciclo de seleção recorrente.

Ciclo	Local <sup>(1)</sup>		Produtividade (kg ha <sup>-1</sup> )		Altura de planta (cm)	
	A <sub>1</sub>	A <sub>2</sub>	$QM_{GL}$	$\hat{r}_F$	$QM_{GL}$	$\hat{r}_F$
3	SAG	PRI	517.004,50**	0,08 <sup>ns</sup>	34,86 <sup>ns</sup>	0,25**
3	SAG	VIL	384.000,60*	0,05 <sup>ns</sup>	46,79**	0,15*
3	PRI	VIL	326.007,50 <sup>ns</sup>	0,22**	44,60*	0,23**
4	SAG	SIN	158.874,60 <sup>ns</sup>	0,21**	40,07 <sup>ns</sup>	0,26**
5	SAG	TER	416.725,60*	0,18**	65,66*	0,27**
6	SAG	SIN	677.458,48**	0,10 <sup>ns</sup>	83,75*	0,20 <sup>ns</sup>
6	SAG	PAR	394.141,83*	0,26**	40,32 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>
6	SIN	PAR	553.398,48**	0,17**	87,78**	-0,13*
Média				0,16		0,16

<sup>(1)</sup>SAG, Santo Antônio de Goiás, GO; PRI, Primavera do Leste, MT; VIL, Vilhena, RO; SIN, Sinop, MT; TER, Teresina, PI; e PAR, Paragominas, PA. Para  $QM_{GL}$ , \* e \*\*Significativo, pelo teste F, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; e, para  $\hat{r}_F$ , \* e \*\*Significativo, pelo teste t, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente. <sup>ns</sup>Não significativo.

população, para garantir a resposta esperada com seleção para AP.

O programa de seleção recorrente de arroz de terras altas da Embrapa visa melhorar geneticamente as populações para uma região geográfica alvo, de ampla diversidade de solos e condições climáticas (Bressegello et al., 2011; Colombari Filho et al., 2013). Dessa forma, nos próximos ciclos de seleção, mesmo que ocorra a manutenção da variabilidade genética para os caracteres PG e AP na população CNA6, em decorrência da forte influência da interação G×L, é necessário aumentar o número de repetições e locais para obtenção de ganhos com seleção superiores aos obtidos nos ciclos anteriores (Morais Júnior et al., 2015), ainda que diferenciais de seleção satisfatórios sejam alcançados. A razão disso é aumentar a herdabilidade entre médias de progênies e, por consequência, a resposta esperada com a seleção (Bernardo, 2010). Além disso, deve-se evitar a mudança de locais ao longo dos ciclos de seleção, pois a seleção indireta poderá anular ou reduzir o ganho genético, em razão da baixa correlação entre o desempenho dos genótipos e os locais.

### Conclusões

1. A variabilidade genética da população CNA6 de arroz (*Oryza sativa*) de terras altas quanto à produtividade de grãos e à altura de plantas manteve-se durante os quatro ciclos de seleção recorrente.

2. A interação progênie × local influencia as estimativas de parâmetros genéticos, com predominância do tipo complexa.

### Agradecimentos

À equipe do programa de melhoramento genético de arroz da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), pelo apoio; aos assistentes de pesquisa e aos trabalhadores de campo, pela coleta dos dados; e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão de bolsa.

### Referências

AHMAD, F.; HANAFI, M.M.; HAKIM, M.A.; RAFII, M.Y.; AROLU, I.W.; ABDULLAH, S.N.A. Genetic divergence and heritability of 42 coloured upland rice genotypes (*Oryza sativa*) as

revealed by microsatellites marker and agro-morphological traits. **PLoS One**, v.10, p.1-18, 2015. DOI: 10.1371/journal.pone.0138246.

BEARZOTI, E.; VENCOSKY, R. Simulation of marker-assisted recurrent selection in autogamous species. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, p.1-10, 2002. DOI: 10.12702/1984-7033.v02n01a01.

BENITES, F.R.G.; PINTO, C.A.B.P. Genetic gains for heat tolerance in potato in three cycles of recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.133-140, 2011. DOI: 10.1590/S1984-70332011000200005.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2<sup>nd</sup> ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 400p.

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P. de; PINHEIRO, P.V.; SILVA, A.C.S.; CASTRO, E. da M. de; GUIMARÃES, E.P.; CASTRO, A.P. de; PEREIRA, J.A.; LOPES, A. de M.; UTUMI, M.M.; OLIVEIRA, J.P. de. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, v.51, p.914-923, 2011. DOI: 10.2135/cropsci2010.06.0325.

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P.; CASTRO, E.M.; PRABHU, A.S.; BASSINELLO, P.Z.; PEREIRA, J.A.; UTUMI, M.M.; FERREIRA, M.E.; SOARES, A.A. Recurrent selection resulted in rapid genetic gain for upland rice in Brazil. **International Rice Research Notes**, v.34, p.1-4, 2009.

BUENO, L.G.; VIANELLO, R.P.; RANGEL, P.H.N.; UTUMI, M.M.; CORDEIRO, A.C.C.; PEREIRA, J.A.; FRANCO, D.F.; MOURA NETO, F.; MENDONÇA, J.A.; COELHO, A.S.G.; OLIVEIRA, J.P. de; BRONDANI, C. Adaptabilidade e estabilidade de acessos de uma coleção nuclear de arroz. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.216-226, 2012. DOI: 10.1590/S0100-204X2012000200010.

BURDICK, R.K.; GRAYBILL, F.A. **Confidence intervals on variance components**. New York: Marcel Dekker, 1992. 211p.

CHÂTEL, M.; OSPINA, Y.; RODRIGUEZ, F.; LOZANO, V.H.; DELGADO, H. Upland rice composite population breeding and selection of promising lines for Colombian savannah ecosystem. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.38, p.1-5, 2008.

COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. (Ed.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Sciences, 1963. p.53-93.

COLOMBARI FILHO, J.M.; RESENDE, M.D.V. de; MORAIS, O.P. de; CASTRO, A.P. de; GUIMARÃES, E.P.; PEREIRA, J.A.; UTUMI, M.M.; BRESEGHELLO, F. Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, v.192, p.117-129, 2013. DOI: 10.1007/s10681-013-0922-2.

COSTA, N.H. de A.D.; SERAPHIN, J.C.; ZIMMERMANN, F.J.P. Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.243-249, 2002. DOI: 10.1590/S0100-204X2002000300003.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. 4<sup>th</sup> ed. **Introduction to quantitative genetics**. Edinburgh: Longman, 1996. 464p.



- FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Faostat**: crops. Rome, 2013. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>>. Acesso em: 23 jul. 2016.
- GERALDI, I.O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E.P. (Ed.). **Selección recurrente em arroz**. Cali: CIAT, 1997. p.3-11.
- HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663p.
- MARTÍNEZ, C.P.; TORRES, E.A.; CHATEL, M.; MOSQUERA, G.; DUITAMA, J.; ISHITANI, M.; SELVARAJ, M.; DEDICOVA, B.; TOHMÉ, J.; GRENIER, C.; LORIEUX, M.; CRUZ, M.; BERRÍO, L.; CORREDOR, E.; SAN MARTIN, G.Z. de; BRESEGHELLO, F.; PEIXOTO, O.; COLOMBARI FILHO, J.M.; CASTRO, A.P. de; LOPES, S.I.G.; BARBOSA, M.; FUNCK, G.R.D.; BLANCO, P.; VIDA, F.P. de; MOLINA, F.; ROSAS, J.; MARTÍNEZ, S.; BONNECARRERE, V.; GARAYCOCHEA, S.; CARRACELAS, G.; MARIN, A.; CORREA-VICTORIA, F.; CAMARGO, I.; BRUZZONE, C.B. Rice breeding in Latin America. In: JANICK, J. (Ed.). **Plant Breeding Reviews**. New Jersey: J. Wiley & Sons, 2014. v.38, p.187-277. DOI: 10.1002/9781118916865.ch05.
- MENEZES JÚNIOR, J.Â.N.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, Â. de F.B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, v.67, p.833-838, 2008. DOI: 10.1590/S0006-87052008000400004.
- MORAIS JÚNIOR, O.P. de; MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P. de; CASTRO, A.P. de; BRESEGHELLO, F.; UTUMI, M.M.; PEREIRA, J.A.; WRUCK, F.J.; COLOMBARI FILHO, J.M. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v.72, p.297-305, 2015. DOI: 10.1590/0103-9016-2014-0137.
- NIU, N.; ARIEF, V.N.; DELACY, I.H.; LUSH, D.; SHEPPARD, J.; ZHANG, G.; DIETERS, M.J. Genetic gain in yield and protein over two cycles of a wheat recurrent selection program. **Breeding Science**, v.60, p.181-186, 2010. DOI: 10.1270/jsbbs.60.181.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, Â. de F.B.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. da UFLA, 2012. 522p.
- RESENDE, M.D.V. de; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134p.
- TUHINA-KHATUN, M.; HANAFI, M.M.; RAFII YUSOP, M.; WONG, M.Y.; SALLEH, F.M.; FERDOUS, J. Genetic variation, heritability, and diversity analysis of upland rice (*Oryza sativa* L.) genotypes based on quantitative traits. **BioMed Research International**, v.2015, p.1-7, 2015. DOI: 10.1155/2015/290861.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.135-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- WANG G.-L.; VALENT, B. (Ed.). **Advances in genetics, genomics and control of rice blast disease**. New York: Springer, 2009. 430p. DOI: 10.1007/978-1-4020-9500-9.

---

Recebido em 6 de abril de 2016 e aprovado em 23 de agosto de 2016