



**NÚMERO DE INTERCRUZAMENTOS NA
EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO RECORRENTE
NA CULTURA DO ARROZ**

ANTONIO CARLOS CENTENO CORDEIRO

2001

51227
36206

ANTONIO CARLOS CENTENO CORDEIRO

**NÚMERO DE INTERCRUZAMENTOS NA EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO
RECORRENTE NA CULTURA DO ARROZ**



Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Doutor".

Orientador

Prof. Dr. Antônio Alves Soares

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2001

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Cordeiro, Antonio Carlos Centeno

Número de intercruzamentos na eficiência da seleção recorrente na cultura do
arroz / Antonio Carlos Centeno Cordeiro. -- Lavras : UFLA, 2001.

149 p. : il.

Orientador: Antônio Alves Soares.

Tese (Doutorado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Arroz - *Oryza sativa*. 2. Seleção recorrente. 3. Intercruzamento. 4. Parâmetro
genético. 5. Ganho genético. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.183

ANTONIO CARLOS CENTENO CORDEIRO

**NÚMERO DE INTERCRUZAMENTOS NA EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO
RECORRENTE NA CULTURA DO ARROZ**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras,
como parte das exigências do Programa de Pós-
Graduação em Agronomia, área de concentração em
Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do
título de "Doutor".

APROVADA em 12 de fevereiro de 2001

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho

UFLA/DBI

Dr. Paulo Hideo Nakano Rangel

Embrapa Arroz e Feijão

Dr. Emílio da Maia de Castro

Embrapa Arroz e Feijão

Dr. Plínio César Soares

EPAMIG



Antônio Alves Soares
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

AGRADECIMENTOS

A Deus, por mais esta etapa vencida.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Departamento de Biologia, pela oportunidade de realização do curso de Doutorado.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), através da Embrapa Roraima, pela liberação para o curso.

À Embrapa Arroz e Feijão pelo total apoio na realização deste trabalho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelos recursos financeiros concedidos por meio de bolsa de estudos e taxa de bancada, que muito ajudaram na viabilização deste trabalho.

À Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) pelo apoio concedido para a condução dos experimentos, principalmente na Fazenda Experimental de Lambari.

Ao Professor Dr. Antônio Alves Soares pela orientação, ensinamentos e amizade durante esses anos de convivência.

Ao Professor Dr. Magno Antônio Patto Ramalho pela co-orientação, pelos ensinamentos transmitidos durante o curso e pelas valiosas sugestões na realização e conclusão deste trabalho, demonstrando sempre disponibilidade.

Ao Dr. Paulo Hideo Nakano Rangel, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, pela co-orientação, incentivos, amizade, sugestões, ensinamentos e que, além do apoio na cessão do material para este trabalho, participou intensamente da condução dos experimentos instalados na Fazenda Palmital, em Goianira, Goiás.

Aos doutores Emilio da Maia de Castro e Plínio César Soares, pela disponibilidade em participarem da banca examinadora e pelas importantes contribuições apresentadas.

Ao Professor Dr. Daniel Furtado Ferreira pela orientação e auxílio na realização das análises estatísticas.

Aos professores da UFLA pelos ensinamentos transmitidos durante a realização deste curso.

Ao colega João Luis da Silva Filho pela valiosa ajuda na realização das análises estatísticas.

Aos colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA pela amizade e companheirismo.

Aos funcionários do Departamento de Biologia pelos auxílios prestados.

À senhora Maria Gabriela de Abreu pela digitação da tese.

À minha família, que sempre me apoiou.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização e conclusão do curso de Doutorado.

BIOGRAFIA

ANTONIO CARLOS CENTENO CORDEIRO, filho de Manoel Luiz Cordeiro e Terezinha Centeno Cordeiro, nasceu em 29 de junho de 1957 na cidade de Belém, Estado do Pará.

Graduou-se em Engenharia Agrônômica, em dezembro de 1978, pela Faculdade de Ciências Agrárias do Pará (FCAP).

Em janeiro de 1980, foi contratado pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), através do Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Úmido (CPATU), sediado em Belém-Pará, para trabalhar como pesquisador com as culturas do arroz e feijão, no Núcleo de Pesquisa Agropecuária de Roraima – NPAR, localizado em Boa Vista – Roraima.

A partir de 1982, com a criação da Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Territorial de Boa Vista (UEPAT de Boa Vista), foi incorporado ao quadro de pesquisadores dessa Unidade e, posteriormente, com a transformação do Território a Estado, ao quadro funcional da Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual (UEPAE de Boa Vista), atualmente Embrapa-Roraima.

Iniciou curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Viçosa – UFV em março de 1984, concluindo-o em junho de 1986.

No período de 1986 a 1996 trabalhou como pesquisador com a cultura do arroz coordenando projetos de pesquisa, principalmente na área de melhoramento genético.

Em março de 1997, iniciou curso de Doutorado em Agronomia, com área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, na Universidade Federal de Lavras (UFLA), concluindo-o em fevereiro de 2001.

SUMÁRIO

Página

RESUMO	i
ABSTRACT	ii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 Biologia floral e reprodução do arroz	3
2.2 Hibridação em arroz	5
2.2.1 Manual	5
2.2.2 Uso da macho-esterilidade genética	7
2.3 Base genética do arroz irrigado	8
2.4 Métodos de melhoramento utilizados na cultura do arroz irrigado	12
2.4.1 Introdução de plantas	13
2.4.2 Seleção em cultivares heterogêneas	14
2.4.3 Melhoramento por hibridação	14
2.4.3.1 Método genealógico	16
2.4.3.2 Método da população	18
2.4.3.3 Métodos modificados	21
2.4.3.4 Método do retrocruzamento	23
2.4.4 Seleção recorrente	26
2.4.4.1 Formação da população base	34
2.4.4.2 Avaliação e seleção das famílias	37
2.4.4.3 Recombinação das famílias superiores	39
2.4.4.4 Estimativa do progresso genético com a seleção recorrente	44
2.5 Número de intercruzamentos na formação da população base em programas de seleção recorrente	45
2.6 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	51
2.7 Correlação entre caracteres	58
2.8 Interação genótipos por ambientes	60
3 MATERIAL E MÉTODOS	64
3.1 Locais	64
3.2 Obtenção do material experimental	64
3.3 Condução dos experimentos	68
3.4 Coleta de dados	69
3.5 Análise estatística dos dados	69

	Página
3.6 Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos	75
3.6.1 Avaliação da eficiência da seleção para produtividade de grãos.	79
4 RESULTADOS	81
4.1 Altura de planta	87
4.2 Floração média	93
4.3 Peso de 100 grãos	99
4.4 Produtividade de grãos	102
4.5 Correlações genéticas	115
5 DISCUSSÃO	117
6 CONCLUSÃO	127
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	128
ANEXOS	143

RESUMO

CORDEIRO, Antônio Carlos Centeno. Número de inter cruzamentos na eficiência da seleção recorrente na cultura do arroz. Lavras: UFLA, 2001. 149p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).*

Com o objetivo de verificar o efeito de 0, 1, 2, 3 e 4 inter cruzamentos na média e na variabilidade genética da população de arroz irrigado CNA 5, sintetizada com o auxílio da macho-esterilidade genética, foram avaliadas 300 famílias nas gerações $S_{0.2}$ (1998/99) e $S_{0.3}$ (1999/00), em dois locais, Lambari (MG) e Goianira (GO). Cada inter cruzamento foi representado em um experimento contendo 60 famílias e mais quatro cultivares testemunhas comuns, no delineamento de látice triplo 8 x 8, perfazendo cinco ensaios por local e por geração, totalizando 20 experimentos. As parcelas foram constituídas por duas linhas de dois metros, com espaçamento de 30 cm e densidade de 100 sementes por metro. Foi utilizado o sistema de irrigação por inundação contínua, mantendo-se uma lâmina de água em torno de 10 cm, até a maturação de todas as famílias. As características avaliadas foram altura de planta (cm), floração (dias), peso de 100 grãos (gramas) e produtividade de grãos (gramas por parcela). Foram realizadas análises de variância individuais, combinadas e conjuntas, e estimados, para cada local e geração, equações de regressão linear e parâmetros genéticos e fenotípicos. Constatou-se crescimento linear médio de 1 cm na altura de planta, redução de cerca de um dia para a floração média e incremento linear médio na produtividade de grãos das famílias de 3,91%, com o aumento no número de inter cruzamentos. Todavia, nos ganhos genéticos realizados com a seleção das cinco e dez famílias mais produtivas, as estimativas de b foram sempre negativas, evidenciando tendência de redução no incremento do ganho com o aumento no número de inter cruzamentos. Isso foi confirmado pelas médias das melhores famílias para as quais aumentos no número de inter cruzamentos não proporcionaram a seleção de famílias com maior produtividade média de grãos. Desse modo, as alterações nas médias das características, com exceção do peso de 100 grãos, que mostrou-se praticamente inalterado, foram, provavelmente, devidas ao efeito da seleção natural e ao aumento das frequências dos alelos do genitor macho-estéril na população, a cada inter cruzamento realizado. As estimativas de variâncias genéticas, coeficientes de variação genética e herdabilidades não evidenciaram liberação de maior variabilidade com o incremento dos inter cruzamentos. Concluiu-se, assim, que realizar inter cruzamentos da população base não mostrou ser vantajoso na condução do programa de seleção recorrente do arroz irrigado.

* Comitê Orientador: Antônio Alves Soares - UFLA (Orientador), Magno Antônio Patto Ramalho - UFLA, Paulo Hideo Nakano Rangel - Embrapa Arroz e Feijão.

ABSTRACT

CORDEIRO, Antonio Carlos Centeno. Number of intercrosses in the efficiency of recurrent selection in rice. Lavras: UFLA, 2001, 149p. (Doctoral Thesis in Genetics and Plant Breeding).*

The effect of 0, 1, 2, 3 and 4 intercrosses on the mean and genetic variability of the CNA 5 irrigated rice population synthesized using genetic male sterility was assessed studying 300 $S_{0.2}$ (1998/99) and $S_{0.3}$ (1999/00) families in two locations (Lambari, MG and Goianira, GO). Each intercross formed one triple 8 x 8 lattice design experiment containing 60 families and four common cultivar controls. Five experiments were conducted per location and per generation, totaling 20 experiments. The plots were formed by two two-meter rows spaced at 30 cm. Row sowing was carried out at 100 seeds m^{-1} density. Continuous flooding irrigation was used, keeping a water sheet of about 10 cm until all the families matured. The assessed traits were plant height (cm), flowering (days), weight of a hundred grains (grams) and grain yield (grams per plot). Individual, combined over and of joint analyses of variance were carried out. Linear regression equations and genetic and phenotypic parameters were fitted to data of each location and generation. Average increases of 0.1 cm and 3.91% in plant linear growth and grain yield, respectively, and an average reduction of about one day in days to flowering were obtained with the increase in the number of intercrosses. However, when genetic gains obtained from selection of the five and ten highest yielding families were considered, negative b estimates were always obtained suggesting a tendency to reduce the gain increase with the increase in the number of intercrosses. This was confirmed by the means of the best families, where increases in the number of intercrosses did not result in selection of families with greater mean grain yield. Except for weight of 100 grains that was almost unaltered, the changes in the trait means with each intercross were probably due to the effect of natural selection and to an increase in the frequencies of the male-sterile parent alleles in the population. The estimates of the genetic variances, coefficients of genetic variation and heritabilities did not suggest an increase in genetic variability with the increase in intercrosses. Therefore, carrying out intercrosses on the base population was not advantageous in conducting a recurrent selection program in irrigated rice.

*Guidance Committee: Antônio Alves Soares – UFLA (Major Professor), Magno Antônio Patto Ramalho – UFLA, Paulo Hideo Nakano Rangel – Embrapa Arroz e Feijão.

1 INTRODUÇÃO

Após a criação na década de 60, pelo International Rice Research Institute (IRRI), das cultivares modernas de arroz de porte baixo, resistentes ao acamamento, responsivas ao uso de fertilizantes e de alto potencial produtivo, os ganhos genéticos, relativos à produtividade de grãos, tornaram-se mais difíceis de serem obtidos. Peng et al. (2000) verificaram que a produtividade das cultivares de arroz irrigado lançadas mais recentemente (década de 90) é semelhante à alcançada pela cultivar IR-8 (década de 60), relatando que o potencial produtivo da cultura está estabilizado em 10 t/ha. No Brasil, na década de 80, os ganhos genéticos de rendimento no arroz irrigado, quando obtidos, foram de pequena magnitude, apesar de inúmeros cruzamentos submetidos à seleção (Santos et al., 1999; Breseghello, Rangel e Morais, 1999; Rangel et al., 2000).

É provável que a reduzida base genética das populações utilizadas nos programas de melhoramento esteja contribuindo para o estabelecimento dos atuais patamares de produtividade. O estreitamento da base genética do arroz irrigado, citado em vários trabalhos na literatura (Dilday, 1990; Cuevas-Pérez et al., 1992; Breseghello, 1995; Rangel, Guimarães e Neves, 1996), traz como consequência a redução de possibilidade 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 um grande número de genes menores, a probabilidade de encontrar um indivíduo, em qualquer geração segregante que contenha todos os alelos favoráveis, é muito pequena, e esta probabilidade diminui à medida que aumenta a geração em consideração. Esses alelos geralmente estão dispersos nas famílias sob avaliação. Selecionando-se os indivíduos superiores dentro de populações geneticamente divergentes e intercruzando-os, aumenta-se a frequência de alelos favoráveis na nova população, e com isso têm-se maiores chances de encontrar indivíduos com todos os alelos favoráveis. Esse é o fundamento básico da seleção recorrente, que segundo Morais e Rangel (1997), vem sendo considerada como a melhor alternativa para obter ganhos em características quantitativas, como a produtividade de grãos, no programa de melhoramento do arroz.

A partir de 1986 foi iniciada a constituição das primeiras populações de arroz, envolvendo vários genitores de origem distinta, para serem submetidas, nos anos subseqüentes, à seleção recorrente, com o auxílio de macho-esterilidade genética (Morais, 1992). Uma dessas populações é a CNA 5, objeto do presente estudo.

O desenvolvimento de populações básicas passa por uma etapa inicial de seleção de parentais e, posteriormente, por inter cruzamentos repetidos que visam acumular a maior quantidade possível de alelos favoráveis, ou seja, liberar variabilidade genética adicional para ser aproveitada em ciclos seletivos subseqüentes. Hanson (1959) concluiu que pelo menos um, mas preferivelmente quatro inter cruzamentos, deveria preceder as gerações de autofecundações, para permitir a quebra de grupos de ligação e, assim, aumentar a recombinação gênica. Para o arroz, Fujimaki (1979), baseado nas sugestões de Hanson (1959), recomenda três inter cruzamentos antes da população ser autofecundada e entrar em processo de seleção.

Por outro lado, outros estudos, conduzidos para determinar o relacionamento do número de inter cruzamentos com o desempenho médio de indivíduos derivados e a variação genética na população, mostraram que não há vantagens em realizar inter cruzamentos ou mais que um inter cruzamento entre plantas F_2 , já que não houve incremento nem na média e nem na variância genética, para várias características avaliadas (Meredith e Bridge, 1971; Bos, 1977; Altman e Busch, 1984; Guimarães e Fehr, 1989; Marin-Garavito, 1994; Cabezas-Santacruz, 1995; Uphoff, Fehr e Cianzio, 1997; Ospina et al., 1997).

Não há registros, no Brasil, de trabalhos que tenham sido desenvolvidos para avaliar a eficiência de realização de inter cruzamentos em populações base de arroz e sua relação com a variabilidade genética liberada. Isso é importante, tendo em vista que inter cruzamentos adicionais demandam mais tempo e mais recursos.

O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de 0, 1, 2, 3 e 4 inter cruzamentos na média e na variabilidade genética da população de arroz irrigado CNA 5, para diferentes características, com vistas a contribuir para a melhoria da eficiência do programa de seleção recorrente do arroz no Brasil.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Biologia floral e reprodução do arroz

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

A Figura 1 mostra uma flor de arroz e seus componentes: pedicelo, glumelas rudimentares, lema estéril, pistilo, estames e glumelas. O pedicelo é a estrutura de sustentação da flor e a conecta ao restante da planta. O órgão reprodutivo feminino, o pistilo, é composto por ovário, um estilete curto e dois estigmas plumosos, bifurcados e de coloração branca. O órgão reprodutivo masculino, o androceu, é constituído de seis estames, formados cada um de um filete, conectivo, e na sua extremidade uma antera, que contém os grãos de pólen. Cada antera pode conter de 500 a 1000 grãos de pólen, com coloração geralmente amarelada. As glumelas são as estruturas de suporte e proteção da semente, sendo a maior denominada lema e a menor, pálea (Pedroso, 1985. Fornasieri Filho e Fornasieri, 1993; Silva, 1999; Guimarães, 1999; Soares, 2000).

A panícula jovem torna-se visível a olho nu como uma estrutura cônica, plumosa, cerca de 10 dias após o início da sua diferenciação. Contudo, como essa estrutura em desenvolvimento se encontra envolvida pela bainha das folhas, sua observação só é possível mediante a dissecação do colmo. A emergência das panículas através da bainha ocorre em cerca de três dias e estas alcançam o máximo da floração entre o segundo e o quarto dia após a completa emergência. Durante o estágio de floração, os filetes se alongam no interior das espiguetas e, quando as anteras estão a ponto de tocar a parte superior desta e de iniciar a antese, se abrem e deixam cair o pólen sobre os estigmas. No máximo do alongamento dos filetes, as anteras são expostas para fora da espiguetas. Concomitantemente, o estigma, que está ereto, começa a se abrir para ambos os lados e também fica exposto. Esse ponto é

considerado o clímax da antese e ocorre entre 10 e 20 minutos depois que a espiguetta se abre. Toda espiguetta passa por esse processo, entretanto, o momento varia de acordo com a posição que ocupa na panícula. O processo inicia na extremidade apical da panícula e progride em direção à base. Toda a panícula terá florescido em um período de cinco a sete dias. Cada espiguetta permanece aberta durante mais ou menos 45 minutos e os estigmas ficam receptivos por quatro a cinco dias. Por outro lado, os grãos de pólen sobrevivem fora das anteras somente alguns minutos (Chatel e Guimarães, 1995; Guimarães, 1999).

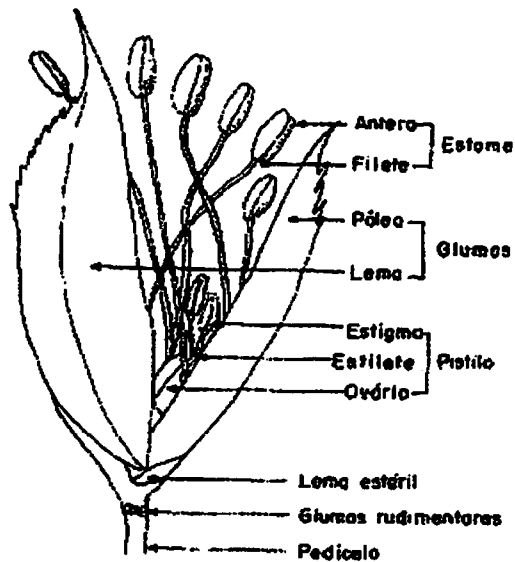


Figura 1 – Flor do arroz e suas partes. (FONTE: Guimarães, 1999).

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

podem ocorrer sem que as espiguetas se abram, fenômeno conhecido como cleistogamia (Chandaratna, 1964).

O arroz é, assim, uma espécie anual autógama, com taxa de cruzamento natural variável, porém baixa. Guimarães (1999) cita que, na Índia, Kadan e Patil (1933) encontraram valores entre 0,52% e 4,31%; no Japão, Shimoyama (1920) observou taxa de 0,08%; na Austrália, Paggendorff (1932) reportou valor médio de 0,44% e, nas Filipinas, Rodrigo (1925) obteve 2,40%. Beachell et al. (1938), também citados por Guimarães (1999), estudando a influência de fatores ambientais na taxa de cruzamento natural em diferentes locais dos Estados Unidos, concluíram que a mesma variou de 0,45% a 3,39%, conforme o ano, a cultivar e o espaçamento utilizados. De um modo geral, entretanto, a literatura relata para o arroz uma taxa de cruzamento natural inferior a 1% (Chatel e Guimarães, 1995; Cutrim, 1994; Santos, 1996; Santos, 2000; Soares, 2000).

2.2 Hibridação em arroz

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

2.2.1 Manual

O método de hibridação manual do arroz evoluiu muito a partir de descobertas feitas por Taillebois e Castro (1986) de que, para a produção de sementes híbridas, não há necessidade de ser usada a planta inteira, mas somente o colmo principal ou perfilho com a panícula, destacado da planta de origem. Isto possibilita a condução de parentais masculinos e femininos no campo e, no momento da hibridação, escolher os melhores perfilhos, destacá-los, eliminar suas folhas e levá-los ao local de hibridação,

onde devem ser colocados em recipientes com água para, posteriormente, serem executadas a emasculação e a polinização, deixando as sementes híbridas se desenvolverem em local protegido, que pode ser em casa-de-vegetação ou telado. A simplicidade do método reduz mão-de-obra, aumenta a taxa de pegamento e viabiliza a realização de cruzamentos em programas de melhoramento pequenos e com pouca estrutura de apoio (Castro et al., 1999).

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

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

Realizada a emasculação, a polinização deve ser efetuada no dia seguinte, podendo-se, entretanto, realizar essa etapa em até três ou quatro dias, período em que os estigmas ainda estão receptivos. A polinização é realizada pelo método denominado “chuva de pólen”, ou seja, liberação manual do pólen sobre a panícula do genitor feminino, sendo desejável que esta ocorra entre as 11 horas e 30 minutos e as 12 horas e 30 minutos, que é o ponto de antese máxima do arroz em condições tropicais. Aproximadamente três a quatro dias após a polinização, o ovário começa a intumescer e, durante os 25 dias seguintes, observa-se o crescimento da semente híbrida, inicialmente de coloração esverdeada e, ao final do processo, completamente branca.

A porcentagem de pegamento pode variar de 60 a 100%; no entanto, cruzamentos envolvendo genitores geneticamente distantes, como os dos grupos indica e japônica apresentam maior esterilidade e, conseqüentemente, menor taxa de pegamento (Guimarães, 1999).

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

2.2.2 Uso da macho-esterilidade genética

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

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

As plantas macho-estéreis (msms) são facilmente identificadas no campo. Elas têm meiose normal e só produzem sementes quando fecundadas por pólen (Ms ou ms) de plantas férteis (MsMs ou Msms), fazendo com que a população se comporte como uma população alógama. As flores das plantas estéreis abrem-se normalmente na antese, as anteras são opacas esbranquiçadas e os estigmas ficam totalmente expostos. As panículas ficam parcialmente envolvidas pela folha bandeira e as plantas continuam a emitir perfilhos que permanecem verdes mesmo após os primeiros perfilhos terem chegado à maturação (Rangel e Neves, 1995; Chatel e Guimarães, 1995; Rangel e Neves, 1997).

A taxa de produção de sementes por polinização cruzada das plantas estéreis dentro de uma população situa-se em torno de 15%. Esta taxa tem sido satisfatória para permitir a recombinação de populações em condições naturais no campo, com o auxílio do vento (Rangel e Neves, 1995). Para conservar o gene da macho-esterilidade genética, são realizados cruzamentos entre o mutante (fêmea, msms) e a cultivar IR36, macho-fértil (MsMs). A semente híbrida é geneticamente heterozigota (Msms) e produzirá plantas férteis. Essas plantas são, então, autofecundadas, produzindo sementes tanto homozigotas (MsMs e msms) como heterozigotas (Msms). Essas sementes são semeadas, originando plantas com genótipos MsMs e Msms (férteis) e de genótipo msms (macho-estéreis) (Chatel e Guimarães, 1995).

Com esse advento facilitador de cruzamentos, alguns programas de melhoramento de arroz na Colômbia, Brasil, Chile, Venezuela, Uruguai, Peru e em alguns países da África passaram a utilizar esse método para criar populações com ampla base genética e conduzi-las através da seleção recorrente (Guimarães, 1997; Badan, 1999).

2.3 Base genética do arroz irrigado

O desenvolvimento de cultivares de arroz irrigado de porte baixo é considerado como um dos maiores sucessos da história moderna do melhoramento genético. A precursora da “revolução verde” foi a cultivar IR-8, lançada para cultivo em 1966 pelo

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

Em meados da década de 70, o Brasil reorganizou a sua estrutura de pesquisa e os pesquisadores envolvidos com arroz irrigado, de maneira competente, souberam tirar proveito de todos os avanços conseguidos pelos grupos internacionais de pesquisa, reduzindo os caminhos a percorrer para atingir as suas metas (Morais e Rangel, 1997). Todo esforço foi compensado, no início da década de 80, quando cultivares tradicionais de porte alto foram substituídas pelas modernas de porte baixo, praticamente dobrando a produtividade do arroz irrigado em vários estados do país. No Rio Grande do Sul, a produtividade das lavouras aumentou em 30% (Carmona et al., 1994) e, em Santa Catarina, o aumento foi de 66% (Ishiy, 1985), devido às cultivares modernas e ao melhor manejo da cultura. Após este grande avanço, Rangel, Guimarães e Rabelo (2000) ressaltam que a produtividade do arroz irrigado mantém-se a mesma e esforços para aumentar o potencial produtivo das cultivares não têm resultados em ganhos expressivos. Moraes (1992) e Rangel, Zimmermann e Neves (1992) citam que no Brasil, no decorrer de toda a década de 80, não foi selecionada nenhuma linhagem que superasse significativamente, em produtividade de grãos, as melhores cultivares testemunhas (BR IRGA 409, no Rio Grande do Sul e CICA-8, nos demais estados), apesar de inúmeros cruzamentos realizados contemplando genitores de reconhecida diversidade genética. Vergara et al. (1990) relatam que a produtividade do arroz irrigado tem aparentemente alcançado um platô e os ganhos verificados para

esta característica têm sido decorrência, principalmente, da incorporação de resistência à patógenos e melhoria no manejo da cultura.

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

Cuevas-Pérez et al. (1992) construíram as árvores genealógicas das cultivares de arroz lançadas na América Latina e Caribe no período de 1971 a 1989, chegando a 101 ancestrais, que são a base de todas as cultivares melhoradas. Apesar da aparente ampla base genética, verificaram que os ancestrais contribuem de maneira bastante desigual para o conjunto gênico e que 39% dos alelos são oriundos das cultivares Deo-Geo-Woo-Gen, Cina e Lati Sail, que são os ancestrais da IR-8. Morais (1997) cita que um número aparentemente grande de linhagens pode representar um tamanho efetivo populacional restrito quando elas são muito aparentadas.

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

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

IRGA 410 (13%) e BR-IRGA 409 (11%) ocuparam cerca de 68% da área semeada com arroz no Rio Grande do Sul. Estas cultivares, para Rangel, Guimarães e Neves (1996), apresentam alto grau de similaridade genética, sendo que a El Paso 144 é oriunda de seleção efetuada dentro da cultivar BR-IRGA 410, que tem o mesmo pedigree da BR-IRGA 409. A cultivar IRGA 417 foi obtida de um cruzamento triplo em que a BR-IRGA 409 contribui com 50% dos alelos. Essa situação, de alta uniformidade genética, pode trazer sérias conseqüências não só à orizicultura gaúcha, mas também à produção brasileira de arroz (Rangel et al., 1999). Outras cultivares, como BR-IRGA 412 e BR-IRGA 414, cultivadas em menor escala, são seleções obtidas dentro da cultivar BR-IRGA 409 (Ferreira et al., 2000).

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

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

São vários os trabalhos que mostram que a maioria das cultivares/linhagens de arroz irrigado utilizadas atualmente são geneticamente muito aparentadas e que, ao se dar prioridade para o uso delas na formação de uma população base, pouco seria acrescentado em termos de variabilidade disponível, ou seja, o estreitamento da base

genética pode comprometer futuros progressos com a cultura, principalmente para o caráter produtividade de grãos. Entretanto, Rasmusson e Phillips (1997) e Phillips (1999) fazem alguns questionamentos ou indagações a respeito do que tem ocorrido no melhoramento de algumas culturas. Em cevada, por exemplo, os autores comentam que a despeito da menor divergência no germoplasma em uso, tem havido considerável ganho genético para características agronômicas e de qualidade, e que isso só foi possível considerando que o genoma é muito mais dinâmico do que o imaginado, isto é, existem outros mecanismos que geram variabilidade, além daqueles explicados pelos princípios mendelianos. Comentários a esse respeito são encontrados em Rasmusson e Phillips (1997).

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

2.4 Métodos de melhoramento utilizados na cultura do arroz irrigado

Os programas de melhoramento de arroz irrigado por inundação contínua no Brasil possuem algumas prioridades básicas e, dentre elas, pode-se destacar o desenvolvimento de cultivares que apresentem as seguintes características: tolerância à toxidez de ferro, resistência ao acamamento; resistência à doenças, em especial brusone; alto perfilhamento; ótima qualidade de grãos e alto potencial genético para produtividade de grãos (Soares, 2000). Para tanto, são utilizados alguns métodos de melhoramento.

Os métodos de melhoramento mais comumente utilizados são os de introdução de plantas, seleção em cultivares heterogêneas (seleção massal e seleção de linhas

puras) e o de hibridação, sendo as populações segregantes conduzidas pelos processos genealógico, população (bulk), retrocruzamento ou modificações nesses processos (Fehr, 1987; Soares, 2000). Mais recentemente, métodos antes utilizados exclusivamente em espécies alógamas também passaram a ser viáveis para a cultura, destacando-se a seleção recorrente e o desenvolvimento de híbridos F_1 (Castro et al., 1999).

2.4.1 Introdução de plantas

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

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

Em arroz, os exemplos mais comuns de introdução de plantas concentraram-se, basicamente, no sistema irrigado por inundação contínua, no qual foi introduzido um grande número de materiais, provenientes, principalmente, dos Estados Unidos, Colômbia, Filipinas, Japão e Itália (Pedroso, 1985; Cutrim, 1994). Pode ser destacada, em razão da produtividade, precocidade e, especialmente, qualidade de grãos, a

cultivar americana Bluebelle, introduzida no Rio Grande do Sul pelo IRGA na década de 70. Outras cultivares oriundas do CIAT, Colômbia, como CICA 4, CICA 8, CICA 9, do tipo moderno, introduzidas na mesma década, apresentaram boa adaptação em diferentes regiões brasileiras. As cultivares BR-IRGA 409 e BR-IRGA 410, lançadas pelo consórcio Embrapa/IRGA, e que apresentaram ampla adaptação no país, foram selecionadas dentro de populações segregantes introduzidas também do CIAT (Pedroso, 1985).

2.4.2 Seleção em cultivares heterogêneas

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

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

2.4.3 Melhoramento por hibridação

No melhoramento por hibridação, o objetivo principal é a associação, em um mesmo indivíduo, de dois ou mais fenótipos desejáveis que estão presentes em cultivares/linhagens diferentes. Portanto, realizando cruzamento entre esses indivíduos, é gerada uma população com variabilidade genética suficiente, na qual será

praticada seleção visando a obtenção de linhagens que reúnam os fenótipos de interesse (Allard, 1971; Fehr, 1987). Contudo, para atingir esse objetivo, o melhorista precisa tomar decisões quanto ao critério a ser empregado na escolha dos genitores a serem utilizados, como realizar as hibridações e, por último, qual o processo que deve ser empregado na condução das populações segregantes (Machado, 1999).

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

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

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

Na condução de uma população segregante de plantas autógamas, o objetivo é selecionar, no final do processo, linhagens homozigóticas com alelos favoráveis no maior número de locos. Para isso existem vários métodos, como o genealógico, o da

população, retrocruzamento e os modificados (Fehr, 1987; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993). A escolha do método é importante, principalmente em função do tipo e da herança do caráter a ser melhorado, entretanto, se bem conduzidos, todos levam a resultados positivos.

2.4.3.1 Método genealógico

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

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

Na geração F_2 , considerando a frequência alélica igual a 0,5 e ausência de epistasia, a variância genética entre famílias (σ_G^2) contém $\sigma_A^2 + \sigma_D^2$, sendo σ_A^2 a variância genética aditiva e σ_D^2 a variância de dominância. Com o decorrer das autofecundações, devido ao aumento na frequência dos locos em homozigose, a participação de σ_A^2 aumenta e da σ_D^2 diminui. Assim, a variância genética entre famílias $F_{2,3}$ contém $\sigma_{G_{F_{2,3}}}^2 = \sigma_A^2 + 0,25\sigma_D^2$, enquanto na $F_{3,4}$ ela é $\sigma_{G_{F_{3,4}}}^2 = 1,5\sigma_A^2 + 0,13\sigma_D^2$. Na $F_{4,5}$ estes valores são $\sigma_{G_{F_{4,5}}}^2 = 1,75\sigma_A^2 + 0,06\sigma_D^2$, e

quando atinge a homozigose total na F_{∞} , a variância genética entre famílias contém $\sigma_{G_{F_{\infty}}}^2 = 2\sigma_A^2$.

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

Esse método apresenta como principais vantagens o controle do grau de parentesco entre os indivíduos selecionados e o descarte de indivíduos inferiores em gerações precoces (Abreu, 1997). Por outro lado, Cutrim (1994) e Castro et al. (1999) apresentam as seguintes desvantagens: limitação imposta com relação à quantidade de material genético que o melhorista pode conduzir, já que as avaliações são efetuadas em relação a plantas individuais e a linhas e requerem muitas anotações; a avaliação de plantas espaçadas pode não se correlacionar bem com as condições normais de densidade de semeadura; o método privilegia a seleção visual de plantas, deixando a avaliação da produtividade para depois que a linha já está fixada. Vários trabalhos mostram que a seleção visual não é eficiente, especialmente para o caráter produtividade de grãos, como relata Cutrim (1994) para o arroz irrigado. A grande maioria das cultivares de arroz irrigado recomendadas para o Brasil foi obtida por este método (Castro et al., 1999).

O método genealógico tem sido utilizado na Embrapa Arroz e Feijão com algumas modificações para facilitar a condução de maior número de cruzamentos. Passou-se a realizar, nas gerações F_3 e F_4 , seleções massais dentro de famílias, evitando, assim, o crescimento exagerado do número de famílias segregantes em cada geração. Neste método, geralmente não se obtêm ganhos significativos para produtividade, mas caracteres de mais alta herdabilidade, como altura, tipo de grão e arquitetura da planta, respondem satisfatoriamente (Castro et al., 1999).

2.4.3.2 Método da população

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

Uma vantagem deste método é que durante as gerações de endogamia, o material sofre ação da seleção natural, na qual o princípio básico é que os indivíduos que produzem maior número de sementes viáveis tendem a contribuir de forma expressiva para a constituição da geração seguinte e que a capacidade de sobrevivência em competição deve estar correlacionada positivamente com a adaptabilidade e a produtividade (Borém, 1997). Nesse enfoque, entretanto, é necessário salientar que já há algum tempo é questionável se a ação da seleção natural é no sentido que o melhorista deseja.

Nesse aspecto, o trabalho de maior duração foi realizado com cevada e vem sendo conduzido desde 1929 (Allard, 1988; Soliman e Allard, 1991). Ele iniciou com um composto denominado CCII, proveniente de um dialelo envolvendo 28 cultivares, resultando em 387 híbridos F_1 , que foram misturados. Cerca de 15.000 sementes eram semeadas a cada geração em bloco isolado. Em torno de 400.000 sementes eram colhidas por geração, sendo uma parte armazenada e a outra parte misturada para ser

utilizada na semeadura do ciclo seguinte. O processo se repete até os dias atuais. Visando verificar as trocas que ocorreram com a seleção natural após alguns anos de condução da população, foi avaliado o desempenho de todas as gerações até então obtidas nos anos de 1960/66, 1965/69 e 1976/82. Os resultados referentes às avaliações realizadas por mais de 50 gerações foram relatadas por Allard (1988), que compara o efeito das sucessivas gerações em vários caracteres, com uma cultivar testemunha. Entre os caracteres quantitativos, maior ênfase foi dada à produtividade de grãos, peso de 1000 sementes e número de dias para o florescimento.

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

Outros caracteres foram avaliados, entre eles o peso da espiguetta, comprimento da espiguetta, densidade da espiguetta, comprimento da arista, número de grãos por espiguetta, tamanho do grão, altura da planta, largura, área da penúltima folha e diâmetro do colmo. As características peso da espiguetta e número de sementes por espiguetta foram as que mais sofreram a ação da seleção natural, especialmente até a geração F_{20} . Pequenos acréscimos foram observados nas características comprimento da arista, largura e área da penúltima folha, diâmetro do colmo, decréscimo no comprimento da espiguetta e aumento na densidade da espiguetta ocorreram lentamente. As espiguetas foram quase 10% menores e mais compactas na média das duas últimas

gerações do que nas gerações iniciais. Mudanças na altura média das plantas foram pequenas até quase a geração F_{23} , quando então começou a aumentar, ocorrendo um acréscimo de 5% até a geração F_{33} .

No feijoeiro, trabalho com avaliação do efeito de seleção natural foi relatado por Hamblin (1977), envolvendo quatro populações segregantes avaliadas nas gerações F_2 a F_6 . Verificou-se que ocorreu um aumento expressivo na produtividade de grãos apenas no caso das populações segregantes com menor média. O argumento foi de que isso ocorreu porque nas populações menos produtivas ocorrem certamente indivíduos menos adaptados e a seleção natural pode atuar com maior intensidade, mesmo considerando o curto período, apenas quatro gerações. O autor observou ainda que o efeito da seleção natural não necessariamente conduz à obtenção de sementes menores, como havia sido relatado por Hamblin (1975) em outro trabalho. Nas quatro populações, a alteração no peso das sementes, quando ocorreu, foi lenta.

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

Na cultura do arroz, a competição intergenotípica é um dos fatores mais críticos, principalmente entre plantas altas e baixas. É causada por taxas diferenciais no crescimento e tamanho das plantas vizinhas. Plantas com menor altura em competição perfilham menos, apresentam colmos fracos, acumulam menos matéria seca e parecem agronomicamente inferiores. A tendência é de essas plantas serem eliminadas pela seleção natural. Segundo Castro et al. (1999), o número de sementes

produzido por uma planta em uma população heterogênea reflete mais sua capacidade de competição com as plantas circundantes do que sua aptidão para alta produtividade quando em lavouras homogêneas. Jennings, Coffmann e Kaufmann (1981) verificaram que plantas de arroz mais altas e vigorosas eram geralmente pouco produtivas, e as baixas, quando em competição com as altas, apresentavam pequena produção de grãos em virtude de sombreamento. Sakai (1955), citado por Chandaratna (1964), relata que cultivares japônicas de arroz, normalmente mais produtivas que as indicas, são inferiores com relação à capacidade competitiva em uma população heterogênea e que essa competição é muito mais complexa em “bulks” híbridos do que em misturas varietais, tendo em vista a heterozigose contínua produzir novos genótipos, levando a um número final de homozigotos extremamente heterogêneo.

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

2.4.3.3 Métodos modificados

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

O método SSD consiste na colheita de uma semente de cada planta da geração F_2 , processo que é repetido sucessivamente para as demais gerações, até que a população alcance homozigose suficiente, quando são obtidas as famílias, em F_5 ou F_6 . “Abre-se” então o SSD, isto é, os indivíduos superiores são extraídos individualmente da população, constituindo famílias, as quais são avaliadas em experimentos com repetição (Fehr, 1987). Na Embrapa Soja, este método é bastante utilizado, principalmente de forma modificada, cuja diferença é a coleta de uma vagem com duas

a três sementes por planta agronomicamente superior da população, ao invés de uma única semente. Com isto, assegura-se melhor germinação dos materiais (Almeida, Kiihl e Abdelnoor, 1997).

O SSD apresenta, como principais vantagens, a sua fácil condução, a necessidade de pouca mão-de-obra e área, além de não necessitar que a população segregante seja conduzida no ambiente similar ao qual a futura cultivar será recomendada, uma vez que a fase de aumento da homozigose é separada da fase de seleção (Fouilloux e Bannerot, 1988). Praticamente não é utilizado na cultura do arroz, uma vez que sua principal vantagem, que é a rapidez na obtenção da homozigose, é reduzida para a cultura do arroz, já que normalmente são possíveis duas gerações por ano no campo. Por outro lado, Abbud (1981) comprovou a eficiência desse método para o arroz de terras altas, principalmente quando aplicado a populações segregantes oriundas de cruzamentos envolvendo genitores superiores ou elites.

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

Na Universidade Federal de Lavras (UFLA), o “bulk” dentro de famílias F_2 é conduzido com algumas modificações: a principal delas é que a partir da geração $F_{2,3}$,

as famílias são avaliadas em experimentos com repetição. Desse modo, a seleção a ser efetuada nas gerações mais avançadas, por exemplo, na F_{2-6} , será fundamentada no desempenho médio das famílias por duas a três gerações, evidentemente atenuando o efeito da interação genótipos x ambientes e dando maior segurança ao melhorista na decisão de quais famílias deverão ser mantidas (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Abreu, 1997; Raposo, 1999; Rosal, 1999; Santos, 2000).

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

Em arroz, este método tem sido utilizado mais recentemente na avaliação de famílias derivadas do programa de seleção recorrente do arroz de terras altas, entretanto, de maneira semelhante ao procedimento original. A seleção entre as famílias é baseada na avaliação visual e somente após a seleção das melhores plantas dentro das famílias ($S_{0.3}$ em diante) é que são realizados experimentos com repetições para avaliação mais rigorosa da produtividade de grãos.

2.4.3.4 Método do retrocruzamento

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

O uso de marcadores moleculares pode acelerar os programas de retrocruzamentos ao permitir a identificação precisa dos indivíduos com maior proporção do parental recorrente em cada geração. Segundo Sakiyama, Pereira e Zambolim (1999), os genitores recorrentes e doadores são molecularmente caracterizados (fingerprinting com marcadores de DNA), e as plantas de cada geração

de retrocruzamento são selecionadas com base em sua similaridade genético-molecular com o recorrente e na característica a ser melhorada. Sob o ponto de vista prático, Ramalho, Abreu e Santos (2000) citam que três a quatro retrocruzamentos são suficientes para recuperar o genótipo do parental recorrente, especialmente se em cada etapa é realizada a seleção visando eliminar indivíduos com fenótipos indesejáveis. Assim, na primeira geração F_1 , há 50% dos alelos de cada pai. No RC_1 esse número passa a ser de 75% dos alelos do pai recorrente. No RC_2 é de 87,5%, no RC_3 é de 93,75%, ou seja, no RC_m espera-se $(2^{m+1}-1)/2^{m+1}$, em que m refere-se ao número de retrocruzamentos com o pai recorrente. Por outro lado, Borém (1997) comenta que se o parental doador não é adaptado, normalmente o número de retrocruzamentos tende a ser maior.

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

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

Em que:

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

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

q = frequência do genótipo desejado.

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

O método do retrocruzamento tem sido bastante utilizado em plantas autógamas, principalmente na cultura da soja, para incorporar resistência a patógenos

em cultivares cuja suscetibilidade compromete a estabilidade da produção (Almeida, Kiihl e Abdelnoor, 1997).

Em arroz, Rangel, Morais e Castro (1998) conduziram um trabalho na Embrapa Arroz e Feijão visando incorporar a resistência ao patógeno *Pyricularia grisea* Sacc, nas cultivares BR IRGA 409 e Metica-1. Foram utilizadas cinco fontes doadoras de alelos de resistência (5287, Carreon, Ramtulasi, Três Marias e Huan-sem-go), originando dez populações. Após três retrocruzamentos, na geração F₂ RC₃ foram obtidas famílias com as características das cultivares BR-IRGA 409 e Metica-1, todavia portadoras dos alelos de resistência.

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

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

2.4.4 Seleção recorrente

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

Nesse contexto, os programas de melhoramento de arroz irrigado em todo o mundo buscam alternativas para aumentar o potencial produtivo da cultura, seja com um novo ideótipo de planta (Khush, 1995) ou com novas estratégias de melhoramento, como é o caso da seleção recorrente (Rangel e Neves, 1997) e do desenvolvimento de híbridos F₁ (Neves, Rangel e Cutrim, 1997). Aqui, serão enfocados apenas os aspectos da seleção recorrente, que é o objetivo deste trabalho.

A seleção recorrente é um processo sistemático de seleção de indivíduos dentro de uma população geneticamente heterogênea, seguido da recombinação dos indivíduos selecionados para formar uma nova população; esta, por sua vez, é utilizada para iniciar novo ciclo de seleção. Portanto, a seleção recorrente é um processo dinâmico e contínuo, que envolve a obtenção de famílias, avaliação e seleção e o intercruzamento das melhores, visando, desse modo, aumentar a frequência de alelos favoráveis e, por consequência, melhorar a expressão fenotípica do caráter sob seleção (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993; Geraldi, 1997).

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

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

Substituindo a média e a variância nessa expressão, tem-se $L_i = \frac{n}{2} + z \sqrt{\frac{n}{4}}$. A partir dessa expressão, os autores fizeram a predição do número de alelos favoráveis que a melhor linhagem irá conter, considerando diferentes números de locos segregando pela expressão $L_i = \frac{n}{2} + zL_Q \sqrt{\frac{n}{4}}$, em que L_Q é referente à distribuição de máximo e

corresponde ao desvio esperado do melhor indivíduo em relação à média de uma amostra de tamanho Q com distribuição normal.

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

- 1) locos homocigóticos para os alelos favoráveis nas duas linhagens. Eles não mais segregam e representam os alelos favoráveis fixados com a seleção. A frequência esperada deles é: $a = (r_1 r_2) / n$.
- 2) locos homocigóticos para alelos desfavoráveis nas duas linhagens. Nesse caso a fixação ocorreu em sentido contrário e não há possibilidade de obter alelos favoráveis, para esses locos, no segundo ciclo de seleção. Sua frequência é: $c = (n - r_1)(n - r_2) / n$.
- 3) locos em que as duas linhagens se complementam. A frequência será $b = r_1 + r_2 - (2r_1 r_2) / n$, onde $r_1 + r_2$ é a frequência dos homocigotos favoráveis e $(2r_1 r_2) / n$ é a frequência dos homocigotos desfavoráveis.

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

favoráveis e, desta forma, a chance de sucesso do melhorista é ampliada em muito com o emprego da seleção recorrente².

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

Número de locos Segregando (n)	Número de famílias Avaliadas ($Q=Q'$) ¹	r_1 ²	r_2 ²	a	b	L
20	50	15,0	14,1	10,6	8,0	17,7
	100	15,6	14,8	11,5	7,3	18,6
	200	16,1	15,4	12,4	6,7	19,3
	400	16,6	15,9	13,2	6,1	19,9
40	50	27,1	25,9	17,5	17,9	31,3
	100	27,9	26,8	18,7	17,3	32,6
	200	28,7	27,6	19,8	16,7	33,8
	400	29,4	28,4	20,9	16,1	34,8

¹ $Q=Q'$ indica que o mesmo número de famílias foi considerado nos dois ciclos.

² r_1, r_2 : número de locos com alelos favoráveis na melhor e na segunda melhor linhagem, respectivamente, após o 1º ciclo seletivo

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

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

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

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

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

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

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

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

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

^{II} $Q=Q_1$ indica que o mesmo número de famílias foi considerado nos dois ciclos

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

decorrer das gerações de autofecundação, a probabilidade de ser obtida a planta desejada é praticamente nula.

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

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

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

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

População 2 ($p = 0,4$)

População 3 ($p = 0,5$)

População 4 ($p = 0,6$)

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

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

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

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

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

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

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

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

Considere inicialmente os parentais P_1 e P_2 , onde um dos parentais (P_1) contém um dos alelos favoráveis (A) e o outro parental (P_2) contém o outro alelo favorável (B). Considerando que os genes segregam independentemente, tem-se o seguinte resultado:



P₁: AAbb x P₂: aaBB
 F₁: AaBb

F ₂ - C ₀	⊖	F _∞
AABB: 1/16		AABB: 1/4
AABb: 2/16		Aabb: 1/4
AAbb: 1/16		aaBB: 1/4
AaBB: 2/16		aabb: 1/4
AaBb: 4/16		
Aabb: 2/16		
aaBB: 1/16		
aaBb: 2/16		
Aabb: 1/16		
f(A) = f(B) = 0,50		

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

F ₂ - C ₁	⊖	F _∞
AABB: 16/81		AABB: 0,45
AABb: 16/81		AAbb: 0,22
AaBB: 16/81		aaBB: 0,22
AaBb: 16/81		aabb: 0,11
AAbb: 4/81		
aaBB: 4/81		
Aabb: 4/81		
aaBb: 4/81		
aabb: 1/81		
f(A) = f(B) = 0,67		

Fonte: Geraldi (1997).

Observa-se que a frequência dos alelos A e B, que inicialmente era de 0,5, passou para 0,67; conseqüentemente, aumentou a frequência do genótipo favorável, (AABB) nas gerações avançadas, bem como diminuiu a frequência do genótipo desfavorável (aabb) de maneira bastante acentuada. A medida do progresso genético

que nesse caso é dada pela alteração na frequência dos alelos favoráveis, isto é: $\Delta p(A) = \Delta p(B) = 0,67 - 0,5 = 0,17$.

2.4.4.1 Formação da população base

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

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

para o caráter em questão é também pequena. Em princípio, os autores citam que 10 a 20 parentais são números satisfatórios.

Um outro ponto que surge é como inter cruzar os parentais para formar a população base. Na cultura do arroz, são utilizados dois procedimentos: macho-esterilidade genética e hibridações artificiais dirigidas em esquema de dialelos circulantes (Rangel e Neves, 1995; Morais, Castro e Sant'ana, 1997).

O processo de sintetização da população base com o uso da macho-esterilidade genética caracteriza-se por uma série de cruzamentos manuais entre os genitores e a fonte do alelo ms, seguidos de retrocruzamentos com os genitores ou cruzamento dos F_1 's com os genitores de número subsequente para adiantar a recombinação. O resultado desta fase são F_1 's férteis heterozigotos (Msms), que necessitam de uma geração de autofecundação para restabelecer os genótipos macho-estéreis (msms). Esses genótipos, que são de fácil identificação na floração, são essenciais para a recombinação no campo. As sementes obtidas das autofecundações devem ser misturadas para compor a nova população. O semeio destas sementes no campo permitirá a polinização cruzada das plantas macho-estéreis (msms) pelas férteis (Msms ou MsMs), o que caracteriza o primeiro ciclo de inter cruzamento ou recombinação. Após três inter cruzamentos, considera-se pronta a população base, cuja constituição final deverá ser estabelecida em função da participação porcentual de cada cultivar utilizada (Fujimaki, 1979; Rangel e Neves, 1995). Uma das dúvidas neste processo é se realmente são necessários três inter cruzamentos. Este assunto será discutido posteriormente. O esquema deste procedimento é apresentado no item Material e Métodos.

Uma outra maneira de formar a população base é por meio de cruzamentos manuais, utilizando um esquema de dialelo circulante, como, por exemplo, o proposto por Bearzotti (1996), citado por Ramalho (1997). Neste esquema, cada parental é sempre cruzado com outros dois, de modo que nos sucessivos inter cruzamentos a contribuição de cada genitor seja a mesma. Esse procedimento de inter cruzamento tem algumas vantagens: a recombinação é dirigida, assim, a probabilidade de perda de alelos dos pais originais é menor; há um menor número de cruzamentos em relação ao

dialelo completo ou até mesmo ao parcial; facilidade de identificação dos cruzamentos, pois, em cada caso, o mesmo pai é cruzado com apenas dois outros. Maiores detalhes sobre este esquema serão comentados no item de recombinação das famílias.

No melhoramento populacional do arroz de várzea, conduzido no Brasil pela Embrapa Arroz e Feijão, são utilizadas atualmente cinco populações, todas elas com o gene da macho-esterilidade genética (Rangel, Zimmermann e Fagundes, 1999). São elas:

- a) **CNA-IRAT 4**, desenvolvida de maneira colaborativa pela Embrapa Arroz e Feijão e o Centre de Coopération Internationale em Recherche Agronomique Pour le Développement, Département des Cultures Anuelles (CIRAD-CA), através do intercruzamento de dez linhagens do grupo indica, utilizando como fonte de macho-esterilidade a cultivar IR 36 (msms). Esta população destina-se principalmente à obtenção de linhagens de ciclo médio de alta produtividade para as regiões Sudeste, Centro-Oeste e Norte;
- b) **CNA 1**, sintetizada pela Embrapa Arroz e Feijão através da introgressão de três novos genótipos, na população CNA IRAT 4, sendo duas fontes de precocidade (Javaé e CNA 6860) e uma de qualidade de grãos e precocidade (Bluebelle). Destina-se às regiões Sudeste, Centro-Oeste e Norte;
- c) **CNA 5**, é uma população de ampla base genética que possui na sua constituição genes das cultivares comerciais Metica 1, BR-IRGA 409 e CICA-8, das cultivares tradicionais De Abril, Paga Dívida, Quebra-Cacho e Brejeiro, das fontes de resistência múltipla à brusone e à mancha-de-grãos Colômbia 1, IR 342 e Basmati 370 e da fonte de macho-esterilidade genética CNA 1. Destina-se às regiões Sudeste, Centro-Oeste e Norte;
- d) **CNA-IRAT P**, sintetizada também através de trabalho colaborativo entre a Embrapa Arroz e Feijão e o CIRAD-CA. É uma população de ampla base genética, formada pelo intercruzamento de linhagens dos grupos indica (arroz irrigado) e Japônica (arroz de sequeiro) e tem como característica marcante, a precocidade e está sendo melhorada na Região Sul do Brasil para ser utilizada como fonte geradora de linhagens de ciclo curto, visando o escape ao frio;

USAR

e) CNA 11, destina-se principalmente à obtenção de linhagens com tolerância genética ao frio e alta produtividade e está sendo trabalhada na Região Sul do Brasil. É constituída de fontes para produtividade, qualidade de grãos, precocidade, tolerância ao frio e à toxidez de ferro e resistência à bicheira de raiz, correspondendo a 26 genitores.

2.4.4.2 Avaliação e seleção das famílias

Na avaliação dos indivíduos ou famílias, a seleção na população base pode ser fenotípica-massal ou através de teste de famílias. A primeira opção é aconselhável quando o caráter apresenta herdabilidade alta e pode ser selecionado visualmente com eficiência. Para os caracteres com menor herdabilidade, a seleção deve ser efetuada a partir de famílias em experimentos com repetição. Em qualquer dos casos, é considerada a fase mais importante, visto que, se as melhores famílias ou indivíduos forem identificados, certamente a recombinação contribuirá para aumentar a frequência de alelos favoráveis na população (Ramalho, 1997). As famílias, na maioria dos casos, são avaliadas nas gerações $S_{0.1}$ e/ou $S_{0.2}$.

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

Lima Neto e Souza Júnior (2000) relatam que 200 progênies S_1 seria o tamanho adequado para avaliação em programas de seleção recorrente.

O método de avaliação recorrente utilizado no melhoramento genético do arroz irrigado, baseia-se na avaliação de 200 a 300 famílias $S_{0,2}$, em cada ciclo, de acordo com Rengel e Neves (1995) e Rangel e Neves (1997).

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

- a) Ano 1 (safra) – Obtenção das famílias. As populações originais (S_0), segregando 50% de plantas macho-férteis (Msms) para 50% de plantas macho-estéreis (msms), são semeadas para a seleção de plantas $S_{0,1}$ macho-férteis. São colhidas cerca de 300 a 350 plantas por população.
- b) Ano 1 (entressafra) – Multiplicação das famílias. Parte das sementes $S_{0,1}$ é armazenada e parte é semeada com o objetivo de aumentar a quantidade de sementes para os ensaios de avaliação de rendimento. Simultaneamente à multiplicação, é feita a seleção das 200 a 300 melhores famílias, considerando-se principalmente resistência às doenças e tipo de grão. Sementes das plantas de cada família são colhidas em “bulk” constituindo as famílias $S_{0,2}$. As famílias $S_{0,1}$ segregam na proporção de 75% de plantas macho-férteis (M_s) para 25% de plantas macho-estéreis (msms).
- c) Ano 2 (safra) – Avaliação das famílias $S_{0,2}$. As 200 a 300 famílias $S_{0,2}$ são avaliadas em ensaios com delineamento experimental de Blocos Aumentados de Federer. As parcelas são constituídas de quatro linhas de cinco metros de comprimento. A seleção das famílias superiores é feita baseando-se na produtividade média, resistência às doenças e tipo de grão. A intensidade de seleção utilizada é de 17 a 25%, garantindo um tamanho efetivo de $N_e=50$. Os ensaios são conduzidos dentro de sistema em rede, formado por várias instituições em todo o país. Das famílias superiores selecionadas com base na média dos vários locais, são identificadas as famílias $S_{0,1}$ correspondentes e misturadas sementes remanescentes em quantidades iguais para a próxima etapa, que é a recombinação. As famílias $S_{0,2}$ selecionadas em cada local são utilizadas para extração de

linhagens para aquele local específico, por meio dos métodos convencionais de melhoramento de autógamias. Maiores detalhes sobre o esquema de extração de linhagens são encontrados em Rangel e Neves (1995).

2.4.4.3 Recombinação das famílias superiores

A terceira etapa ocorre com a recombinação das famílias selecionadas, formando uma nova população, a partir da qual pode-se iniciar outro ciclo de seleção.

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

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

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

em que,

N_e – é o tamanho efetivo;

N – é o número de indivíduos que serão recombinados;

rii – é o coeficiente de parentesco do indivíduo com ele mesmo.

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

Pereira (1980), considerando um modelo genético aditivo, concluiu que o tamanho efetivo necessário para garantir êxito em um processo seletivo depende da estrutura da população, porém o seu valor mínimo deve ser, aproximadamente, 40 para populações de base genética ampla, 25 para populações melhoradas, 50 para populações pouco melhoradas. Hallauer e Miranda Filho (1981), citados por Morais (1997), sugerem utilizar, no mínimo, 20 a 30 famílias nas recombinações. Em esquema de dialelo circulante com 20 parentais, Ramalho (1997) sugere utilizar, na recombinação, a melhor família por população avaliada, que neste caso constitui 20 famílias. Para o arroz, Morais (1997) recomenda, para programas de seleção recorrente com o uso da macho-esterilidade genética, um tamanho efetivo nunca inferior a 50. Neste sentido, Rangel, Zimmermann e Fagundes (1999) relatam que no programa de melhoramento populacional conduzido pela Embrapa Arroz e Feijão tem-se utilizado, na formação da população melhorada, no mínimo 50 famílias $S_{0,1}$, cuja recombinação no campo é feita da maneira como segue:

Ano 2 (entressafra) – A recombinação das famílias selecionadas é feita utilizando 2.400 plantas oriundas das sementes remanescentes $S_{0,1}$, que são misturadas e semeadas em lote isolado. Para que se tenha um bom nível de recombinação, as plantas são transplantadas em três épocas (800 plantas/época), espaçadas uma da outra de sete dias. Na floração as plantas macho-estéreis são identificadas, e na maturação, as sementes destas plantas são colhidas individualmente. Quantidades iguais de sementes de cada planta macho-estéril são misturadas para formar a população de ciclo 1.

A frequência de plantas macho-estéreis nas famílias é de grande importância para que se tenha uma boa recombinação. Assim, ao recombinar famílias $S_{0,1}$, tem-se uma proporção de três plantas macho-férteis para uma macho-estéril, o que fornece no campo uma boa frequência de plantas estéreis. A recombinação das famílias em gerações de autofecundação mais avançada, por exemplo $S_{0,2}$, reduz a frequência de plantas macho-estéreis, implicando na necessidade de aumento do número de plantas da população para que a recombinação não seja prejudicada. Além do mais, na geração $S_{0,2}$, o tamanho efetivo é menor, uma vez que na $S_{0,1}$ existe uma maior variabilidade em decorrência de um maior número de plantas geneticamente diferentes, e assim, com maior tamanho efetivo populacional.

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

Rangel, Zimmermann e Neves (1999) comentam, ainda, que se durante os sucessivos ciclos de seleção recorrente for detectada a necessidade de serem feitas novas introgressões de alelos nas populações, para as características objeto de seleção, essas poderão ser feitas durante o processo de recombinação. Para avaliar as consequências destas introgressões sobre as características em seleção, cada nova fonte de alelos será cruzada com uma amostra de indivíduos macho-estéreis da população. As famílias de meio-irmãos, resultantes destes cruzamentos, serão avaliadas juntamente com as famílias $S_{0,2}$ nos ensaios regionais. Com isto, será possível avaliar a capacidade geral de combinação (CGC) destes indivíduos que poderão participar da população. Se a CGC for significativa no sentido desejado, então a nova fonte de variabilidade apresenta divergência genética em relação à população e pode contribuir com alelos favoráveis para o melhor desempenho desta. Na recombinação seguinte, os novos alelos seriam, então, definitivamente incorporados à população.

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

Suponha que estejam envolvidos 20 genitores, que serão cruzados segundo um esquema de dialelo circulante, em que cada um deles é cruzado com dois outros. Esses cruzamentos são escolhidos de modo que nos sucessivos intercruzamentos a contribuição de cada genitor seja a mesma. Nesse caso, só após a quarta geração é que duas famílias aparentadas voltam a ser cruzadas (ver esquema). Em cada intercruzamento são obtidas 20 populações híbridas. De cada uma delas são obtidas, separadamente, as sementes das gerações F_1 e F_2 (S_0) e geradas, por exemplo, 23 famílias $F_{2,3}$ de cada população para serem avaliadas em experimentos com repetição. Nesses experimentos são incluídas as 23 famílias e mais duas testemunhas, podendo-se adotar o delineamento de látice 5×5 . A melhor família, em cada um dos 20 experimentos, é utilizada na recombinação para a obtenção do ciclo seguinte. Nesse caso, a recombinação é novamente efetuada utilizando um dialelo circulante em que cada família é cruzada com duas outras, seguindo o esquema proposto.

É importante salientar que a cada ciclo seletivo o processo de seleção das famílias é continuado, avaliando-se as gerações seguintes (F_4 , F_5), utilizando os métodos convencionais de condução de populações segregantes. Desse modo, a cada ciclo seletivo, novas e melhores linhagens são disponibilizadas para avaliação e recomendação aos produtores. Salienta-se, ainda, que se uma determinada combinação não produziu famílias com bom desempenho, os dois genitores, ou apenas um deles, podem ser substituídos por uma outra linhagem recém obtida (ou introduzida) de interesse. De modo análogo, se no processo de avaliação das famílias até a homozigose se destacar alguma não envolvida na recombinação, essa poderá ser incluída na recombinação seguinte e com isto o processo de melhoramento torna-se muito dinâmico.

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

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

Fonte: Ramalho, Gonçalves e Souza Sobrinho (1999)

2.4.4.4 Estimativa do progresso genético com a seleção recorrente

A seleção recorrente é um processo de melhoramento demorado e que necessita, portanto, ser avaliado periodicamente com o objetivo de verificar o progresso genético promovido pelo programa ao longo de um determinado período, visando proceder uma análise crítica do mesmo.

Segundo Ramalho (1996), em plantas alógamas, a estimativa do progresso genético é facilmente obtida se for realizada uma avaliação das populações obtidas nos diferentes ciclos, uma vez que, após cada recombinação, o material volta à condição de equilíbrio. Assim, basta armazenar uma amostra das populações correspondente a cada ciclo.

Nas plantas autógamas, entretanto, esse procedimento não poderá ser utilizado. O material intercruzado após cada autofecundação terá sua média alterada em função das frequências alélicas e a presença de dominância. Assim, a comparação do material intercruzado dos diferentes ciclos poderá não refletir o resultado da seleção recorrente. Por essa razão, alguns procedimentos têm sido utilizados para comparar ciclos seletivos em plantas autógamas. Miller e Fehr (1979), por exemplo, compararam as melhores linhagens selecionadas a cada ciclo. Brim e Burton (1979), Kenworthy e Brim (1979) e Uphoff, Fehr e Cianzio (1997) avaliaram uma mistura das linhagens selecionadas nos diferentes ciclos. Ranali (1996) tomou 45 famílias $S_{0.2}$ ao acaso para comparar três ciclos de seleção recorrente em feijão. Uma outra alternativa que pode ser considerada é usar testemunhas comuns a cada ciclo seletivo e acompanhar o progresso genético das famílias avaliadas em relação às testemunhas.

Mais recentemente, Morais, Zimmermann e Rangel (2000) sugeriram fazer a avaliação dos ganhos observados em programas de seleção recorrente com arroz, pela comparação dos resultados médios dos ensaios de avaliação do desempenho dos indivíduos passíveis de seleção a cada ciclo de melhoramento. Neste caso, ao serem realizados os ensaios regionais de avaliação, por exemplo, de famílias $S_{0.2}$, serão comparadas as médias dos grupos de indivíduos dos diferentes ciclos. Para isto, fazem

uma adaptação dos métodos de Vencovsky (Vencovsky et al., 1986) e das Médias Ajustadas (Bresseghe, Morais e Rangel, 1998) à situação típica de seleção recorrente.

Estudos para avaliar o progresso com a seleção recorrente em arroz irrigado foram realizados por Rangel e Zimmermann (1998). Esses autores comparam as produtividades médias de famílias $S_{0,2}$ com zero, um e dois ciclos de seleção recorrente dentro de cada uma das seguintes populações: CNA 1, CNA-IRAT 4 e CNA-IRAT P.

Na população CNA 1, de um ciclo para outro houve um aumento na média da população, que passou de 5051 kg/ha para 5462 kg/ha. Os ganhos genéticos esperados por ciclo de seleção foram, respectivamente, de 4,6% e 3,4%, para as populações CNA 1/0/1 (zero ciclo de seleção) e CNA 1/1/1 (um ciclo de seleção). Rangel e Zimmermann (1998) citam, ainda, que a redução nos ganhos de um ciclo para outro era esperada, já que à medida que a população vai sendo melhorada, os ganhos tendem a ser menores devido à diminuição na variabilidade genética da população.

Com relação à população CNA-IRAT 4/2/1, a produtividade média das famílias selecionadas foi superior à das famílias avaliadas em cerca de 500 kg/ha, com um ganho de seleção de 3,1% ao ano. A produtividade média das famílias passou de 4514 kg/há, com um ciclo de seleção, para 5359 kg/ha, com dois ciclos de seleção recorrente. Os ganhos por seleção reduziram, passando de 6,0% no ciclo 1 para 3,1% no ciclo 2. Na população CNA-IRAT P, a média das famílias selecionadas foi superior à das famílias, avaliadas com um ganho por seleção de 8,8% ao ano (Tabela 3).

2.5 Número de inter cruzamentos na formação da população base em programas de seleção recorrente

O desenvolvimento de populações básicas, utilizando métodos como o da seleção recorrente, passa por uma etapa inicial de seleção de genitores e, posteriormente, por ciclos repetidos de inter cruzamentos que visam acumular a maior quantidade possível de alelos favoráveis. Assim, o número de inter cruzamentos necessários para alcançar a máxima variabilidade é uma informação importante neste processo, já que demanda tempo e recursos. Conforme relatam Guimarães e Fehr

(1989), vários estudos têm sido conduzidos com o intuito de determinar o relacionamento entre o número de gerações de inter cruzamentos com o desempenho de indivíduos e/ou famílias derivadas da população base e a variabilidade liberada.

TABELA 3 - Médias das famílias avaliadas (MFA) e selecionadas (MFS), herdabilidades (h^2), ganhos por seleção em porcentagem da média (Gs) e por ciclo (Gsc), significância do teste F e coeficientes de variação das populações CNA 1, CNA IRAT 4 e CNA IRAT P

Parâmetros	Populações				
	CNA 1/0/1 (3)	CNA 1/1/1 (4)	CNA IRAT 4/1/1 (2)	CNA IRAT 4/2/1 (6)	CNA IRAT P/2/2 (3)
MFA (kg/ha)	5051	5462	4514	5359	4962
MFS (kg/ha)	5983	6087	5346	5892	6152
h^2 (%)	49,9	58,3	55,0	63,0	74,0
Gs (%)	9,2	6,8	12,0	6,3	17,7
Gsc (%)	4,6	3,4	6,0	3,1	8,8
F (P < 0,01)	**	**	**	**	**
CV (%)	20	17	17	22	26

Entre parênteses o número de ensaios conduzidos

FONTE: Rangel e Zimmermann (1998)]

Hanson (1959) avaliou a relação teórica entre o número de gerações de inter cruzamentos e a redução no tamanho de blocos de ligação parentais, concluindo que em programas de melhoramento de plantas autógamas deve ser utilizada pelo menos uma, ou preferencialmente três a quatro gerações de inter cruzamentos entre as plantas, para liberar a variabilidade genética presente nos genitores, antes do início da autofecundação. À semelhança dos resultados obtidos por Hanson (1959), Hensel (1964), citado por Bos (1977), relatou que para um determinado número de parentais, quanto maior o número de ciclos de inter cruzamentos, maior será a representação dos genitores na descendência.

Por outro lado, Pederson (1974), trabalhando com simulação, verificou que o inter cruzamento anterior à seleção nem sempre é vantajoso em termos de liberação de

variabilidade genética dos parentais. Ele utilizou locos ligados em associação e repulsão, os quais estavam distribuídos em segmentos de cromossomas de tamanho variável. Observou que somente quando os alelos estavam em fase de repulsão, as quebras dos blocos de ligação promoveram aumento na variância genética e na frequência relativa de genótipos contendo alelos ligados favoráveis, após repetidas autofecundações. Nas demais condições, o resultado foi o contrário, ou seja, a frequência dos indivíduos de interesse reduziu.

Foi observado também, por meio de simulação, que o inter cruzamento de plantas F_2 não selecionadas não aumenta a chance de obter indivíduos superiores (Bos, 1977). Tanto Pederson (1974) quanto Bos (1977) mencionam que a seleção, seguida da recombinação, é a melhor maneira de incrementar a frequência de alelos favoráveis na população.

Estudos com fumo (*Nicotiana tabacum* L.), sorgo (*Sorghum bicolor* L.) e trigo (*Triticum aestivum* L.) sugerem que cruzamentos ao acaso, seguidos de seleção, podem proporcionar aumento na recombinação genética, elevando, assim, as chances de obtenção de recombinantes desejáveis (Humphrey, Matzinger e Cockerham, 1969; Nordquist et al., 1973; Yumus e Paroda, 1982). Legg, Matzinger e Mann (1965) notaram, em fumo, que a produção decresceu, embora irrisoriamente, após gerações de cruzamentos ao acaso, mas acrescentaram que esse decréscimo poderia ser facilmente evitado por seleção.

Em algodão (*Gossypium hirsutum* L.), foi estudado o efeito do inter cruzamento em vários caracteres agronômicos (Miller e Rawlings, 1967). Estes autores verificaram que a variância diminuiu para as características que estavam ligadas em associação e aumentou para aqueles em repulsão. Os resultados teóricos de Pederson (1974) apoiam esses resultados experimentais. Também em algodão, Meredith e Bridge (1971) relataram que tanto a média quanto a variância para rendimento de linho decresceram após duas gerações de inter cruzamentos. Os ciclos de inter cruzamentos apresentaram êxito na redução da correlação genética negativa entre o rendimento de linho e a resistência da fibra em algodão; uma relação atribuída à fase de repulsão gênica. Entretanto, os autores citam que para um caráter individual como o

rendimento, que deve apresentar tanto fases de associação como de repulsão gênica, as gerações de inter cruzamentos, antes da seleção, não parecem benéficas.

A utilização de uma, duas ou três gerações de inter cruzamentos, dentro de três populações de trigo, não proporcionou aumento da variância genética e nem da frequência de linhagens com alta produtividade de grãos (Altman e Busch, 1984). As linhagens derivadas dos ciclos de inter cruzamentos apresentaram, para produtividade de grãos, comportamento similar ao das linhagens derivadas de cruzamentos biparentais, nas três populações estudadas. Os autores concluíram, portanto, que não houve benefícios proporcionados pela recombinação genética que justificassem a realização de inter cruzamentos ao acaso, em populações F_2 , como um procedimento preliminar, no melhoramento, antes da seleção.

Pesquisas conduzidas por Guimarães e Fehr (1989) objetivaram comparar as respostas genéticas de diferentes estratégias de seleção recorrente para o caráter produtividade de grãos na cultura da soja (*Glycine max* L. Merrill) visando, principalmente, determinar o ganho genético relativo com uma ou com três gerações de inter cruzamentos, entre sucessivos ciclos seletivos. Constataram que a seleção recorrente foi mais eficiente quando foi utilizado um ciclo de recombinação, após duas avaliações das famílias S_1 e S_2 . Em suma, o aumento do número de gerações de inter cruzamentos não aumentou a variância genética e nem a frequência de linhagens com alta produtividade de grãos. Mais tarde, Uphoff, Fehr e Cianzio (1997), com a mesma cultura, compararam ganhos genéticos para produtividade de grãos, em duas estratégias de seleção recorrente: uma e três gerações de inter cruzamentos, após duas avaliações de famílias. Verificaram que com uma geração de inter cruzamento, o ganho genético foi maior (53,8 kg/ha), não justificando, assim, a realização de gerações adicionais de inter cruzamentos.

Utilizando a cevada (*Hordeum vulgare*) para comparar o efeito do inter cruzamento entre os melhores materiais selecionados em cada geração em algumas características agrônômicas, Bajaj et al. (1990) verificaram um incremento linear nas médias com as gerações de inter cruzamentos, indicando que a seleção, seguida de inter cruzamento, foi de alguma maneira efetiva para aumentar a média da

população. No entanto, não verificaram mudanças no coeficiente de variação genética com as gerações de inter cruzamentos.

Lima Neto (1998) conduziu um trabalho com milho com o objetivo de avaliar se uma geração adicional de recombinação liberaria mais variabilidade genética do que uma única geração, como também para verificar se a resposta esperada à seleção, após duas gerações de recombinação, seria de tal magnitude que justificasse a realização do ciclo adicional. Concluiu que não houve diferenças significativas na magnitude dos parâmetros avaliados (média, variância genética, coeficiente de herdabilidade e correlação genética) quando foi realizado um ciclo adicional de recombinação para os dois tipos de famílias considerados (meio-irmãos e irmãos completos), em nenhum dos caracteres avaliados.

No caso do arroz irrigado, já no final da década de setenta, Fujimaki (1979) sugeriu o emprego de três ciclos de inter cruzamentos antes da seleção. Ao que tudo indica, ele fez essa proposição fundamentada no trabalho de Hanson (1959) relatado anteriormente. A partir daí, alguns trabalhos, feitos no campo, foram conduzidos visando a confirmação da necessidade do inter cruzamento.

Avaliando o efeito de 0, 1, 2 e 3 ciclos de inter cruzamentos na população de arroz irrigado CNA IRAT 2/0/0F, sintetizada com nove genitores férteis e um genitor macho-estéril, Marin-Garavito (1994) constatou, conforme é mostrado na Tabela 4, que não houve diferenças estatísticas significativas para os vários caracteres avaliados. Portanto, não houve incrementos nas médias e nem nas variâncias genéticas com o aumento dos ciclos de inter cruzamentos.

Também utilizando a população CNA IRAT 2/0/0F com o intuito de verificar a variabilidade genética entre as linhagens de arroz desenvolvidas em cada ciclo de inter cruzamento, Cabezas-Santacruz (1995) observaram diferenças significativas entre as linhagens dentro de cada ciclo, entretanto não houve diferenças entre as médias dos ciclos de inter cruzamentos.

TABELA 4 – Valores médios para características agrônômicas avaliadas em uma população original (Ciclo 0) de arroz irrigado por inundação contínua e em três ciclos de intercruzamentos na Colômbia

Ciclo	Floração (dias)	Altura (cm)	Produtividade (kg/ha)	Paniculas/ m ²	Grãos inteiros/ panícula	Peso de 100 grãos (g)
0	103,0	88,8	5547,8	163,9	172,3	2,79
1	104,0	91,4	5415,8	170,6	166,1	2,75
2	103,6	88,6	5376,1	173,2	158,3	2,74
3	103,0	87,8	5152,0	173,5	157,5	2,72

FONTE: Adaptado de Marin-Garavito (1994)

Mais recentemente, Ospina et al. (1997), comparando os diversos resultados obtidos na literatura, concluíram que em populações de arroz similares à utilizada por Marin-Garavito (1994) e Cabezas-Santacruz (1995), não há necessidade de realizar mais que um ciclo de intercruzamento antes do emprego de etapas de seleção recorrente. Os autores comentam, ainda, que é provável que, um ciclo de intercruzamento seja suficiente para quebrar os blocos de ligação, obtendo o potencial máximo de variabilidade e, por este motivo, não havendo incremento nesta com a utilização de ciclos extras.

O efeito de intercruzamentos em populações de arroz com o uso de macho-esterilidade genética tem também, ultimamente, sido avaliado em nível molecular. Ferreira et al. (2000) avaliaram o efeito da linhagem macho-estéril na composição genotípica das famílias recombinantes resultantes de um e três ciclos de intercruzamentos sem seleção na população de arroz irrigado CNA 5, com o auxílio de microssatélites. Esta população que foi sintetizada com 22 genitores e uma linhagem macho-estéril é composta por materiais bastante divergentes, como cultivares adaptadas, tradicionais, e fontes de resistência a doenças (não adaptados ou pouco adaptados). Os resultados nos sete locos analisados evidenciaram o desaparecimento de alguns alelos (diminuição da variabilidade genética) presentes nos genitores à medida que os ciclos de intercruzamento avançaram. Os autores comentam que isto poderia ser um indicativo de que a estratégia de seleção recorrente utilizada leva a uma

redução (prematura) de alelos à medida que aumentam os ciclos de intercruzamentos, ou seja, algum(s) genitor(es) são favorecidos no processo de polinização cruzada. Como uma característica dessa estratégia de seleção recorrente é a utilização, em cada ciclo de intercruzamento, da macho-esterilidade genética, estaria ocorrendo aumento na frequência dos alelos existentes no genitor doador do alelo de macho-esterilidade, tendo em vista que foi observado, em quatro locos analisados, incremento acentuado na frequência do alelo, atribuído ao genitor macho-estéril.

2.6 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

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

A variabilidade genética em gerações segregantes de espécies autógamas segue um modelo preciso com o decorrer das gerações de endogamia, e esta variabilidade genética é função do coeficiente de endogamia da geração. Souza Júnior (1989) faz a decomposição da variância genética total ($\hat{\sigma}_G^2$) em função do coeficiente de endogamia (F), ou seja:

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

Em que,

σ_A^2 : variância genética aditiva, associada aos efeitos médios dos genes;

σ_D^2 : variância genética devida aos efeitos de dominância, isto é, associada aos efeitos de interação intra-alélicas;

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

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

H: quadrado da depressão por endogamia.

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

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

sendo que,

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

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

Quando a frequência alélica for diferente de 0,5, D_1 e D_2 serão diferentes de zero, que é o que ocorre no caso da seleção recorrente, na qual são envolvidos vários genitores. Os coeficientes dos componentes da variância genética aproveitáveis na seleção ($\hat{\sigma}_A^2$, D_1 e D_2) aumentam com o aumento da endogamia da população segregante, e são, máximos quando a endogamia completa é atingida. Como D_1 é uma covariância, ela pode ser negativa e, nesse caso, é preciso ponderar a vantagem advinda do aumento do número de gerações de autofecundação para o aumento de $\hat{\sigma}_A^2$, com o decorrente aumento, também, no coeficiente de D_1 . Entretanto, são poucas as estimativas de D_1 disponíveis para que a decisão possa ser melhor tomada (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

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

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

Gerações	F	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	D ₁	D ₂	H
S ₀	0	1,00	1,00	0,00	0,00	0,00
S ₁	½	1,50	0,50	2,00	0,50	0,25
S ₂	¾	1,75	0,25	3,00	0,75	0,19
S ₃	7/8	1,88	0,13	3,50	0,88	0,11
S ₄	15/16	1,94	0,06	3,75	0,94	0,06
S ₅	31/32	1,97	0,03	3,88	0,97	0,03
S ₆	63/64	1,98	0,02	3,98	0,98	0,02
·	·	·	·	·	·	·
·	·	·	·	·	·	·
·	·	·	·	·	·	·
S _∞	1	2,00	0,00	4,00	1,00	0,00

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

genes, por isso os caracteres variam imensamente quanto à herdabilidade. Um caráter com alta herdabilidade deve ser selecionado na fase inicial dos avanços de geração.

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

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

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

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

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

Vários estudos com populações de arroz irrigado foram conduzidos com o objetivo de avaliar o potencial genético delas para fins de melhoramento. O primeiro estudo desta natureza foi conduzido por Morais (1992) na população CNA-IRAT 4/0/3, no qual foram obtidos ganhos de 7,24% por ciclo de seleção recorrente, para produtividade de grãos. Através das estimativas de outros parâmetros (herdabilidade, coeficiente de variação genética e índice de variação), o autor concluiu que a população possui potencial genético para fins de melhoramento, desde que manejada adequadamente.

Posteriormente, Rangel, Zimmermann e Neves (1998) avaliaram 162 famílias S_{02} , precoces e de ciclo médio, extraídas, respectivamente, das populações CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4 ME. As estimativas dos coeficientes de variação genética para produtividade de grãos (10,40 a 10,90%), floração (2,50 a 2,92%), brusone na panícula (9,07 a 12,01%) e mancha parda (6,28 a 9,59%), e herdabilidade para produtividade de grãos (51,9 a 54,8%), evidenciaram a presença de suficiente variabilidade genética e a possibilidade de serem obtidos ganhos expressivos. As respostas à seleção, para a característica produtividade de grãos, foram de 4,9% e 6,0% nas populações precoces e de ciclo médio, respectivamente.

Rodriguez, Rangel e Morais (1998) avaliaram o potencial da população CNA 1 para fins de melhoramento, por meio das estimativas de seus parâmetros genéticos e das respostas diretas e indiretas à seleção, como também pelo índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). As características produtividade de grãos (20,50%), brusone na folha (11,71%), altura de plantas (13,20%), número de espiguetas por panícula (11,09%) e porcentagem de grãos cheios (9,33%) mostraram alta variabilidade, evidenciada pelas estimativas dos coeficientes de variação genética. Os ganhos por seleção direta ou pelo índice clássico quanto à produtividade de grãos foram de mesma magnitude, cerca de 24%, dando um ganho por ciclo de seleção de 12%. Entretanto, segundo os autores, na seleção baseada no índice, obteve-se resposta favorável em relação à brusone na folha, evidenciando a possibilidade de aumentar simultaneamente a produtividade e a resistência a esta doença, na população melhorada.

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

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

PROD – produtividade de grãos; AP – altura das plantas; NDF – número de dias para o florescimento; P100 – peso de 100 grãos. NPP – n° de panículas por planta; NEP – n° de espiguetas por panícula.

2.7 Correlação entre caracteres

Além dos parâmetros já mencionados, as estimativas de correlações que medem o grau de associação entre dois ou mais caracteres são também de grande importância nos programas de melhoramento, pois há a preocupação de aprimorar o material, não para uma característica isolada, mas para um conjunto de caracteres simultaneamente (Vencovsky e Barriga, 1992).

A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população é fenotípica. Esta correlação tem causas genéticas e ambientais, porém, só as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável, podendo, por conseguinte, ser utilizadas na orientação de programas de melhoramento. Assim, em estudos genéticos, é indispensável distinguir e quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres (Cruz e Regazzi, 1997).

A ocorrência de correlação genética, positiva e negativa entre dois caracteres é, segundo Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), devida à pleiotropia ou à ligação gênica entre os genes responsáveis por essas características. A causa da correlação genética é, principalmente, a pleiotropia. Ligações gênicas são causas transitórias que podem ser eliminadas à medida que ocorre permuta entre os genes ligados.

Se dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio de seleção indireta no outro associado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. Entretanto, se um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve ser tomado o cuidado de, ao selecionar esse, não provocar mudanças indesejáveis em outros (Cruz e Regazzi, 1997).

A correlação ambiental mede o grau de associação entre caracteres devido a fatores ambientais. Ela ocorre sempre que dois ou mais caracteres forem influenciados pelos mesmos fatores ambientais. Será positiva quando o efeito ambiental atuar na mesma direção dos caracteres e negativa em caso contrário. As correlações genéticas e

de ambiente muitas vezes diferem em magnitude e, algumas vezes, em sinal. A diferença em sinal entre as duas correlações indica que as causas genéticas e de ambiente afetam os caracteres através de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer, 1987).

Vários trabalhos foram realizados com a cultura do arroz, nos quais foram obtidas correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. Soares (1987), avaliando 47 cultivares e linhagens de arroz irrigado em duas localidades de Minas Gerais, obteve correlação genética positiva de produtividade de grãos com número de espiguetas por panícula, porcentagem de grãos cheios e com a fertilidade de perfilhos em uma localidade. No outro local, a produção de grãos foi correlacionada positivamente com vigor inicial, fertilidade de perfilhos, número de colmos e de panículas por metro quadrado e com peso de 100 grãos. Baseando-se nestes dados, o autor conclui que as características porcentagem de grãos cheios e peso de 100 grãos devem ser consideradas prioritárias em programas de melhoramento de arroz que visem obter cultivares mais produtivas.

Avaliando 60 famílias $S_{0.1}$ e 59 famílias de meio-irmãos oriundas da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3, Morais (1992) obteve elevadas correlações genéticas positivas entre produção de grãos e número de panículas e entre altura de planta e comprimento de panícula e correlação genética negativa de alta magnitude entre altura de planta e número de panículas por planta. Sugeriu, então, que ao fazer seleções para produção, deve-se empregar procedimentos que evitem a seleção de plantas altas, pois, segundo Jennings, Coffmann e Kaufmann (1981), porte alto, mais do que qualquer outra característica, favorece o acamamento, causando sérios prejuízos à produção, principalmente em arroz irrigado.

Com a população de arroz irrigado CNA 1, Rodriguez (1995) chegou a resultados semelhantes aos de Soares (1987). Obteve alta correlação genética positiva entre produtividade de grãos e porcentagem de grãos cheios. Outros caracteres, como floração e altura da planta, apresentaram coeficientes de correlação genética e fenotípicos negativos com produtividade de grãos.

Estimativas de coeficientes de correlação genética obtidos com famílias $S_{0.2}$ de populações segregantes de arroz irrigado por inundação contínua evidenciaram que produtividade de grãos e altura de planta apresentaram correlação genética positiva, ou seja, a seleção para maior produtividade de grãos resultou em aumento na altura das plantas. Outra correlação positiva e significativa foi entre produtividade de grãos e floração, obtida em duas gerações ($S_{0.2}$ e $S_{0.3}$). A seleção, para o aumento da primeira, resultou em acréscimos no número de dias para o florescimento (Santos, 1996).

Posteriormente, Rangel, Zimmermann e Neves (1998), com as populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4 PR e CNA-IRAT 4 ME, encontraram correlações genéticas positivas e altamente significativas entre produtividade de grãos com as doenças brusone na panícula e mancha parda. Entretanto, não obtiveram correlação significativa entre dias para o florescimento e produtividade de grãos.

2.8 Interação genótipos por ambientes

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

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

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

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

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

dificultado, pois a recomendação da cultivar só pode ser feita para um ambiente específico.

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

Rangel (1990) avaliou linhagens de arroz irrigado e de várzea úmida, obtidas independentemente em cada um desses sistemas de cultivo, com o objetivo de estudar os efeitos da interação genótipos x ambientes na seleção simultânea para produtividade de grãos nos dois ambientes. Pelos resultados obtidos, verificou-se que as interações genótipos x ambientes, apesar de altamente significativas, foram de baixas magnitudes quando comparadas com as variâncias genéticas entre linhagens. As superioridades dos ganhos genéticos nas linhagens de várzea, juntamente com os altos valores para as correlações entre ambientes e coeficientes de concordância, indicaram ser perfeitamente viável o desenvolvimento de um programa de melhoramento genético de arroz irrigado, com as seleções iniciais (até F_3) somente em várzea úmida, e as avaliações e seleções finais nos dois sistemas de cultivo, independentemente.

Trabalho semelhante foi realizado por Soares (1993), que avaliou linhagens F_6 de arroz oriundas de dois cruzamentos avançados desde a geração F_2 , independentemente, nos sistemas de cultivo irrigado por inundação contínua e várzea úmida, durante dois anos (1988/89 e 1989/90). Foi estudada a possibilidade de efetuar, em apenas um dos ambientes, a seleção preliminar de genótipos de arroz promissores para ambos os sistemas de cultivo. Como as interações genótipos x ambientes foram não significativas, o autor concluiu a viabilidade de condução de populações segregantes (até F_5 ou F_6) e seleção de famílias no sistema de cultivo irrigado e a avaliação e seleção final das linhagens realizadas tanto no ambiente irrigado como em várzea úmida, de maneira independente e concomitante.

Santos (1996), avaliando famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ extraídas de populações segregantes de um programa de seleção recorrente com arroz irrigado, em dois locais do Estado de Minas Gerais (Lambari e Cambuquira), nos anos agrícolas 1992/93 e 1993/94, concluiu que a contribuição da interação famílias x anos, para a variação fenotípica total, foi pequena, indicando não haver necessidade de avaliações das famílias em outras gerações além de $S_{0.2}$. A interação famílias x local não foi expressiva, possibilitando inferir que, nas próximas avaliações, os experimentos poderiam ser conduzidos em apenas um dos locais. Posteriormente, Santos (2000), avaliou 23 populações segregantes de arroz de terras altas, também em Minas Gerais, em dois locais (Lavras e Patos de Minas) e em dois anos (1996/97 e 1997/98). Foi evidenciada a presença das interações famílias x anos e famílias x locais, indicando o comportamento não coincidente das famílias nos dois anos e também nos dois locais. Outro aspecto que foi destacado é que a variância da interação família x anos, foi mais pronunciada que a variância famílias x locais, representando 9% e 5%, respectivamente, da variância genética entre famílias.

As populações de arroz irrigado do programa de seleção recorrente da Embrapa Arroz e Feijão normalmente são avaliadas através de suas famílias $S_{0.2}$, em várias regiões do país, que apresentam características ambientais diferentes. Conseqüentemente, os efeitos da interação genótipos x ambientes devem ser pronunciados. A escolha das melhores famílias para recombinação é baseada na média de produtividade de grãos, obtida dos vários ambientes utilizados, diminuindo os efeitos da interação genótipos x ambientes. Entretanto, é preciso considerar que a ocorrência de interação complexa não garante a seleção das melhores famílias para cada ambiente, e deste modo o programa de melhoramento pode perder em eficiência. Do exposto, torna-se necessário que mais estudos envolvendo locais, gerações de avaliações ($S_{0.2}$ e $S_{0.3}$) e anos sejam realizados com o intuito de estudar os efeitos da interação genótipos x ambientes, com vistas a melhorar a eficiência do processo seletivo.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais

Os experimentos foram conduzidos nos municípios de Lambari – Minas Gerais e Goianira – Goiás. Em Lambari, situado na região sul do estado, a 845 metros de altitude, 21°31'S de latitude e 45°22'W de longitude, foi utilizada área de várzea, com solo do tipo Glei Pouco Húmico, pertencente à Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG). Em Goianira, os ensaios foram instalados em base física de propriedade da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Arroz e Feijão, Fazenda Palmítal, em área de várzea com solo do tipo Glei Pouco Húmico, situada a 823 metros de altitude, latitude de 16°28'S e longitude de 49°17'W.

3.2 Obtenção do material experimental


Foi utilizada a população de arroz irrigado denominada CNA 5. Esta população foi sintetizada pela Embrapa Arroz e Feijão, utilizando como componentes a população CNA 1, que foi a fonte de macho-esterilidade genética; as cultivares comerciais Metica 1, BR-IRGA 409 e CICA 8; as fontes de resistência múltipla às doenças fúngicas brusone e mancha-dos-grãos Colômbia 1, IR 342 e Basmati 370, e as cultivares tradicionais de arroz de várzea De Abril, Paga Dívida, Quebra Cacho e Brejeiro (Tabela 7).

A população CNA 1 foi sintetizada a partir da colheita de 70 plantas macho-férteis precoces, selecionadas na população CNA-IRAT 4/0/5. Os algarismos correspondem, respectivamente, ao número da população e aos números de ciclos de seleção e recombinação. Sementes de cada planta, em quantidades iguais, foram misturadas constituindo a população original. Posteriormente foi feita a introgressão de três novas linhagens na população, sendo duas fontes de precocidade (Javaé e CNA 6860) e uma de qualidade de grãos (Bluebelle). Esta nova população foi intercruzada por uma vez, originando a população CNA 1.

TABELA 7 – Relação das cultivares/linhagens constituintes da população CNA 5, seus respectivos genitores e a participação relativa de cada uma na população

Cultivar/linhagem	Genitores	Participação relativa
Metica 1	P 738 / P 881 // P 738 / P 868	7,50
BR-IRGA 409	IR 665-31-2-4 / IR 930-2	7,50
Cica 8	CICA 4 // IR 665 / Tetep	7,50
Colômbia 1	Napal / Takao Iku 18	7,50
IRI 342	Milyang 23 / IR 1545	7,50
Basmati 370	Cultivar do Paquistão	7,50
De Abril	Cultivar Tradicional – Brasil	7,50
Paga Dívida	Cultivar Tradicional – Brasil	7,50
Quebra Cacho	Cultivar Tradicional – Brasil	7,50
Brejeiro	Cultivar Tradicional – Brasil	7,50
CNA 1	População	25,00
- IR 36 (msms)	Mutante de IR 36	4,69
- BG 90-2	IR 262 / Remadja	1,56
- CNA 7	T 141 / IR 665-1-175-3	1,56
- CNA 3815	CICA 4 / BG 90-2 / SML 5617	1,56
- CNA 3848	5461 // IR 36 / CICA 7	1,56
- CNA 3887	4440 // BG 90-2 / Tetep	1,56
- Colômbia 1	Napal / Takao Iku 18	1,56
- Eloni	IR 454 / SML Kapuri // SML 66H10	1,56
- Nanicão	Cultivar Tradicional – Brasil	1,56
- UPR 103-80-1-2	IR 24 / Cauvery	1,56
- Bluebelle	CI 9214 // Century Patna / CT 9122	2,08
- CNA 6860	Lemont / Q 65101 // P 2015	2,08
- Javaé	P 3085 // IR 5853-118-5 / IR 19743-25-2-2-3-1	2,08

A formação da população CNA 5 iniciou em 1992/93, com o cruzamento de cada uma das dez cultivares de arroz irrigado, citadas anteriormente, com plantas macho-estéreis da população CNA 1. Em seguida, cada um dos F_1 's resultantes foi cruzado, como parental masculino, com a cultivar de número subsequente, para adiantar a recombinação, diminuir a participação da população CNA 1 no conjunto gênico e permitir a diversidade citoplasmática. Os F_1 's triplos cujos genótipos são



férteis, homozigotos (MsMs) e heterozigotos (Msms) para o gene da macho-esterilidade, foram autofecundados para restabelecer o genótipo macho-estéril (msms), que são essenciais para a recombinação à campo. As sementes obtidas da autofecundação foram misturadas em quantidades iguais, originando a população com 0 (zero) inter cruzamento (CNA5/0/0). Posteriormente, a população CNA 5/0/0 foi levada à campo para a primeira recombinação. Para tanto, sementes da população foram semeadas em lote isolado, em três épocas de semeadura espaçadas uma da outra de sete dias. Em cada época foram obtidas cerca de 800 plantas. Na floração, as plantas macho-estéreis foram identificadas e marcadas e as suas sementes colhidas individualmente. Quantidades iguais de sementes de cada planta foram misturadas, obtendo-se a população com um inter cruzamento (CNA 5/0/1). Procedimento semelhante foi utilizado na obtenção das populações com dois (CNA 5/0/2), três (CNA 5/0/3) e quatro (CNA 5/0/4) inter cruzamentos, partindo-se sempre da população anterior. A Figura 2, mostra de maneira esquemática as fases de obtenção das populações e avaliação das famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$.

Em novembro de 1997, as cinco populações, ou seja, com 0, 1, 2, 3 e 4 inter cruzamentos, foram semeadas no campo para colheita individual de 60 plantas macho-férteis $S_{0.1}$ de cada população, correspondendo a 300 famílias no total. Em maio de 1998, as 300 famílias foram semeadas no Campo Experimental do Formoso do Araguaia, no Tocantins, para a obtenção da geração $S_{0.2}$.

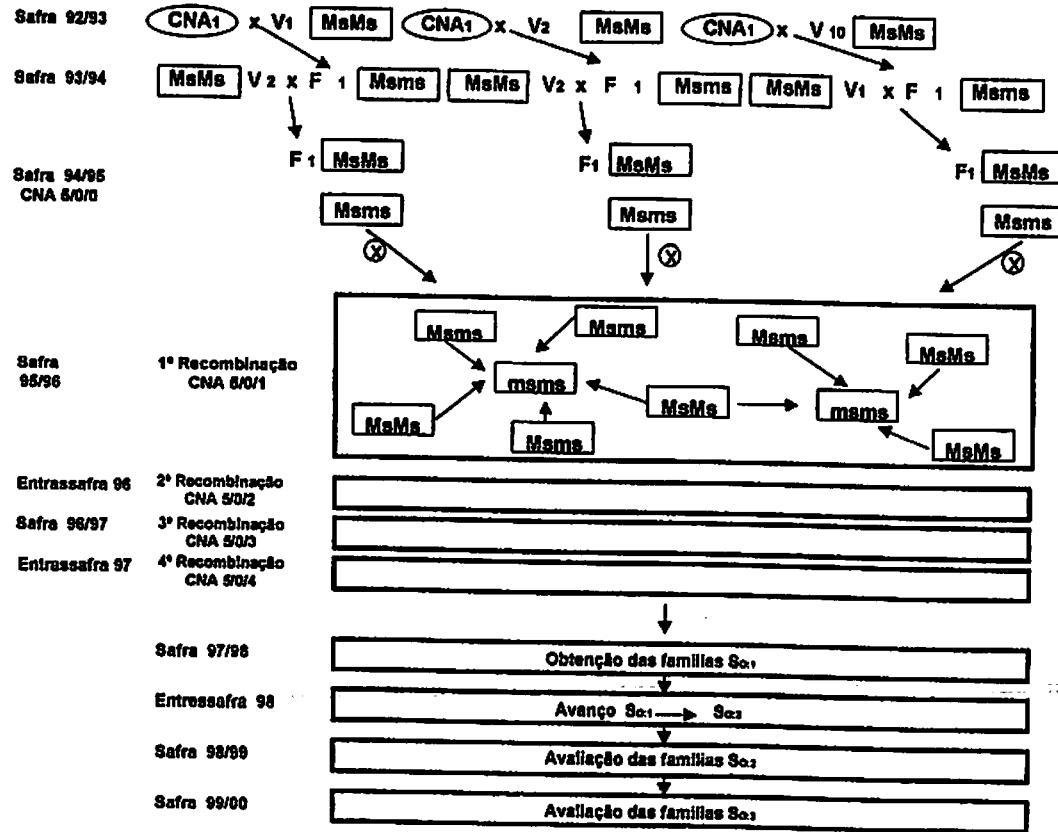


FIGURA 2 – Fases de obtenção das populações e avaliação das famílias (FONTE: adaptado de Rangel, Morais e Castro, 1998).

3.3 Condução dos experimentos

Durante os anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente, foram conduzidos dez experimentos, sendo cinco com as famílias na geração $S_{0,2}$ e cinco com as famílias na geração $S_{0,3}$, nos dois locais, perfazendo um total de 20 experimentos.

As famílias foram agrupadas por experimento, de acordo com o ciclo ou número de inter cruzamento correspondente, como segue:

Experimento 1 (C_0): 60 famílias do inter cruzamento 0 (zero) + quatro cultivares testemunhas

Experimento 2 (C_1): 60 famílias do inter cruzamento 1 + quatro cultivares testemunhas

Experimento 3 (C_2): 60 famílias do inter cruzamento 2 + quatro cultivares testemunhas

Experimento 4 (C_3): 60 famílias do inter cruzamento 3 + quatro cultivares testemunhas

Experimento 5 (C_4): 60 famílias do inter cruzamento 4 + quatro cultivares testemunhas

As cultivares testemunhas Metica 1, CICA 8, BR-IRGA 409 e Javaé foram comuns a todos os experimentos.

O delineamento experimental para cada ensaio foi o de látice triplo 8 x 8. As parcelas foram constituídas de duas linhas de dois metros de comprimento, com espaçamento de 30 cm entre linhas e densidade de 100 sementes por metro.

A adubação e os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações de Soares (2000). O sistema de irrigação utilizado foi o de inundação contínua, mantendo-se uma lâmina de água em torno de 10 cm até a maturação de todas as famílias.

3.4 Coleta de dados

Foi efetuada de acordo com a metodologia preconizada no Standard Evaluation System for Rice (IRRI, 1996) e no Manual de Métodos de Pesquisa em Arroz (Embrapa, 1977).

Foram avaliadas as seguintes características:

- a) Altura de planta – distância média, em cm, do solo até a extremidade da panícula do colmo principal, obtida de dez plantas, tomadas ao acaso, na época da maturação;
- b) Floração média – número de dias da semeadura até 50% da emissão das panículas;
- c) Peso de 100 grãos – peso em gramas, obtido em balança de precisão, de 100 grãos tomados ao acaso em cada parcela, após a colheita;
- d) Produtividade de grãos – em gramas por parcela, após limpeza e secagem dos grãos.

3.5 Análise estatística dos dados

Inicialmente, para cada local, em cada geração, para as quatro características avaliadas, foram realizadas análises de variância individuais, considerando o delineamento de látice e todos os efeitos do modelo, exceto a média, como aleatórios. Em seguida, foram realizadas análises de variância combinadas por local para cada geração e característica, reunindo os experimentos em uma só análise, de acordo com o procedimento relatado por Ramalho, Ferreira e Oliveira (2000), considerando-se como aleatórios todos os efeitos do modelo, com exceção da média. Com as médias ajustadas, procedeu-se a decomposição da fonte de variação tratamentos, conforme é apresentado na Tabela 8.

TABELA 8 – Esquema da análise de variância combinada, por local, em cada geração, com as fontes de variação, graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM), as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e os testes de F, considerando aleatório o efeito de famílias

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)	F
Repetição/Ciclo	12	QM ₁	-	QM ₁ /QM ₁₃
Bloco/rep/ciclo	111 ¹	QM ₂	-	QM ₂ /QM ₁₃
Tratamentos	302	QM ₃	-	QM ₃ /QM ₁₃
- Entre famílias/ciclo	298	QM ₄	-	QM ₄ /QM ₁₃
- Entre famílias/C ₀ ²	58	QM ₅	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_{1/C_0}}^2$	QM ₅ /QM ₁₃
- Entre famílias/C ₁	59	QM ₆	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_{2/C_1}}^2$	QM ₆ /QM ₁₃
- Entre famílias/C ₂	59	QM ₇	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_{3/C_2}}^2$	QM ₇ /QM ₁₃
- Entre famílias/C ₃	59	QM ₈	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_{4/C_3}}^2$	QM ₈ /QM ₁₃
- Entre famílias/C ₄	59	QM ₉	$\sigma_e^2 + r\sigma_{G_{5/C_4}}^2$	QM ₉ /QM ₁₃
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	QM ₁₀	-	QM ₁₀ /QM ₁₃
- Entre testemunhas	3	QM ₁₁	-	QM ₁₁ /QM ₁₃
- Testemunhas vs. Famílias	1	QM ₁₂	-	QM ₁₂ /QM ₁₃
Erro médio	531	QM ₁₃	σ_e^2	-
Total	956			

¹ graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.

² Foram avaliadas 59 famílias, devido a uma família não ter germinado.

Posteriormente foram efetuadas análises de variância conjuntas, considerando os dois locais, por geração, e análises de variância conjuntas envolvendo todos os ambientes (locais e gerações), para as quatro características, considerando efeitos fixos, as fontes de variação local, geração e média; e as demais efeitos aleatórios. O teste de homocedasticidade dos quadrados médios, proposto por Gomes (1990), foi aplicado, indicando possibilidade de realização das análises conjuntas.

Os esquemas das análises de variância conjunta por geração e conjunta envolvendo todos os locais e gerações, com as fontes de variação, graus de liberdade,

esperanças dos quadrados médios e os testes F, são apresentados nas Tabelas 9 e 10, respectivamente. As esperanças dos quadrados médios e os testes F foram obtidos conforme as recomendações de Vencovsky e Barriga (1992) e Ramalho, Ferreira e Oliveira (2000).

Todas as análises de variância foram realizadas utilizando o programa SAS (SAS Institute Inc., 1985), pelo procedimento GLM (Modelos lineares generalizados).

Para elucidar melhor as interações observadas, foi estimado o coeficiente de correlação genética entre o desempenho médio das famílias para os diferentes números de inter cruzamentos, nos ambientes dois a dois para todas as características avaliadas, pela expressão apresentada por Vencovsky e Barriga (1992) e Cruz e Regazzi (1997):

$$r_{j'j} = \frac{COV_{j'j}}{\sqrt{\sigma_{Gj}^2 \sigma_{Gj'}^2}}, \text{ em que}$$

$r_{j'j}$: coeficiente de correlação genética entre o desempenho médio das famílias nos ambientes j e j' ;

$COV_{j'j}$: covariância genética entre o desempenho médio das famílias nos ambientes j e j' ;

σ_{Gj}^2 : variância genética entre famílias no ambiente j ;

$\sigma_{Gj'}^2$: variância genética entre famílias no ambiente j' .

TABELA 9 – Esquema de análise de variância conjunta, por geração, com as fontes de variação, graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM), as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e os testes F, considerando fixo o efeito de locais e aleatório de famílias

Fonte de variação	Gl	QM	E(QM)	F
Repetição/Ciclo/local	24	QM ₁	-	QM ₁ /QM ₂₀
Bloco(rep/ciclo/local)	222 ^{II}	QM ₂	-	QM ₂ /QM ₂₀
Local	1	QM ₃	-	QM ₃ +QM ₂₀ / QM ₂ +QM ₂₃
Tratamentos	302	QM ₄	-	QM ₄ /QM ₂₀
- Entre famílias/ciclo	298	QM ₅	-	QM ₅ /QM ₂₀
- Entre famílias/C ₀	58	QM ₆	$\sigma_e^2 + r l \sigma_{G_{F1C_0}}^2$	QM ₆ /QM ₂₀
- Entre famílias/C ₁	59	QM ₇	$\sigma_e^2 + r l \sigma_{G_{F1C_1}}^2$	QM ₇ /QM ₂₀
- Entre famílias/C ₂	59	QM ₈	$\sigma_e^2 + r l \sigma_{G_{F1C_2}}^2$	QM ₈ /QM ₂₀
- Entre famílias/C ₃	59	QM ₉	$\sigma_e^2 + r l \sigma_{G_{F1C_3}}^2$	QM ₉ /QM ₂₀
- Entre famílias/C ₄	59	QM ₁₀	$\sigma_e^2 + r l \sigma_{G_{F1C_4}}^2$	QM ₁₀ /QM ₂₀
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	QM ₁₁	-	QM ₁₁ /QM ₂₀
- Entre testemunhas	3	QM ₁₂	-	QM ₁₂ /QM ₂₀
- Testemunhas vs. Famílias	1	QM ₁₃	-	QM ₁₃ /QM ₂₀
Tratamentos x local	302	QM ₁₄	-	QM ₁₄ /QM ₂₀
- Entre famílias x local/ciclo	298	QM ₁₅	-	QM ₁₅ /QM ₂₀
- Entre famílias x local/C ₀	58	QM ₁₆	$\sigma_e^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma_{G_{F21C_0}}^2$	QM ₁₆ /QM ₂₀
- Entre famílias x local/C ₁	59	QM ₁₇	$\sigma_e^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma_{G_{F21C_1}}^2$	QM ₁₇ /QM ₂₀
- Entre famílias x local/C ₂	59	QM ₁₈	$\sigma_e^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma_{G_{F21C_2}}^2$	QM ₁₈ /QM ₂₀
- Entre famílias x local/C ₃	59	QM ₁₉	$\sigma_e^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma_{G_{F21C_3}}^2$	QM ₁₉ /QM ₂₀
- Entre famílias x local/C ₄	59	QM ₂₀	$\sigma_e^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma_{G_{F21C_4}}^2$	QM ₂₀ /QM ₂₀
- Entre tipos de famílias x local	4	QM ₂₁	-	QM ₂₁ /QM ₂₀
Entre testemunhas x local	3	QM ₂₂	-	QM ₂₂ /QM ₂₀
Testemunhas vs. famílias x local	1	QM ₂₃	-	QM ₂₃ /QM ₂₀
Erro médio	1062	QM ₂₄	σ_e^2	-
Total	1913			

^{II} graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para não ortogonalidade do modelo

r, l representam, respectivamente, repetição e local

TABELA 10 – Esquema de análise de variância conjunta envolvendo todos os locais e gerações, com as fontes de variação, graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM), as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] e os testes F, considerando fixos os efeitos de locais e gerações e aleatórios de famílias

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)	F
Repetição/Ciclo/Gera/local	48	QM ₁	-	QM ₁ /QM ₄₆
Bloco/rep/ciclo/Gera/local	444 ^h	QM ₂	-	QM ₂ /QM ₄₆
Local	1	QM ₃	-	QM ₃ +QM ₄₆
Geração	1	QM ₄	-	QM ₄ +QM ₄₆
Geração x local	1	QM ₅	-	QM ₅ +QM ₄₆
Tratamentos	302	QM ₆	-	QM ₆ +QM ₄₆
- Entre famílias/ciclo	298	QM ₇	-	QM ₇ /QM ₄₆
- Entre famílias/C ₀	58	QM ₈	$\sigma_e^2 + r \lg \sigma_{GF/C_0}^2$	QM ₈ /QM ₄₆
- Entre famílias/C ₁	59	QM ₉	$\sigma_e^2 + r \lg \sigma_{GF/C_1}^2$	QM ₉ /QM ₄₆
- Entre famílias/C ₂	59	QM ₁₀	$\sigma_e^2 + r \lg \sigma_{GF/C_2}^2$	QM ₁₀ /QM ₄₆
- Entre famílias/C ₃	59	QM ₁₁	$\sigma_e^2 + r \lg \sigma_{GF/C_3}^2$	QM ₁₁ /QM ₄₆
- Entre famílias/C ₄	59	QM ₁₂	$\sigma_e^2 + r \lg \sigma_{GF/C_4}^2$	QM ₁₂ /QM ₄₆
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	QM ₁₃	-	QM ₁₃ /QM ₄₆
- Entre testemunhas	3	QM ₁₄	-	QM ₁₄ /QM ₄₆
- Testemunhas vs. Famílias	1	QM ₁₅	-	QM ₁₅ /QM ₄₆
Tratamentos x local	302	QM ₁₆	-	QM ₁₆ /QM ₄₆
- Entre famílias x local/ciclo	298	QM ₁₇	-	QM ₁₇ /QM ₄₆
- Entre famílias x local/C ₀	58	QM ₁₈	$\sigma_e^2 + \frac{l}{l-1} r g \sigma_{G_{PL}/C_0}^2$	QM ₁₈ /QM ₄₆
- Entre famílias x local/C ₁	59	QM ₁₉	$\sigma_e^2 + \frac{l}{l-1} r g \sigma_{G_{PL}/C_1}^2$	QM ₁₉ /QM ₄₆
- Entre famílias x local/C ₂	59	QM ₂₀	$\sigma_e^2 + \frac{l}{l-1} r g \sigma_{G_{PL}/C_2}^2$	QM ₂₀ /QM ₄₆
- Entre famílias x local/C ₃	59	QM ₂₁	$\sigma_e^2 + \frac{l}{l-1} r g \sigma_{G_{PL}/C_3}^2$	QM ₂₁ /QM ₄₆
- Entre famílias x local/C ₄	59	QM ₂₂	$\sigma_e^2 + \frac{l}{l-1} r g \sigma_{G_{PL}/C_4}^2$	QM ₂₂ /QM ₄₆
- Entre tipos de famílias x local	4	QM ₂₃	-	QM ₂₃ /QM ₄₆
Entre testemunhas x local	3	QM ₂₄	-	QM ₂₄ /QM ₄₆
Testemunhas vs. famílias x local	1	QM ₂₅	-	QM ₂₅ /QM ₄₆

TABELA 10 – Continuação

Tratamentos x Geração	302	QM ₂₆	-	QM ₂₆ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração/ciclo	298	QM ₂₇	-	QM ₂₇ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração/C ₀	58	QM ₂₈	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} r l \sigma_{G_{P20/C_0}}^2$	QM ₂₈ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração/C ₁	59	QM ₂₉	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} r l \sigma_{G_{P21/C_1}}^2$	QM ₂₉ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração/C ₂	59	QM ₃₀	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} r l \sigma_{G_{P22/C_2}}^2$	QM ₃₀ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração/C ₃	59	QM ₃₁	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} r l \sigma_{G_{P23/C_3}}^2$	QM ₃₁ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração/C ₄	59	QM ₃₂	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} r l \sigma_{G_{P24/C_4}}^2$	QM ₃₂ /QM ₄₆
- Entre tipos de famílias x geração	4	QM ₃₃	-	QM ₃₃ /QM ₄₆
Entre testemunhas x geração	3	QM ₃₄	-	QM ₃₄ /QM ₄₆
Testemunhas vs. famílias x geração	1	QM ₃₅	-	QM ₃₅ /QM ₄₆
Tratamentos x geração x local	302	QM ₃₆	-	QM ₃₆ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração x local/ciclo	298	QM ₃₇	-	QM ₃₇ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração x local/C ₀	58	QM ₃₈	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} \frac{l}{l-1} r \sigma_{G_{P20L/C_0}}^2$	QM ₃₈ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração x local/C ₁	59	QM ₃₉	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} \frac{l}{l-1} r \sigma_{G_{P21L/C_1}}^2$	QM ₃₉ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração x local/C ₂	59	QM ₄₀	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} \frac{l}{l-1} r \sigma_{G_{P22L/C_2}}^2$	QM ₄₀ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração x local/C ₃	59	QM ₄₁	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} \frac{l}{l-1} r \sigma_{G_{P23L/C_3}}^2$	QM ₄₁ /QM ₄₆
- Entre famílias x geração x local/C ₄	59	QM ₄₂	$\sigma_e^2 + \frac{g}{g-1} \frac{l}{l-1} r \sigma_{G_{P24L/C_4}}^2$	QM ₄₂ /QM ₄₆
- Entre tipos de famílias x geração x local	4	QM ₄₃	-	QM ₄₃ /QM ₄₆
Entre testemunhas x geração x local	3	QM ₄₄	-	QM ₄₄ /QM ₄₆
Testemunhas vs. Famílias x geração x local	1	QM ₄₅	-	QM ₄₅ /QM ₄₆
Erro médio	2124	QM ₄₆	σ_e^2	-
Total	3827			

^{II} graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para não ortogonalidade do modelo
g, r e l representam, respectivamente, geração, repetição, local

3.6 Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos

Para verificar a ocorrência de alterações na média das famílias com o aumento do número de inter cruzamentos, foram estimadas, para todas as características avaliadas, equações de regressão linear, tendo como variável dependente a característica em questão e como variável independente, o número de inter cruzamentos. Utilizando a estimativa de b obtida para o caráter produtividade de grãos, foi estimado, também, o ganho genético em porcentagem ($G_j\%$) devido ao inter cruzamento realizado, pela expressão citada por Gonçalves (2000):

$$G_j(\%) = \frac{\hat{b}_j}{\bar{X}_{C_{0j}}} \times 100, \text{ em que}$$

\hat{b}_j - coeficiente de regressão linear obtido no ambiente j

$\bar{X}_{C_{0j}}$ - média estimada, correspondendo à população com 0 (zero) inter cruzamento no ambiente j (intercepto da equação de regressão)

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios, foram obtidas as seguintes estimativas:

a) Variância fenotípica média entre as famílias provenientes do inter cruzamento i , no ambiente j (local e geração):

$$\hat{\sigma}_{F_y}^2 = \frac{QMF_{ij}}{r}, \text{ em que}$$

QMF_{ij} - quadrado médio das famílias provenientes do inter cruzamento i , no ambiente j (local e geração)

r – número de repetições

b) Variância genética entre as famílias provenientes do inter cruzamento i , no ambiente j (local e geração):

$$\hat{\sigma}_{Gy}^2 = \frac{QMF_y - QME}{r}, \text{ em que}$$

QME - quadrado médio do erro da análise conjunta envolvendo todos os ambientes;
 QMF_y e r - já definidos anteriormente.

Foram estimados, ainda, os intervalos de confiança associados às estimativas das variâncias genéticas entre famílias, segundo a expressão apresentada por Barbin (1993) e Ramalho, Ferreira e Oliveira (2000):

$$IC = P \left[\frac{Vp \sigma_{Gy}^2}{X_{\alpha/2}^2} < \sigma_{Gy}^2 < \frac{Vp \sigma_{Gy}^2}{X_{1-\alpha/2}^2} \right] = (1 - \alpha) 100\%, \text{ em que}$$

α : nível de significância (no caso, 0,05);

σ_{Gy}^2 : variância genética entre as famílias provenientes do inter cruzamento i , no ambiente j ;

Vp : número de graus de liberdade associados ao componente da variância genética, o qual foi obtido segundo Satterthwaite (1946):

$$Vp = \frac{(QMF_y - QME)^2}{\frac{(QMF_y)^2}{g^l_1} + \frac{(QME)^2}{g^l_2}}, \text{ em que}$$

QMF_{ij} e QME : já definidos anteriormente;

gl_1 e gl_2 : graus de liberdade associados aos quadrados médios respectivos;

$X^2_{\alpha/2}$ e $X^2_{1-\alpha/2}$: são os valores da distribuição teórica de X^2 (Qui-quadrado) para V_p graus de liberdade.

c) Herdabilidade (h^2) no sentido amplo na média das famílias, utilizando a expressão citada por Ramalho, Santos e Zimmermann (1993):

$$h^2_{m_j} = \frac{\hat{\sigma}^2_{\sigma_y}}{\hat{\sigma}^2_{\bar{F}_y}} \times 100, \text{ em que}$$

$h^2_{m_j}$: herdabilidade estimada em porcentagem relativa às famílias do inter cruzamento i , no ambiente j ;

$\hat{\sigma}^2_{\sigma_y}$ e $\hat{\sigma}^2_{\bar{F}_y}$: já definidos anteriormente.

Foram também obtidos os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas de $h^2_{m_j}$, pelas expressões apresentadas por Knapp, Stroup e Ross (1985) com confiança de $1-\alpha = 0,95$:

$$LI \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QMF_{ij}}{QME} \right)_{F_{1-\alpha/2; gl_1, gl_2}} \right]^{-1} \right\}$$

, em que

$$LS \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QMF_{ij}}{QME} \right)_{F_{\alpha/2; gl_1, gl_2}} \right]^{-1} \right\}$$

F: valor tabelado ao nível de $1-\alpha/2$ e $\alpha/2$. É obtido invertendo os graus de liberdade e tomando o recíproco do valor da tabela;

QMF_{ij} e **QME**: já definidos anteriormente;

gl₁ e **gl₂**: graus de liberdade de **QMF_{ij}** e **QME**, respectivamente.

d) Coeficiente de variação genética (CV_g)

$$CV_{g_{ij}}(\%) = (\sqrt{\hat{\sigma}_{G_{ij}}^2} / \bar{X}_{ij}) 100, \text{ em que}$$

CV_{g_{ij}} (%): coeficiente de variação genética, expresso em porcentagem, relativo às famílias do inter cruzamento **i**, no ambiente **j**;

$\hat{\sigma}_{G_{ij}}^2$: já definido anteriormente;

\bar{X}_{ij} : média das famílias provenientes do inter cruzamento **i**, no ambiente **j**.

e) Correlação genética entre as características avaliadas

As estimativas foram obtidas de acordo com Ramalho, Santos e Zimmermann (1993):

$$r_{xy} = \frac{C\hat{O}V_{(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \cdot \hat{\sigma}_y^2}}, \text{ em que}$$

C $\hat{O}V_{\alpha,\eta}$: covariância genética entre médias, de todos os ambientes, das características **x**, **y**;

$\hat{\sigma}_x^2$ e **$\hat{\sigma}_y^2$** : variâncias genéticas das características **x** e **y**, respectivamente, obtidas das análises conjuntas envolvendo todos os ambientes.

3.6.1 Avaliação da eficiência da seleção para produtividades de grãos

Foi realizada por meio das seguintes estimativas:

- a) Herdabilidade realizada (h_r^2) para as famílias provenientes do inter cruzamento i , considerando a seleção das cinco e dez melhores e piores famílias em $S_{0.2}$ e resposta à seleção em $S_{0.3}$, para Lambari, Goianira e na média dos locais, segundo procedimento apresentado por Fehr (1987) e Ramalho, Santos e Zimmermann (1993):

$$h_r^2 (\%) = \frac{GS_{j'} / m_{j'}}{ds_j / m_j}, \text{ em que}$$

$GS_{j'}$: desempenho na geração j' das cinco e dez melhores e piores famílias, provenientes do inter cruzamento i , selecionadas na geração j menos a média geral das famílias provenientes do inter cruzamento i na geração j' ;

ds_j : diferencial de seleção, ou seja, a média das cinco e dez melhores e piores famílias selecionadas na geração j , provenientes do inter cruzamento i menos a média geral das famílias dessa geração, no inter cruzamento i ;

m_j e $m_{j'}$: média geral das famílias provenientes do inter cruzamento i , nas gerações j e j' , respectivamente;

j : geração em que foi feita a seleção das cinco e dez melhores e piores famílias, que no caso presente corresponde a $S_{0.2}$;

j' : geração em que as famílias selecionadas na geração j foram avaliadas, que no caso presente corresponde a $S_{0.3}$.

- b) Ganho genético realizado

Foi estimado pela seguinte expressão:

$GR(\%) = [(m\u00e9dia \text{ das cinco ou dez fam\u00edlias mais produtivas provenientes do \text{intercruzamento } i, \text{ selecionadas na gera\u00e7\u00e3o } S_{0,2} \text{ e avaliadas na gera\u00e7\u00e3o } S_{0,3} - m\u00e9dia \text{ geral das fam\u00edlias do intercruzamento } i \text{ na gera\u00e7\u00e3o } S_{0,3}) / (m\u00e9dia \text{ geral das fam\u00edlias do intercruzamento } i \text{ na gera\u00e7\u00e3o } S_{0,3}) \times 100].$

Para detectar altera\u00e7\u00f5es nos ganhos gen\u00e9ticos realizados e nas m\u00e9dias das cinco e dez fam\u00edlias mais produtivas, com a varia\u00e7\u00e3o no n\u00famero de intercruzamentos, foram estimadas equa\u00e7\u00f5es de regress\u00e3o linear, tendo como vari\u00e1vel dependente o ganho realizado em porcentagem ou a produtividade m\u00e9dia e como vari\u00e1vel independente, o n\u00famero de intercruzamentos, considerando os dados de Lambari e Goianira e, posteriormente, a m\u00e9dia desses locais.

4 RESULTADOS

Os resumos das análises de variância combinadas por local e geração e conjuntas por geração, para as características altura de planta, floração, peso de 100 grãos e produtividade de grãos, são encontrados nas Tabelas 1A, 2A, 3A, 4A, 5A e 6A. Verifica-se, de um modo geral, que ocorreram diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para a maioria das fontes de variação, além de evidenciar ampla variabilidade entre as famílias.

Na decomposição da fonte de variação, nas análises de variância por local e geração, observaram-se diferenças entre os tipos de famílias para todas as características, com exceção de altura de planta e peso de 100 grãos, em Goianira-GO, na geração $S_{0.2}$. O contraste testemunhas vs famílias, para o caráter peso de 100 grãos em Goianira-GO, geração $S_{0.3}$, também não foi significativo. Os valores encontrados para os coeficientes de variação experimental foram, de um modo geral, baixos, indicando boa precisão experimental na avaliação das diferentes características (Tabelas 1A, 2A, 3A e 4A).

As análises conjuntas por geração ($S_{0.2}$ e $S_{0.3}$) apresentadas nas Tabelas 5A e 6A, respectivamente, à semelhança das análises combinadas por local e geração, mostram diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para a maioria das fontes de variação. Entretanto, para as fontes de variação local e tipos de famílias x local (produtividade de grãos), testemunhas x local (altura de planta e floração) e testemunhas vs famílias x local (peso de 100 grãos), não foram detectadas diferenças significativas, quando a avaliação das famílias foi realizada na geração $S_{0.2}$ (Tabela 5A). Na geração $S_{0.3}$ (Tabela 6A), não houve diferença significativa apenas para as fontes de variação testemunhas vs famílias (peso de 100 grãos), testemunhas x local (altura de planta) e testemunhas vs famílias x local (altura de planta e produtividade de grãos). Nas duas gerações consideradas, foi verificada a presença de interação famílias x local, indicando o comportamento diferenciado das famílias nos dois locais, para todas as características avaliadas.

Os valores dos coeficientes de variação experimental foram de 6,12% (altura de planta), 3,74% (floração), 3,62% (peso de 100 grãos) e 13,80% (produtividade de grãos) na geração $S_{0.2}$ e de 5,30%, 2,28%, 1,90% e 7,27%, respectivamente, na geração $S_{0.3}$. Novamente, fica evidenciado que a boa precisão experimental permitiu que fossem detectadas diferenças significativas para a maioria das fontes de variação (Tabelas 5A e 6A).

Os resumos das análises de variância conjuntas, envolvendo locais e gerações (Tabela 11), confirmam que a precisão experimental, obtida na avaliação de todas as características, foi muito boa. A maior estimativa do coeficiente de variação experimental (CV%) foi de 11,31% para produtividade de grãos.

À semelhança das análises de variância combinadas por local e geração e conjuntas por geração, praticamente todas as fontes de variação foram significativas ($P \leq 0,01$). Não foram detectadas diferenças significativas apenas para local (produtividade de grãos) e para geração (altura de planta). Deve-se ressaltar que, a ocorrência de significância das interações envolvendo famílias x locais e famílias x gerações indica que o comportamento das famílias não foi consistente nos diferentes locais e gerações. A interação famílias x gerações foi mais pronunciada que a interação famílias x locais, o que pode ser verificado pelas magnitudes dos quadrados médios (Tabela 11).

Para melhor elucidar as interações observadas, foi estimada a correlação genética (r_G) do desempenho das famílias, para os diferentes números de inter cruzamentos, nos ambientes (locais e gerações) dois a dois (Tabelas 12, 13, 14 e 15). Para o caráter altura de planta, a maioria das estimativas de r_G foi alta, sugerindo que embora as interações tenham sido significativas, elas tiveram pequena interferência na classificação das famílias, portanto, com reduzido efeito para a seleção. Observa-se ainda que o grupo de famílias provenientes de um inter cruzamento, foi o que apresentou estimativas de r_G mais baixas, principalmente quando envolveu locais e gerações diferentes (Tabela 12). Já no caso das demais características, especialmente a produtividade de grãos, as magnitudes das estimativas

Quadrado médio					
Fonte de variação	GL	ALT	FLOP	P100	PROD
Rep./ciclo ^a /Cora ^a /local	48	306,5895**	26,1754**	0,0050ms	12167,2088**
Bloco/rep ^a /ciclo ^a /gr ^a /local	444	93,5814**	11,2132**	0,0049ms	2537,3789ms
Local	1	257177,9003**	43393,5258**	1,1978**	50465,3336ms
Grupo	1	947,1230ms	7400,6724**	12,4456**	1496379,8423**
Grupo x local	1	19131,7519**	674,9411**	0,1851*	154329,4569**
Tratamentos	302	1755,6420**	486,1704**	0,2383**	99909,72**
- Entre famílias/Ciclo	298	1671,1884**	465,0180**	0,2412**	94725,60**
- Entre famílias/C ₂	58	2819,0280**	785,5200**	0,4187**	189800,28**
- Entre famílias/C ₁	59	1307,6688**	366,6240**	0,1792**	59643,84**
- Entre famílias/C ₂	59	1188,1374**	406,0752**	0,1626**	79684,80**
- Entre famílias/C ₁	59	1574,7018**	242,9998**	0,1505**	45595,92**
- Entre famílias/C ₂	59	1320,5110**	426,5292**	0,3096**	68003,28**
- Entre tipos de famílias (cádis)	4	4118,5934**	1987,4150**	0,0573**	572661,52**
Entre testemunhas	3	502,7379**	2358,8592**	0,0254**	65158,14**
T. testemunhas vs famílias	1	30711,67**	1172,40**	0,0504**	1748916,00**
Tratamentos x local	302	125,7082**	107,6562**	0,0371**	12622,60**
- Entre famílias x local/Ciclo	298	126,8770**	108,0503**	0,0372**	12590,12**
- Entre famílias x local/C ₁	58	79,3310**	194,0506**	0,0420**	15217,23**
- Entre famílias x local/C ₂	59	194,5208**	124,3709**	0,0520**	8097,70**
- Entre famílias x local/C ₁	59	82,5262**	68,2089**	0,0233**	11259,64**
- Entre famílias x local/C ₂	59	49,4459ms	52,2033**	0,0290**	11639,01**
- Entre famílias x local/C ₁	59	88,1902**	91,0279**	0,0340**	16973,27**
- Entre tipos de famílias x local	4	2189,8475**	285,5484**	0,1471**	9773,25**
Entre testemunhas x local	3	30,6659ms	36,18**	0,0366**	15364,28**
T. testemunhas vs. Famílias x local	1	63,2303ms	204,76**	0,0189ms	14086,48*

TABELA 11 - Resumo das análises de variância conjuntas para as características altura de planta (ALT), floração (FLOP), peso de 100 grãos (P100) e produtividade de grãos (PROD), referentes aos experimentos conduzidos em Lambart-MG e Goiânia-GO, nas gerações S₀₂ e S₀₃.

TABELA 11 - Continuação

Fonte de variação		GL	ALT	FLOK	P100	PRODT
Quadrado médio						
Tratamentos	302	171,9012**	66,6366**	0,0655**	20397,58**	
Tratamentos x grupo	298	173,9151**	67,3810**	0,0660**	20502,15**	
Tratamentos x grupo x grupo	38	251,6524**	125,5165**	0,0944**	36042,15**	
Tratamentos x grupo	59	219,3956**	58,5649**	0,0916**	17976,75**	
Tratamentos x grupo C ₁	59	91,9859**	32,0789**	0,0419**	17151,44**	
Tratamentos x grupo C ₂	59	106,2281**	36,1288**	0,0328**	17646,04**	
Tratamentos x grupo C ₃	59	101,6407*	38,8095**	0,0512**	11828,19**	
Tratamentos x grupo C ₄	59	1643,4375**	466,1350**	0,3103**	51275,04**	
Tratamentos x grupo C ₅	3	28,5933ms	1,8500ms	0,0095ms	3660,68ms	
Tratamentos x grupo C ₆	1	1,7050ms	39,6545**	0,0970**	39543,93**	
Tratamentos x grupo C ₇	302	97,5912**	44,0847**	0,0359**	8285,28**	
Tratamentos x grupo C ₈	298	98,5810**	44,1258**	0,0360**	8281,10**	
Tratamentos x grupo C ₉	58	103,1136**	63,0396**	0,0283**	13568,04**	
Tratamentos x grupo C ₁₀	59	119,2506**	32,8010**	0,0434**	6620,05**	
Tratamentos x grupo C ₁₁	59	85,9635**	20,0910**	0,0236**	4605,91**	
Tratamentos x grupo C ₁₂	59	58,9762*	24,6955**	0,0295**	8386,60**	
Tratamentos x grupo C ₁₃	59	69,9005*	44,1806**	0,0349**	8155,91**	
Tratamentos x grupo C ₁₄	4	921,2975**	577,2125**	0,0334**	10620,41**	
Tratamentos x grupo C ₁₅	3	15,8967ms	15,35ms	0,0237**	5731,23ms	
Tratamentos x grupo C ₁₆	1	95,40ms	164,10**	0,1424**	34387,35	
Tratamentos x grupo C ₁₇	2124	43,1279	8,0525	0,0053	2292,28	
Total	3287	-	-	-	-	-
Que ₉	-	5,72	2,92	2,86	11,31	-
Médias	-	116,29	96,61	2,54	411,18	-
Médias desviadas	-	90,83	101,84	2,51	629,50	-

Il graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.

n.s. - não significativo

* - significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F

** - significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F

de t_0 foram quase todas baixas, indicando maiores dificuldades para o processo seletivo (Tabelas 13, 14 e 15). Assim, devido à ocorrência das interações já mencionadas, a apresentação e comparação dos resultados do desempenho das famílias, para todas as características, serão efetuadas por local e por geração.

TABELA 12 - Estimativas de coeficientes de correlação genética (r_G) entre o desempenho médio das famílias, provenientes de números diferentes de inter cruzamentos, considerando os ambientes (locais e gerações) dois a dois, para a característica altura de planta (cm)

Ambientes ^{1/}	r_G (%)					Média
	Número de Intercruzamentos					
	0	1	2	3	4	
Lamb.- S _{0.2} / Lamb. S _{0.3}	0,84	0,59	0,75	0,93	0,89	0,80
Go- S _{0.2} / Go- S _{0.3}	0,87	0,79	0,96	0,95	0,90	0,89
Lamb.- S _{0.2} / Go- S _{0.2}	0,96	0,85	0,91	0,96	0,91	0,92
Lamb.- S _{0.2} / Go- S _{0.3}	0,85	0,82	0,93	0,95	0,92	0,89
Lamb.- S _{0.3} / Go- S _{0.2}	0,88	0,41	0,83	0,95	0,88	0,79
Lamb.- S _{0.3} / Go- S _{0.3}	0,90	0,53	0,78	0,98	0,87	0,81
Média	0,88	0,66	0,86	0,95	0,89	0,85

^{1/} Lamb. - Lambari (MG); Go - Goianira (GO)

TABELA 13 - Estimativas de coeficientes de correlação genética (r_G) entre o desempenho médio das famílias, provenientes de números diferentes de inter cruzamentos, considerando os ambientes (locais e gerações) dois a dois, para a característica floração média (dias)

Ambientes ^{1/}	r_G (%)					Média
	Número de Intercruzamentos					
	0	1	2	3	4	
Lamb.- S _{0.2} / Lamb. S _{0.3}	0,72	0,52	0,68	0,77	0,69	0,68
Go- S _{0.2} / Go- S _{0.3}	0,76	0,97	0,91	0,91	0,90	0,89
Lamb.- S _{0.2} / Go- S _{0.2}	0,75	0,63	0,66	0,62	0,65	0,66
Lamb.- S _{0.2} / Go- S _{0.3}	0,66	0,60	0,57	0,56	0,69	0,62
Lamb.- S _{0.3} / Go- S _{0.2}	0,55	0,40	0,82	0,77	0,67	0,64
Lamb.- S _{0.3} / Go- S _{0.3}	0,60	0,41	0,57	0,83	0,67	0,62
Média	0,67	0,59	0,70	0,74	0,71	0,68

^{1/} Lamb. - Lambari (MG); Go - Goianira (GO)

TABELA 14 - Estimativas de coeficientes de correlação genética (r_G) entre o desempenho médio das famílias, provenientes de números diferentes de intercruzamentos, considerando os ambientes (locais e gerações) dois a dois, para a característica peso de 100 grãos (gramas).

Ambientes ^{1/}	r_G (%)					Média
	Número de Intercruzamentos					
	0	1	2	3	4	
Lamb.- S ₀₂ / Lamb. S ₀₃	0,71	0,14	0,57	0,66	0,60	0,54
Go- S ₀₂ / Go- S ₀₃	0,52	0,39	0,38	0,33	0,71	0,47
Lamb.- S ₀₂ / Go- S ₀₂	0,84	0,60	0,81	0,62	0,69	0,71
Lamb.- S ₀₂ / Go- S ₀₃	0,58	0,79	0,41	0,50	0,77	0,61
Lamb.- S ₀₃ / Go- S ₀₂	0,56	0,12	0,55	0,59	0,60	0,48
Lamb.- S ₀₃ / Go- S ₀₃	0,69	0,22	0,48	0,43	0,69	0,50
Média	0,65	0,38	0,53	0,52	0,68	0,55

^{1/} Lamb. - Lambari (MG); Go - Goianira (GO)

TABELA 15 - Estimativas de coeficientes de correlação genética (r_G) entre o desempenho médio das famílias, provenientes de números diferentes de intercruzamentos, considerando os ambientes (locais e gerações) dois a dois, para a característica produtividade de grãos (gramas/parcela).

Ambientes ^{1/}	r_G (%)					Média
	Número de Intercruzamentos					
	0	1	2	3	4	
Lamb.- S ₀₂ / Lamb. S ₀₃	0,72	0,58	0,75	0,45	0,62	0,62
Go- S ₀₂ / Go- S ₀₃	0,53	0,49	0,80	0,39	0,80	0,60
Lamb.- S ₀₂ / Go- S ₀₂	0,79	0,67	0,82	0,48	0,58	0,67
Lamb.- S ₀₂ / Go- S ₀₃	0,69	0,60	0,79	0,52	0,40	0,60
Lamb.- S ₀₃ / Go- S ₀₂	0,59	0,48	0,64	0,30	0,73	0,55
Lamb.- S ₀₃ / Go- S ₀₃	0,79	0,90	0,88	0,83	0,89	0,86
Média	0,68	0,62	0,78	0,49	0,67	0,65

^{1/} Lamb. - Lambari (MG); Go - Goianira (GO)

4.1 Altura de planta

O desempenho médio das famílias provenientes de 0, 1, 2, 3 e 4 números de intercruzamentos, em Lambari (MG) e Goianira (GO), nas gerações $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$, como também, na média dos dois locais e das duas gerações, além das médias gerais das famílias e das cultivares testemunhas, são apresentados na Tabela 16.

Em Lambari, a média de altura de planta das famílias cresceu com o aumento no número de intercruzamentos. Isto ficou bem evidenciado na geração $S_{0.2}$, para a qual a equação de regressão linear apresentou um $b = 2,9x$, altamente significativo, com um coeficiente de determinação (R^2) de 94,28%, indicando que para cada intercruzamento realizado houve um aumento médio linear de 2,9 cm na altura das plantas. Na geração $S_{0.3}$, embora tenha sido obtido um R^2 de menor magnitude (46,38%), foi verificada a mesma tendência de crescimento linear. Verifica-se ainda que a média do grupo de famílias oriundo de 1 intercruzamento, comparada à das demais famílias, foi muito alta (112,76 cm), o que, provavelmente, prejudicou um melhor ajuste dos dados do modelo de regressão linear. Embora não seja possível afirmar, é provável que isto tenha ocorrido por problemas de amostragem (Tabela 16).

Não foram detectadas diferenças significativas entre as médias das famílias em Goianira, na geração $S_{0.2}$. Na geração $S_{0.3}$, a equação de regressão linear apresentou um b próximo de 0 (zero), com um R^2 de baixa magnitude (2,72%), ou seja, não ocorreu o ajustamento das médias ao modelo utilizado. Dessa forma, a resposta não foi linear (Tabela 16).

Por outro lado, na média de todos os locais e gerações (Tabela 16), foi constatada tendência linear para explicar o crescimento da média de altura de planta das famílias com o aumento do número de intercruzamentos ($R^2 = 52,27\%$).

De um modo geral, observa-se que independente do número de intercruzamentos, as maiores médias de altura de planta foram obtidas em Goianira, para as duas gerações consideradas, 127,32 cm em $S_{0.2}$ e 123,09 cm em $S_{0.3}$, valores bem superiores aos apresentados pelas cultivares testemunhas, 99,00 cm e 98,15 cm, respectivamente. Em Lambari, as médias de altura de planta foram de 104,34 cm ($S_{0.2}$)

e 110,43 cm (S_{03}), também superiores às médias das cultivares testemunhas, 81,28 e 84,88 cm, respectivamente. Considerando os dois locais e as duas gerações, as famílias foram, em média, 25,46 cm mais altas que as testemunhas. Pelo desempenho das testemunhas, verifica-se que a altura de planta não foi influenciada pelas gerações S_{02} e S_{03} (Tabela 16).

TABELA 16 – Médias de altura de planta (cm) de famílias provenientes de diferentes número de inter cruzamentos, referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goianira-GO, nas gerações S_{02} (1998/99) e S_{03} (1999/00).

Número de Intercruzamentos	Ambientes				Média
	Lambari-MG		Goianira-GO		
	S_{02}	S_{03}	S_{02}	S_{03}	
0	99,91	105,60	127,63 _{ns}	120,43	113,39
1	100,50	112,76	128,65	128,55	117,51
2	103,44	109,97	126,91	119,13	114,86
3	106,68	110,27	126,22	120,99	116,04
4	111,20	113,55	127,62	126,35	119,60
a	98,59	107,75	-	122,23	114,09
b	2,876 _x	1,341 _x	-	0,428 _x	1,095 _x
R ² (%)	94,28	46,38	-	2,72	52,27
P	0,002	0,182	-	0,787	0,144
Médias das Famílias	104,34	110,43	127,32	123,09	116,29
Médias das testemunhas	81,28	84,88	99,00	98,15	90,83

n.s – não significativo pelo teste F

A variabilidade para altura de plantas entre as famílias, para cada inter cruzamento realizado, pode ser observada pela amplitude de variação apresentada na Tabela 17. Em todos os ambientes, a maior amplitude de variação ocorreu com o grupo de famílias de 0 (zero) inter cruzamento. Para os demais grupos, as amplitudes foram semelhantes, com exceção de Goianira, na geração S_{03} , na qual verifica-se uma redução na amplitude de variação com o aumento no número de inter cruzamentos.

TABELA 17 – Limites inferior e superior e amplitude de variação (AV) em porcentagem de média das alturas de planta (cm) das famílias oriundas de diferentes números de inter cruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, em Lambari (MG) e Goianira (GO), nas gerações $S_{0,2}$ (1998/99) e $S_{0,3}$ (1999/00).

Ambiente	Número de inter cruzamentos				
	0	1	2	3	4
Lambari – $S_{0,2}$ AV (%)	66,32-136,15 69,89	71,58-125,14 53,29	74,11-144,22 67,78	79,15-150,52 66,90	76,30-140,06 57,34
Lambari – $S_{0,3}$ AV (%)	70,78-131,52 57,52	89,44-140,00 44,84	78,31-137,89 54,18	82,63-139,95 51,98	83,18-140,95 50,88
Goianira – $S_{0,2}$ AV (%)	83,97-163,98 62,69	92,44-155,00 48,63	92,77-154,75 48,84	91,00-156,26 51,70	96,68-157,02 47,28
Goianira – $S_{0,3}$ AV (%)	83,06-145,93 52,20	96,47-152,56 43,63	94,62-142,60 40,27	98,93-144,70 37,83	107,55-147,84 31,89

Nas Tabelas 18 e 19 são encontradas as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para altura de planta das famílias oriundas de 0, 1, 2, 3 e 4 inter cruzamentos, nas gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$, em Lambari e Goianira, respectivamente. A presença de variabilidade entre os tipos de famílias é comprovada pelas estimativas de variâncias genéticas, herdabilidades e pelos coeficientes de variação genética.

As estimativas de variâncias genéticas (σ_g^2) em Lambari (Tabela 18), gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$, foram mais altas para o grupo de famílias de 0 (zero) inter cruzamento, estando seus valores situados fora do intervalo de confiança das demais estimativas, possibilitando inferir que elas são diferentes. Por outro lado, as estimativas de σ_g^2 para os demais grupos de famílias foram de magnitudes semelhantes, uma vez que seus valores estão situados dentro dos intervalos de confiança respectivos.

Em Goianira, gerações $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$, os resultados foram, em geral, semelhantes, ou seja, as estimativas de σ_g^2 foram mais altas para o grupo de 0 (zero) inter cruzamento, que diferiu das demais, com exceção do grupo de famílias oriundo de 1 inter cruzamento, em $S_{0.3}$. Quanto aos outros grupos, não houve diferenças entre as estimativas de σ_g^2 (Tabela 19).

O coeficiente de variação genética (CV_g), em Lambari, variou de 10,66% (2 inter cruzamentos) a 16,29% (0 inter cruzamento) na geração $S_{0.2}$; na geração $S_{0.3}$, variou de 9,40% (2 inter cruzamentos) a 14,47% (0 inter cruzamento). Em Goianira, o CV_g , em $S_{0.2}$, variou de 8,70% (3 inter cruzamentos) a 15,10% (0 inter cruzamento) e, em $S_{0.3}$, apresentou variação de 6,63% (4 inter cruzamentos) a 10,58% (0 inter cruzamento). Em princípio, esses resultados indicam que houve diferenças na liberação de variabilidade genética entre os inter cruzamentos. Entretanto, as diferenças entre essas estimativas de CV_g devem ser atribuídas às diferenças entre as médias das famílias. Além disso, as estimativas de herdabilidade foram muito próximas, variando de 92,06% a 96,57% (Lambari) e 88,15% a 97,51% (Goianira), indicando que, em relação às variâncias fenotípicas, as estimativas de σ_G^2 , para os diferentes grupos de famílias, como já relatado anteriormente, à exceção do grupo de 0 inter cruzamento, foram semelhantes. Depreende-se, então, que o aumento no número de inter cruzamentos não proporcionou incrementos em termos de liberação de variabilidade genética para altura de planta na população de arroz irrigado CNA 5 (Tabelas 18 e 19).

TABELA 18 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter altura de planta (cm), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes números de intercruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Lambari-MG, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de intercruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	837,9879	514,8104	407,7006	504,2749	513,3234	743,2857	383,3129	363,6968	422,9722	400,7399
σ_F^2	279,9533	171,6034	135,9002	168,0916	171,1078	247,7619	127,7709	121,2322	140,9907	133,5799
σ_G^2	264,9533	157,2275	121,5242	153,7157	156,7318	233,3859	113,3950	106,8563	126,6148	119,2040
LI	186,6630	109,9107	84,2168	107,2602	109,3648	163,9127	78,3014	73,7863	87,7446	86,6089
LS	405,6029	244,1505	190,6663	238,6972	243,3807	358,9276	178,8807	168,5659	198,6532	187,0260
h^2m (%)	94,85	91,62	89,42	91,45	91,60	94,19	88,75	88,14	89,80	89,24
LI (%)	92,78	88,27	85,19	88,03	88,24	91,85	84,25	83,40	85,72	84,93
LS (%)	96,57	94,39	92,92	94,27	94,37	96,13	92,47	92,06	93,17	92,79
CVg (%)	16,29	12,48	10,66	11,62	11,26	14,47	9,44	9,40	10,20	9,61

LI e LS – Limites inferior e superior

TABELA 19 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter altura de planta (cm), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes números de inter cruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Goianira-GO, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de inter cruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	1157,5031	546,3307	458,3204	611,3972	413,4700	530,5988	409,1453	243,7178	262,3848	253,2020
σ_F^2	385,8344	182,1102	152,7735	203,7990	137,8233	176,8662	136,3818	81,2393	87,4616	84,4007
σ_G^2	371,4584	167,7343	138,3975	189,4231	123,4500	162,4903	122,0058	66,8633	73,0856	70,0247
LI	263,2657	117,4278	96,2450	133,0365	85,5514	113,3830	84,5505	45,0700	49,4795	47,2010
LS	563,6644	259,1903	216,0035	291,3166	193,6878	252,3228	191,4219	109,4637	118,8406	114,6394
h^2_m (%)	96,27	92,10	90,59	92,95	89,57	91,87	89,46	82,30	83,56	82,97
LI (%)	94,77	88,95	86,82	90,12	85,40	88,59	85,24	75,22	76,99	76,15
LS (%)	97,51	94,71	93,70	95,28	93,02	94,58	92,94	88,15	88,99	88,60
CVg (%)	15,10	10,09	9,27	10,90	8,70	10,58	8,59	6,86	7,06	6,63

LI e LS – Limites inferior e superior

4.2 Floração média

Quanto ao número de dias para a floração média, observa-se, na Tabela 20, que em Lambari, independentemente da geração e do número de intercruzamentos, as famílias apresentaram ciclo da planta mais longo do que em Goianira. A média em Lambari ficou em torno de 100 dias e, em Goianira, entre 91 e 95 dias. As cultivares testemunhas apresentaram médias variando de 102 a 104 dias (Lambari) e de 96 a 104 dias (Goianira).

Comparando-se as médias das famílias provenientes de 0, 1, 2, 3 e 4 intercruzamentos, observa-se que houve tendência de redução no número de dias para a floração, com o aumento no número de intercruzamentos. As equações de regressão estimadas em Lambari ($S_{0,2}$) e Goianira ($S_{0,3}$) apresentaram um $R^2 = 60,84\%$, com valores de coeficientes de regressão linear b indicando redução de um dia, em média, no ciclo das plantas. Nas outras situações (Lambari - $S_{0,3}$ e Goianira - $S_{0,2}$), embora as estimativas de R^2 tenham sido de baixas magnitudes, os coeficientes de regressão linear obtidos (b), sempre negativos, também evidenciam a tendência de redução no número de dias para a floração. Isto é corroborado pelos resultados obtidos na média de todos os ambientes, em que a equação de regressão linear apresentou um R^2 de 49,84%. Novamente observa-se que o grupo de famílias oriundo de 1 intercruzamento deve ter prejudicado um melhor ajuste dos dados ao modelo linear, pois apresentou uma redução muito acentuada na média do número de dias para a floração, consequência provável de amostragem (Tabela 20).

TABELA 20 – Médias de floração (dias) de famílias provenientes de diferentes números de inter cruzamentos, referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goianira-GO, nas gerações $S_{0.2}$ (1998/99) e $S_{0.3}$ (1999/00).

Número de Intercruzamentos	Ambientes				Média
	Lambari-MG		Goianira-GO		
	$S_{0.2}$	$S_{0.3}$	$S_{0.2}$	$S_{0.3}$	
0	103,00	102,00	95,63	97,57	99,55
1	98,67	99,40	88,97	93,88	95,23
2	100,43	102,26	91,81	95,98	97,62
3	99,95	100,24	89,74	92,70	95,66
4	96,39	99,67	90,90	93,07	95,01
a	102,08	101,48	93,15	96,68	98,34
b	-1,194x	-0,382x	-0,869x	-1,018x	-0,865x
R ² (%)	60,84	20,61	28,09	60,84	49,84
P	0,098	0,428	0,341	0,100	0,160
Médias das Famílias	99,69	100,71	91,41	94,64	96,61
Médias das testemunhas	102,87	104,38	96,25	103,88	101,84

A variabilidade para floração média pode ser observada pela amplitude de variação mostrada na Tabela 21. Em Lambari, as amplitudes de variação em porcentagem da média foram semelhantes, com exceção das observadas para os grupos de famílias de 1 e 2 inter cruzamentos, geração $S_{0.3}$, em que as amplitudes foram mais baixas. Em Goianira, o grupo de famílias de 0 (zero) inter cruzamento foi o que apresentou a maior amplitude de variação, nas duas gerações de avaliação ($S_{0.2}$ e $S_{0.3}$). Para os demais grupos, foi verificada tendência de redução da amplitude com o incremento no número de inter cruzamentos, o que reflete maior homogeneidade no ciclo das famílias, com concentração mais próxima da média.

TABELA 21 - Limites inferior e superior e amplitude de variação (AV) em porcentagem de média, da floração média (dias) das famílias oriundas de diferentes números de inter cruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, em Lambari (MG) e Goianira (GO), nas gerações $S_{0,2}$ (1998/99) e $S_{0,3}$ (1999/00).

Ambiente	Número de inter cruzamentos				
	0	1	2	3	4
Lambari - $S_{0,2}$	87,08-120,31	86,29-117,02	87,40-118,89	87,57-117,94	87,33-118,10
AV (%)	32,26	31,14	31,35	30,38	31,92
Lambari - $S_{0,3}$	91,09-120,97	91,04-105,74	94,91-114,90	94,96-123,33	98,75-128,20
AV (%)	29,29	14,79	19,55	28,30	29,56
Goianira - $S_{0,2}$	81,14-149,62	76,66-112,35	78,99-108,05	78,33-106,58	77,55-111,88
AV (%)	71,60	40,11	31,65	31,48	37,77
Goianira - $S_{0,3}$	84,46-125,20	82,54-117,29	82,68-112,70	85,22-110,56	84,97-112,16
AV (%)	41,75	37,01	31,28	27,33	29,21

Nas Tabelas 22 e 23 são apresentadas as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter floração média em Lambari e Goianira, respectivamente, nas gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$.

As estimativas das variâncias genéticas (σ_G^2) em Lambari, geração $S_{0,2}$, obtidas para os diferentes tipos de famílias, foram semelhantes para os grupos oriundos de 0, 1, 2 e 4 inter cruzamentos, haja vista que nenhuma delas ficou situada fora dos intervalos de confiança calculados para cada grupo. No entanto, o grupo de famílias oriundo de 3 inter cruzamentos apresentou estimativa inferior e diferente das demais, não diferindo apenas da estimativa apresentada pelo grupo de famílias oriundo de 2 inter cruzamentos. Na geração $S_{0,3}$, as estimativas de σ_G^2 de maiores magnitudes, foram obtidas pelos grupos de famílias de 0 (zero) e 4 inter cruzamentos, cujos valores ficaram situados fora dos intervalos de confiança das demais, possibilitando inferir que

elas são diferentes. As demais estimativas de σ_G^2 não diferiram entre si, apresentando o mesmo padrão de comportamento (Tabela 22).

Uma outra maneira de comparar a variabilidade genética liberada entre os grupos de famílias é através das estimativas de herdabilidade e dos coeficientes de variação genética. Ainda em Lambari, observa-se que essas estimativas foram altas e muito próximas, dando segurança a respeito da possibilidade de sucesso com a seleção, independente do número de inter cruzamentos realizados (Tabela 22).

Em Goianira, na geração $S_{0,2}$, as estimativas de σ_G^2 de maior magnitude foram obtidas com as famílias oriundas de 0 (zero) inter cruzamento, e as $\hat{\sigma}_G^2$ de menor magnitude, com os grupos de famílias oriundos de 2 e 3 inter cruzamentos, que diferiram entre si e dos demais grupos. Na geração $S_{0,3}$, a estimativa de menor magnitude foi do grupo de famílias oriundo de 3 inter cruzamentos, que diferiu das demais. A comparação das $\hat{\sigma}_g^2$ dos grupos de famílias oriundos de 0, 1, 2 e 4 inter cruzamentos mostrou não existir diferenças entre as mesmas (Tabela 23).

Em Goianira, a maior estimativa de h^2 (98,79%) foi obtida com o grupo de famílias oriundo de 0 (zero) inter cruzamento, enquanto, para os demais tipos de famílias, os valores foram semelhantes. Em $S_{0,3}$, não foram observadas diferenças entre as estimativas de herdabilidade encontradas para as famílias oriundas de 0, 1, 2 e 4 inter cruzamentos. A menor estimativa de h^2 (91,39%) ocorreu com o grupo de famílias de 3 inter cruzamentos, cujo valor ficou situado fora dos intervalos de confiança dos demais tipos de famílias. As estimativas dos CV_g 's seguiram as mesmas tendências observadas para as herdabilidades (Tabela 23).

Considerando todos os resultados apresentados, pode-se inferir que o aumento no número de inter cruzamentos não resultou em maior variabilidade para o caráter floração média, na população de arroz irrigado CNA 5.

TABELA 22 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter floração (dias), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes números de intercruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Lambari-MG, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de intercruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	147,6500	152,0357	124,3000	103,0315	164,6450	114,2082	59,1732	72,5936	45,0727	99,5774
$\hat{\sigma}_F^2$	49,2167	50,6785	41,4333	34,3438	54,8817	38,0694	19,7244	24,1979	15,0242	33,1925
$\hat{\sigma}_O^2$	46,5325	47,9944	38,7492	31,6597	52,1975	35,3852	17,0402	21,5137	12,3400	30,5083
LI	32,7827	33,9152	27,2145	22,1644	36,8853	24,7725	11,6784	14,9090	8,3179	21,3583
LS	71,2341	73,1447	59,5930	48,9219	79,5503	54,6787	27,1906	33,7540	20,2021	47,1427
h^2_m (%)	94,55	94,70	93,52	92,18	95,10	92,95	86,39	88,90	82,13	91,91
LI (%)	92,34	92,58	90,93	89,06	93,15	90,10	80,95	84,47	74,99	88,68
LS (%)	96,36	96,45	95,66	94,77	96,72	95,30	90,89	92,57	88,04	94,58
CVg (%)	6,62	7,02	6,20	5,63	7,49	5,83	4,15	4,53	3,50	5,54

LI e LS – Limites inferior e superior

TABELA 23 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter floração (dias), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes númeos de intercruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Goianira-GO, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de intercruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	665,3498	238,2356	153,6883	102,8317	219,6323	249,0400	176,7241	185,8336	93,4980	167,3307
$\hat{\sigma}_F^2$	221,7833	79,4112	51,2294	34,2772	73,2108	83,0133	58,9080	61,9445	31,1660	55,7769
$\infty \hat{\sigma}_O^2$	219,0991	76,7277	48,5453	12,3400	70,5266	80,3292	56,2239	59,2604	28,4818	53,0927
LI	156,5932	54,5360	34,3045	8,6400	50,1284	56,9321	39,8479	41,9999	19,8741	37,5179
LS	328,4175	115,9407	73,9843	19,0700	106,5704	121,8944	85,3162	89,9239	44,2279	80,9146
h^2m (%)	98,79	96,62	94,76	92,17	96,33	96,77	95,44	95,67	91,39	95,19
LI (%)	98,30	95,27	92,66	89,04	94,87	95,46	93,62	93,93	87,94	93,26
LS (%)	99,19	97,74	96,49	94,76	97,54	97,84	96,95	97,09	94,23	96,78
CVg (%)	15,47	9,84	7,59	6,26	9,24	9,18	7,98	8,02	5,76	7,83

LI e LS – Limites inferior e superior

4.3 Peso de 100 grãos

As médias do peso de 100 grãos (gramas) das famílias com 0, 1, 2, 3 e 4 intercruzamentos, referentes aos experimentos conduzidos em Lambari e Goianira, nas gerações $S_{0.2}$ (1998/99) e $S_{0.3}$ (1999/00), são apresentadas na Tabela 24. As famílias, de um modo geral, assim como as cultivares testemunhas, apresentaram maior peso de 100 grãos em Goianira.

Os resultados relativos ao efeito do número de intercruzamentos no peso médio de 100 grãos foram variáveis. Em Lambari, geração $S_{0.2}$, os dados obtidos mostraram um bom ajuste ao modelo de equação de regressão linear, com $R^2 = 73,10\%$, indicando um decréscimo no peso de 100 grãos à medida que o número de intercruzamentos cresceu. Todavia, esse decréscimo ocorreu até 2 intercruzamentos, sendo que, a partir daí, as médias foram iguais. Na geração $S_{0.3}$, no mesmo local, a tendência foi de aumento no peso de 100 grãos, cujo modelo de equação de regressão linear apresentou um coeficiente de determinação (R^2) de 52,99% (Tabela 24).

Em Goianira, os resultados obtidos nas duas gerações ($S_{0.2}$ e $S_{0.3}$) revelaram não existirem diferenças significativas entre os pesos médios de 100 grãos das famílias. Na média de todos os ambientes, foi obtido coeficiente de regressão linear (b), próximo de 0 (zero), revelando a não existência de efeito linear, ou seja, o peso médio de 100 grãos não se alterou com o aumento do número de intercruzamentos (Tabela 24).

Depreende-se, assim, que o peso médio de 100 grãos foi pouco influenciado pela realização de maior número de intercruzamentos na população de arroz irrigado CNA 5. Ressalta-se também que, na média, o peso de 100 grãos das famílias foi semelhante aos das cultivares testemunhas, estando, dessa maneira, adequado aos objetivos do melhoramento genético do arroz irrigado, ou seja, dentro do padrão da classe de grãos longo e fino (tipo agulhinha), que é a preferida pelo mercado brasileiro.

TABELA 24 – Médias do peso de 100 grãos (gramas) de famílias provenientes de diferentes números de inter cruzamentos, referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goianira-GO, nas gerações $S_{0,2}$ (1998/99) e $S_{0,3}$ (1999/00).

Número de Intercruzamentos	Ambientes				Média
	Lambari-MG		Goianira-GO		
	$S_{0,2}$	$S_{0,3}$	$S_{0,2}$	$S_{0,3}$	
0	2,53	2,49	2,50 _{ns}	2,61	2,53
1	2,51	2,60	2,52	2,60	2,55
2	2,42	2,58	2,52	2,62	2,53
3	2,43	2,60	2,51	2,62	2,54
4	2,43	2,60	2,51	2,60	2,53
a	2,52	2,53	-	2,61	2,54
b	-0,028 _x	0,022 _x	-	0,00 _x	-0,001 _x
R ² (%)	73,10	52,99	-	-	3,13
P	0,046	0,139	-	-	0,771
Médias das famílias	2,46	2,57	2,51	2,61	2,54
Médias das testemunhas	2,39	2,60	2,44	2,61	2,51

n.s – não significativo pelo teste F

Na Tabela 25 são apresentados os limites inferior e superior e as amplitudes de variação em porcentagem da média para o caráter peso de 100 grãos, para os diferentes grupos de famílias, em Lambari e Goianira, nas gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$. Em Lambari, nas duas gerações, as maiores amplitudes de variação foram encontradas com o grupo de famílias oriundo de 0 (zero) inter cruzamento. Para os demais grupos, embora com alguma variação, as amplitudes de variação, na maioria dos casos, foram aproximadas.

Em Goianira, geração $S_{0,2}$, as maiores amplitudes foram encontradas para os grupos de famílias com 0 (zero) e 1 inter cruzamentos, e na geração $S_{0,3}$, com o grupo de famílias com 0 (zero) inter cruzamento. Foi observada pequena variação entre os demais grupos de famílias, com exceção do grupo oriundo de 2 inter cruzamentos, na geração $S_{0,3}$, na qual houve uma redução mais acentuada da amplitude de variação (Tabela 25).

TABELA 25 - Limites inferior e superior e amplitude de variação (AV) em porcentagem de média, do peso médio de 100 grãos (gramas) das famílias oriundas de diferentes números de intercruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, em Lambari (MG) e Goianira (GO), nas gerações $S_{0,2}$ (1998/99) e $S_{0,3}$ (1999/00).

Ambiente	Número de intercruzamentos				
	0	1	2	3	4
Lambari - $S_{0,2}$ AV (%)	2,03-3,12 43,08	2,07-2,89 32,67	2,07-2,72 26,86	2,11-2,89 32,09	2,04-3,01 39,92
Lambari - $S_{0,3}$ AV (%)	2,14-3,08 37,75	2,34-2,91 25,00	2,39-2,94 21,32	2,32-2,94 23,85	2,25-3,07 31,54
Goianira - $S_{0,2}$ AV (%)	1,99-3,09 44,00	1,97-3,28 51,98	2,18-3,16 38,89	2,17-2,94 30,68	2,12-3,12 39,84
Goianira - $S_{0,3}$ AV (%)	2,27-3,18 34,86	2,31-2,95 24,61	2,45-2,97 19,85	2,37-2,95 22,14	2,33-3,06 28,08

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter peso de 100 grãos em Lambari e Goianira, respectivamente, nas gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$, são apresentadas nas Tabelas 26 e 27.

Os limites inferior e superior dos intervalos de confiança das estimativas de σ_G^2 e h_n^2 , para os diferentes tipos de famílias, mostraram pequena variação, indicando boa precisão das mesmas. Maiores magnitudes das estimativas de variâncias genéticas, tanto em Lambari como em Goianira, gerações $S_{0,2}$ e $S_{0,3}$, foram observadas para os grupos de famílias com 0 (zero) e 4 intercruzamentos, que diferiram das estimativas de σ_G^2 para as famílias oriundas de 1, 2 e 3 intercruzamentos, já que seus valores ficaram situados fora dos intervalos de confiança respectivos. Na geração $S_{0,2}$, em Goianira, os resultados foram semelhantes, no entanto, as maiores estimativas de σ_G^2 foram obtidas com os grupos de famílias com 0 (zero) e 1 intercruzamentos. Comparando os

resultados, pode-se inferir que maior variabilidade genética para peso de 100 grãos, em termos de $\hat{\sigma}_G^2$ ocorreu com as famílias provenientes de 0 (zero) inter cruzamento, e que o aumento no número de inter cruzamentos não incrementou a magnitude de $\hat{\sigma}_G^2$ (Tabelas 26 e 27).

As estimativas de h_m^2 foram altas e muito próximas, variando de 91,55 a 96,67% (Lambari – $S_{0.2}$), 90,00 a 96,00% (Lambari – $S_{0.3}$), 91,67 a 97,54% (Goianira – $S_{0.2}$) e 90,00 a 95,00% (Goianira – $S_{0.3}$). Houve boa concordância entre as estimativas de h_m^2 e de CV_p , evidenciando possibilidades de sucesso com a seleção para o caráter peso de 100 grãos em todos os tipos de famílias, independente do aumento ou não do número de inter cruzamentos (Tabelas 26 e 27).

4.4 Produtividade de grãos

A produtividade média de grãos variou entre os ambientes, sendo que, na geração $S_{0.2}$, ela foi, na média dos dois locais, 8,6% superior à obtida na geração $S_{0.3}$. De forma coerente com o resultado da análise de variância, para a qual não se constatou diferença entre os locais (Tabela 11), o desempenho médio das famílias nos dois locais, independente de gerações, foi praticamente o mesmo. Vale ressaltar o fato de que a produtividade média de grãos das testemunhas (629,50 g/parcela) foi 53% superior ao obtido pelas diferentes famílias (411,18 g/parcela).

TABELA 26 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter peso de 100 grãos (gramas), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes números de intercruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Lambari-MG, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de intercruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	0,1534	0,0984	0,0639	0,0765	0,1169	0,1238	0,0609	0,0512	0,0559	0,1279
$\hat{\sigma}_F^2$	0,0511	0,0328	0,0213	0,0255	0,0389	0,0413	0,0203	0,0170	0,0186	0,0426
$\hat{\sigma}_G^2$	0,0494	0,0310	0,0195	0,0237	0,0372	0,0395	0,0185	0,0153	0,0169	0,0409
LI	0,0350	0,0218	0,0136	0,0166	0,0263	0,0279	0,0128	0,0105	0,0117	0,0290
LS	0,0749	0,0474	0,0304	0,0366	0,0567	0,0602	0,0290	0,0243	0,0266	0,0620
h^2m (%)	96,67	94,51	91,55	92,94	95,63	95,64	91,13	90,00	90,86	96,00
LI (%)	95,15	92,46	88,39	90,30	93,65	93,99	87,81	85,50	86,73	94,19
LS (%)	97,69	96,39	94,45	95,36	96,96	97,14	94,17	93,07	93,65	97,22
CVg (%)	8,78	7,01	5,77	6,33	7,94	7,98	5,23	4,79	5,00	7,78

LI e LS – Limites inferior e superior

TABELA 27 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter peso de 100 grãos (gramas), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes números de intercruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Goianira-GO, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de intercruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	0,2077	0,1589	0,0976	0,0613	0,0947	0,1022	0,0556	0,0512	0,0545	0,0854
$\hat{\sigma}_F^2$	0,0692	0,0529	0,0325	0,0204	0,0316	0,0340	0,0185	0,0170	0,0182	0,0285
$\hat{\sigma}_G^2$	0,0675	0,0512	0,0308	0,0187	0,0298	0,0323	0,0168	0,0153	0,0164	0,0267
LI	0,0480	0,0364	0,0217	0,0129	0,0212	0,0227	0,0116	0,0105	0,0113	0,0187
LS	0,1020	0,0774	0,0471	0,0293	0,0450	0,0497	0,0265	0,0243	0,0259	0,0410
h^2m (%)	97,54	96,79	94,77	91,67	94,30	95,00	90,81	90,00	90,10	93,68
LI (%)	96,42	95,33	92,39	87,89	92,16	92,72	86,65	85,50	86,38	91,31
LS (%)	98,29	97,76	96,36	94,21	96,25	96,54	93,62	93,07	93,49	95,84
CVg (%)	10,39	8,98	6,96	5,45	6,88	6,88	4,98	4,72	4,89	6,28

LI e LS – Limites inferior e superior

TABELA 28 - Médias de produtividade de grãos (gramas/parcela) de famílias provenientes de diferente números de inter cruzamentos, referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goianira-GO, nas gerações $S_{0,2}$ (1998/99) e $S_{0,3}$ (1999/00).

Número De Intercruzamentos	Ambientes				Média
	Lambari-MG		Goianira-GO		
	$S_{0,2}$	$S_{0,3}$	$S_{0,2}$	$S_{0,3}$	
0	395,94	401,78	417,35	382,85	399,48
1	374,89	364,22	393,55	353,83	371,62
2	417,28	410,35	436,58	384,48	412,17
3	444,00	420,26	446,29	391,64	425,55
4	471,17	426,97	483,49	406,81	447,11
a	376,74	383,43	398,45	366,78	381,35
B	21,957x	10,642x	18,502x	8,573x	14,919x
R ² (%)	83,00	47,00	76,00	49,28	69,55
P	0,019	0,179	0,037	0,163	0,050
Médias das famílias	420,65	404,72	435,45	383,92	411,18
Médias das testemunhas	675,16	649,50	623,83	569,50	629,50

Para verificar se ocorreram alterações na média das famílias com o aumento do número de inter cruzamentos, foram estimadas, para cada local e geração, equações de regressão, considerando como variável dependente a produtividade de grãos e como variável independente, o número de inter cruzamentos. As estimativas dos coeficientes de determinação (R^2), embora variáveis, possibilitam inferir que ocorreu bom ajustamento dos dados às equações obtidas. As estimativas de b , em todos os ambientes, foram positivas e diferentes de zero, permitindo deduzir que a média de

produtividade de grãos das famílias cresceu linearmente com o aumento do número de inter cruzamentos. A maior estimativa de resposta na produtividade de grãos ocorreu na geração $S_{0.2}$ em Lambari, onde foi obtido um $\hat{b}=21,96x$, ou seja, um desvio genético estimado por inter cruzamento realizado de 21,96 gramas por parcela. Esse valor, em relação ao intercepto estimado na equação de regressão, corresponde a um ganho genético de 5,83% (Tabela 28).

As menores estimativas de \hat{b} ocorreram na geração $S_{0.3}$, tanto em Lambari ($\hat{b}=10,64$ gramas/parcela) quanto em Goianira ($\hat{b}=8,57$ gramas/parcela), mas, mesmo assim, propiciaram ganhos genéticos expressivos, ou seja, de 2,77% e 2,34%, respectivamente. Na média dos quatro ambientes, foi estimado um $b=14,92$ gramas/parcela, correspondendo a um incremento linear na média de produtividade de grãos das famílias de 3,91% (Tabela 28).

A presença de variabilidade entre as famílias provenientes dos diferentes números de inter cruzamentos, em todos os ambientes, detectada nas análises de variância, é confirmada pelos resultados apresentados na Tabela 29. Verifica-se que na geração $S_{0.2}$, independente de local, a variabilidade foi maior do que em $S_{0.3}$, sendo que as maiores amplitudes de variação ocorreram entre as famílias provenientes de 0 (zero) inter cruzamento, correspondendo a uma amplitude de 90,78% superior a média em Lambari e 54,4% em Goianira. Na geração $S_{0.3}$, as maiores amplitudes de variação ocorreram em Lambari. É importante salientar que muito embora o desempenho médio das cultivares testemunhas tenha sido bem superior ao da média das famílias, como já comentado anteriormente, na maioria dos casos seria possível selecionar famílias com performance superior à das cultivares testemunhas, principalmente na geração $S_{0.2}$.

TABELA 29 - Limites inferior e superior e amplitude de variação (AV) em porcentagem da média, de produtividade de grãos (gramas/parcela) das famílias oriundas de diferentes números de inter cruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, em Lambari (MG) e Goianira (GO), nas gerações $S_{0.2}$ (1998/99) e $S_{0.3}$ (1999/00).

Ambiente	Número de inter cruzamentos				
	0	1	2	3	4
Lambari - $S_{0.2}$	97,50-852,90	115,65-665,46	138,75-706,87	142,67-666,47	159,78-939,57
AV (%)	190,78	146,65	136,14	117,97	165,50
Lambari - $S_{0.3}$	121,64-703,47	180,12-502,90	140,00-580,23	251,40-679,27	239,65-574,01
AV (%)	144,81	88,62	107,28	101,81	78,30
Goianira - $S_{0.2}$	95,37-739,92	169,55-632,93	261,67-693,77	149,47-633,03	248,28-721,09
AV (%)	154,43	117,74	98,97	108,35	97,79
Goianira - $S_{0.3}$	157,09-745,60	179,32-459,97	231,29-524,77	288,68-533,04	230,44-527,89
AV (%)	153,71	79,31	76,33	62,39	73,12

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter produtividade de grãos nas gerações $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$, em Lambari e Goianira, são encontradas, respectivamente, nas Tabelas 30 e 31. Verifica-se que as estimativas de σ_G^2 , h_m^2 e CV_g foram de grandes magnitudes, confirmando novamente a existência de variabilidade genética entre as famílias.

As maiores estimativas de variância genética foram obtidas pelo grupo de famílias oriundo de 0 (zero) inter cruzamento, nos dois locais e nas duas gerações consideradas, as quais ficaram, na maioria dos casos, situadas fora dos intervalos de confiança das estimativas dos demais grupos. Esses, por sua vez, não diferiram entre si quanto às estimativas de σ_G^2 em quase todas as situações. Em Lambari, no entanto, na geração $S_{0.2}$, as estimativas de σ_G^2 dos grupos de famílias provenientes de 0 (zero) e

4 intercruzamentos não diferiram entre si. Na geração $S_{0,3}$, nesse mesmo local, o grupo de famílias de 2 intercruzamentos apresentou estimativa de σ_G^2 que diferiu de todos os outros grupos, sendo, inclusive, de maior magnitude que os grupos de famílias provenientes de 1, 3 e 4 intercruzamentos. Em Goianira, na geração $S_{0,3}$, foram detectadas diferenças entre as magnitudes de $\hat{\sigma}_G^2$ dos grupos de famílias oriundos de 2 e 3 intercruzamentos (Tabelas 30 e 31). De modo geral, considerando todos os resultados, pode-se inferir que o aumento no número de intercruzamentos não proporcionou incrementos nas estimativas de σ_G^2 .

Quanto às estimativas da herdabilidade, constata-se que variaram de 85,55% (Lambari - $S_{0,3}$) a 97,18% (Lambari - $S_{0,2}$) e de 74,30% (Goianira - $S_{0,3}$) a 96,94% (Goianira - $S_{0,2}$), corroborando o que já foi comentado anteriormente, ou seja, a presença de grande variabilidade genética para produtividade de grãos dentro de cada grupo de família, possibilitando ganhos elevados com a seleção. Além do mais, merece destaque o fato de que a variação entre os limites inferior e superior dessas estimativas foi pequena, mostrando boa precisão. Como as estimativas de h_m^2 foram, além de altas, muito próximas, observa-se que, em relação às estimativas das variâncias fenotípicas, as estimativas das variâncias genéticas, para todos os grupos de famílias, apresentaram o mesmo padrão de comportamento, não havendo, portanto, evidências de que o incremento no número de intercruzamentos promoveu maior variabilidade (Tabelas 30 e 31).

O coeficiente de variação genética (CV_g) em Lambari, geração $S_{0,2}$, variou de 24,79% (3 intercruzamentos) a 41,00% (0 intercruzamento), e na geração $S_{0,3}$, de 17,83% (3 intercruzamentos) a 34,17% (0 intercruzamento). Em Goianira, o CV_g em $S_{0,2}$, variou de 14,83% (4 intercruzamentos) a 37,28% (0 intercruzamento). Esses resultados demonstram a mesma tendência observada para as estimativas de σ_G^2 e h_m^2 , ou seja, as maiores estimativas de CV_g foram obtidas com o grupo de famílias com 0 (zero) intercruzamento. De certa forma, para os outros grupos de famílias, o CV_g

TABELA 30 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter produtividade de grãos (gramas/parcela), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes números de intercruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Lambari-MG, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de intercruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	81366,41	37969,90	44820,24	38636,22	62596,36	58826,87	15868,54	30290,31	19136,89	18089,98
$\sigma^2_{\bar{P}}$	27122,14	12656,63	14940,08	12878,74	20865,45	19608,96	5289,51	10096,77	6378,96	6029,99
$\sigma^2_{\bar{O}}$	26358,04	11892,54	14175,98	12114,65	20101,36	18844,86	4525,42	9332,68	5614,87	5265,90
LI	18734,60	8378,45	10017,44	8534,93	14287,52	13316,70	3089,25	6533,64	3877,18	3622,76
LS	39828,78	18205,66	21604,55	18545,67	30374,51	28720,04	7264,90	14421,26	8857,46	8353,81
h^2_m (%)	97,18	93,96	94,88	94,06	96,34	96,10	85,55	92,43	88,02	87,33
LI (%)	96,04	91,55	92,84	91,69	94,87	94,53	79,77	89,40	83,23	82,26
LS (%)	98,12	95,96	96,57	96,03	97,55	97,40	90,33	94,93	91,98	91,52
CVg (%)	41,00	29,09	28,53	24,79	30,09	34,17	18,47	23,54	17,83	16,99

LI e LS – Limites inferior e superior

TABELA 31 – Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para o caráter produtividade de grãos (gramas/parcela), obtidas da avaliação de famílias $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ de arroz irrigado, provenientes de diferentes números de intercruzamentos realizados na população CNA 5, em experimentos conduzidos em Goianira-GO, nos anos agrícolas 1998/99 e 1999/00, respectivamente.

Parâmetros	Geração/Número de intercruzamentos									
	$S_{0.2}$					$S_{0.3}$				
	0	1	2	3	4	0	1	2	3	4
QM	74909,25	26273,00	18553,74	17830,08	17718,12	42207,69	13598,29	14631,90	8919,69	12962,86
$\hat{\sigma}_F^2$	24969,75	8757,67	6184,58	5943,36	5906,04	14069,23	4532,76	4877,30	2973,23	4320,95
$\hat{\sigma}_G^2$	24205,65	7993,57	5420,49	5179,27	5141,95	13305,14	3768,67	4113,20	2209,14	3556,86
LI	16774,62	5577,78	3729,11	3563,16	3537,49	9373,64	2551,42	2796,43	1428,69	2397,54
LS	37977,64	12412,80	8599,05	8216,38	8157,18	20368,13	6128,06	6644,74	3864,93	5823,03
h^2_m (%)	96,94	91,27	87,64	87,14	87,06	94,57	83,14	84,33	74,30	82,32
LI (%)	95,70	87,78	82,70	82,00	81,89	92,38	76,40	78,07	64,02	75,24
LS (%)	97,96	94,16	91,73	91,39	91,34	96,38	88,71	89,51	82,79	88,16
CVg (%)	37,28	22,72	16,86	16,12	14,83	30,13	17,35	16,68	12,00	14,66

LI e LS – Limites inferior e superior

manteve-se pouco variável com o aumento no número de inter cruzamentos (Tabelas 30 e 31).

A avaliação da eficiência da seleção para produtividade de grãos pôde ser estudada neste trabalho, uma vez que as famílias foram testadas em duas gerações. Para tal, foram selecionadas as cinco e dez melhores e piores famílias, em cada grupo representativo dos números de inter cruzamentos, na geração $S_{0,2}$, e verificada a resposta dessa seleção na geração $S_{0,3}$, para Lambari, Goianira e na média dos dois locais. Posteriormente, foram obtidas estimativas de herdabilidade realizada (h_r^2), que é a que realmente reflete o resultado da seleção (Tabela 32).

Para todos os grupos de famílias, as estimativas de h_r^2 foram inferiores às estimativas de herdabilidades citadas anteriormente (Tabelas 30 e 31), evidenciando o reflexo da ocorrência da interação famílias x locais x gerações. Verificou-se, também, que a resposta em $S_{0,3}$ com a seleção praticada em $S_{0,2}$ foi ligeiramente maior no sentido de identificar as piores famílias, nas duas intensidades de seleção consideradas, para as quais os valores de h_r^2 foram, na maioria dos casos, em média, mais elevados.

Por outro lado, as menores estimativas de h_r^2 foram apresentadas pelo grupo de famílias provenientes de 3 inter cruzamentos, o que provavelmente ocorreu devido ao efeito mais pronunciado da interação nesse grupo de família, fato este comprovado pelas menores estimativas de r_G obtidas entre o desempenho médio das famílias nos ambientes dois a dois (Tabelas 15 e 32). Ressalta-se, entretanto, que na maioria dos casos as estimativas de h_r^2 encontradas permitem prever que a seleção efetuada em um ambiente propiciaria, ainda, ganhos expressivos para produtividade de grãos no outro ambiente, para todos os grupos de famílias (Tabela 21).

TABELA 32 – Estimativas de herdabilidade realizada (h_r^2), com a seleção das cinco e dez melhores e piores famílias, para o caráter produtividade de grãos, provenientes de números diferentes de inter cruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, nos municípios de Lambari-MG e Goianira-GO, e, na média dos dois locais.

Intercruzamentos (n°)	h_r^2 (%)			
	5 melhores	5 piores	10 melhores	10 piores
Lambari-MG				
0	59,39	36,89	67,58	44,37
1	30,31	50,79	17,49	51,88
2	50,00	62,54	48,08	61,58
3	23,05	52,08	13,31	33,11
4	35,70	27,16	41,63	27,50
Média	39,69	45,89	37,62	43,69
Goianira-GO				
0	28,59	26,05	58,12	39,18
1	33,30	43,40	36,29	18,28
2	78,76	81,51	76,70	62,28
3	16,44	33,40	20,57	38,61
4	47,39	86,21	66,53	73,87
Média	40,89	54,11	51,64	46,44
Média dos dois locais				
0	88,07	35,75	71,46	42,25
1	22,90	58,57	38,10	46,36
2	69,48	60,59	70,98	73,19
3	8,72	55,24	20,56	52,46
4	34,20	56,74	62,15	49,35
Média	44,67	53,38	52,65	53,32

As maiores estimativas de h_r^2 com a seleção das melhores famílias, em Lambari e na média dos dois locais, foram obtidas pelo grupo de famílias de 0 (zero) inter cruzamento, que foi o que apresentou as maiores estimativas de σ_G^2 (Tabelas 30, 31 e 32). Em Goianira, entretanto, foi constatado o crescimento da h_r^2 até 2

intercruzamentos, indicando que, para esse local específico, a seleção foi mais eficiente para esse grupo de famílias, consequência da menor influência da interação, conforme pode ser observado pelas estimativas de r_G obtidas para o par de ambientes $G_0-S_{0,2}/G_0-S_{0,3}$ (Tabelas 15 e 32). Verifica-se, ainda, para os grupos de famílias oriundos de 0 (zero), 1 e 3 intercruzamentos, que as estimativas de r_G foram bem inferiores às obtidas pelos demais grupos, que foram justamente os que obtiveram as maiores estimativas de

Para verificar a eficiência da seleção dentro de cada grupo de famílias, foi também obtido o ganho genético realizado com a seleção das cinco e dez famílias mais produtivas, para Lambari, Goianira e na média dos dois locais (Tabelas 33, 34 e 35).

TABELA 33 – Ganho genético realizado (%) e médias de produtividade de grãos (gramas/parcela) das cinco e dez melhores famílias selecionadas na geração $S_{0,2}$, e suas respostas à seleção na geração $S_{0,3}$, provenientes de números diferentes de intercruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, em Lambari (MG), anos agrícolas 1998/99 e 1999/00.

Intercruzamentos (n°)	Famílias			
	5 melhores		10 melhores	
	Gr (%)	Média	Gr (%)	Média
0	47,41	592,26	41,45	568,32
1	15,49	420,64	7,18	390,37
2	24,93	512,65	19,45	490,16
3	8,65	456,61	4,45	438,96
4	23,04	525,34	19,63	510,78
a	35,02	521,07	27,71	493,02
b	-5,56x	-9,79x	-4,64x	-6,65x
R ² (%)	36,00	5,47	25,20	2,37
P	0,264	0,698	0,372	0,80

Embora as estimativas de R^2 não tenham sido de grandes magnitudes, especialmente no caso de Goianira, as estimativas do coeficiente de regressão linear (b) obtidas foram sempre negativas, evidenciando tendência de redução no incremento do ganho realizado com a seleção, com o aumento no número de intercruzamentos. Quando são comparadas as médias das cinco e dez famílias mais produtivas, observa-se, de modo geral, que a realização de maior número de intercruzamentos não proporcionou a seleção de famílias com maior produtividade média (Tabelas 33, 34 e 35). É oportuno enfatizar que isso ocorreu mesmo tendo as famílias oriundas da população com 0 intercruzamento apresentado uma das menores médias (Tabela 28).

TABELA 34 – Ganho genético realizado (%) e médias de produtividade de grãos (gramas/parcela) das cinco e dez melhores famílias, selecionadas na geração $S_{0,2}$, e suas respostas à seleção na geração $S_{0,3}$, provenientes de números diferentes de intercruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, em Goianira (GO), anos agrícolas 1998/99 e 1999/00.

Intercruzamentos (n°)	Famílias			
	5 melhores		10 melhores	
	Gr (%)	Média	Gr (%)	Média
0	17,84	451,15	31,51	503,49
1	13,78	402,59	12,24	397,14
2	22,60	471,37	17,66	452,38
3	5,02	411,30	5,20	412,00
4	15,77	470,96	16,83	475,28
a	17,58	431,81	23,97	456,37
b	-1,29x	4,833x	-3,64x	-4,156x
R^2 (%)	10,00	5,47	36,00	2,25
P	0,59	0,69	0,26	0,80

TABELA 35 – Ganho genético realizado (%) e médias de produtividade de grãos (gramas/parcela) das cinco e dez melhores famílias, selecionadas na geração $S_{0,2}$ e suas respostas à seleção na geração $S_{0,3}$, provenientes de números diferentes de inter cruzamentos realizados na população de arroz irrigado CNA 5, com base na média dos dois locais (Lambari-MG e Goianira-GO), anos agrícolas 1998/99 e 1999/00.

Intercruzamentos (n°)	Famílias			
	5 melhores		10 melhores	
	Gr (%)	Média	Gr (%)	Média
0	54,49	606,09	36,24	534,49
1	9,19	392,02	12,30	403,19
2	26,29	501,90	21,43	482,58
3	2,49	416,06	4,83	425,47
4	14,50	477,33	18,33	493,30
a	38,73	525,38	27,28	479,83
b	-8,67	-23,35	-4,33	-6,01
R ² (%)	44,89	19,36	34,10	3,20
P	0,19	0,44	0,28	0,77

4.5 Correlações genéticas

As estimativas dos coeficientes de correlação genética entre as características altura de planta, floração, peso de 100 grãos e produtividade de grãos, para os diferentes grupos de famílias, considerando as médias obtidas em todos os ambientes, são apresentadas na Tabela 36. De modo geral, as estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_G) foram de pequenas magnitudes e, em alguns casos, foram próximas ou iguais a zero, indicando a possibilidade de obtenção de respostas independentes da seleção para todas as características. Observou-se, entretanto, que os maiores valores foram obtidos com as correlações, envolvendo altura de planta e floração com a produtividade de grãos, foram negativas. Em relação à altura de planta, a referida correlação foi mais intensa para as famílias oriundas de 0, 1 e 2

intercruzamentos, enquanto, para a floração, a correlação mais intensa ocorreu nas famílias oriundas de 0, 2 e 3 intercruzamentos.

Esses resultados demonstram que o incremento no número de intercruzamentos não influenciou a magnitude das estimativas de r_G encontradas para os diferentes tipos de famílias.

TABELA 36 – Estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_G) entre as características altura de planta (ALT), floração (FLOR), peso de 100 grãos (P100) e produtividade de grãos (PROD) para famílias provenientes de números diferentes de intercruzamentos, com base nas médias obtidas nos experimentos conduzidos em Lambari (MG) e Goianira (GO), nas gerações $S_{0.2}$ (1998/99) e $S_{0.3}$ (1999/00).

Características correlacionadas	Número de intercruzamentos					Média
	0	1	2	3	4	
FLOR vs. ALT	0,42	0,11	0,21	0,06	0,42	0,24
FLOR vs. P100	-0,04	-0,06	-0,20	-0,34	-0,41	-0,21
FLOR vs. PROD	-0,44	-0,17	-0,26	-0,30	-0,11	-0,26
ALT vs. P100	0,02	0,16	0,35	0,16	0,07	0,15
ALT vs. PROD	-0,36	-0,52	-0,42	-0,04	-0,12	-0,29
P100 vs. PROD	0,02	0,06	0,12	0,13	0,29	0,12

5 DISCUSSÃO

Em qualquer programa de melhoramento, a qualidade de um experimento é um dos fatores que indicam a confiabilidade dos resultados obtidos. Assim, é fundamental que os ensaios sejam bem conduzidos para que se possa obter maior precisão nas estimativas dos parâmetros de interesse. A medida mais utilizada como indicativo de precisão experimental é o coeficiente de variação (CV). Nesse trabalho, os CV's encontrados para as quatro características avaliadas não divergiram e, em alguns casos, foram até mais baixos dos que são comumente relatados na literatura para a cultura do arroz irrigado (Morais et al., 1997; Lúcio, Storck e Markezan, 1997; Rangel, Zimmermann e Neves, 1998; Rodriguez, Rangel e Morais, 1998; Badan, 1999), permitindo inferir que as famílias foram comparadas com boa precisão.

É interessante ressaltar, ainda, que para proceder comparações entre números de inter cruzamentos na formação de uma determinada população segregante, é necessário que a mesma possua variabilidade. Nesse aspecto, todas as análises de variância realizadas (Tabelas 1A, 2A, 3A, 4A, 5A, 6A e 11), para todas as características, mostraram diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$) para a maioria das fontes de variação, constatando a existência de suficiente variabilidade genética para os diferentes tipos de famílias e, conseqüentemente, possibilidade de seleção de famílias superiores na população CNA 5.

Os dois locais utilizados na avaliação das famílias S_{02} e S_{03} , Lambari e Goianira, apesar de serem semelhantes em altitude, apresentam características microclimáticas bem distintas. Em Lambari, a área experimental está localizada em um vale cercado por uma grande montanha, coberta por floresta nativa. Essa condição favorece a ocorrência de alta umidade relativa, temperaturas, sobretudo noturnas, mais amenas e maior nebulosidade, favorável à ocorrência de patógenos. Por isso, esse local é utilizado no estado para avaliar a ocorrência de doenças na cultura do arroz. Já em Goianira, as condições de temperatura mais elevadas não são tão favoráveis à ocorrência de doenças. Essas duas condições ambientais também exercem influência no ciclo do arroz. Em geral, as cultivares desenvolvidas na região Centro-Oeste

(Goianira), quando cultivadas na região Sudeste (Lambari), apresentam ciclo mais longo, consequência de temperaturas mais amenas. Isto foi verificado neste trabalho, pois em Goianira as famílias foram de cinco a nove dias mais precoces do que em Lambari. Entretanto, embora os dois locais sejam contrastantes, como já mencionado, não foi detectada diferença significativa para produtividade de grãos entre locais (Tabela 11).

Pelos resultados das análises de variância conjuntas (Tabela 11), foi detectada significância das interações famílias x locais e famílias x gerações, sugerindo que o comportamento das famílias não foi consistente nos diferentes locais e gerações, sendo que a interação famílias x gerações foi mais pronunciada que famílias x locais. Resultados semelhantes foram obtidos por Santos (2000), que também verificou interação mais pronunciada entre famílias x anos do que famílias x locais. No entanto, os quadrados médios das interações famílias x locais e famílias x gerações, para todas as características avaliadas, apesar de altamente significativos, foram de magnitude inferior aos quadrados médios obtidos para os diferentes tipos de famílias (Tabela 11).

A ocorrência de interação dificulta o trabalho do pesquisador porque inviabiliza a generalização dos resultados. Contudo, antes da interpretação dos resultados por ambiente, isto é, locais e gerações, é importante verificar quais as causas da interação, que pode ocorrer por dois fatores. O primeiro, denominado simples, é devido às magnitudes nas diferenças de variabilidade entre os genótipos nos ambientes; e o segundo, denominado complexo, é devido à falta de correlação entre genótipos nos ambientes. Assim, quando o coeficiente de correlação genética (r_G) entre os pares de ambientes se aproxima de 1,0, a interação é predominantemente simples, e quando tende para zero, há predominância de interação complexa (Cruz e Regazzi, 1997).

Nesse trabalho não foi feita a decomposição da interação em parte simples ou complexa, mas foram obtidas as estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_G) entre o desempenho médio das famílias nos ambientes dois a dois, para os diferentes números de intercruzamentos (Tabelas 12, 13, 14 e 15). Com exceção do caráter altura de planta, cuja interação foi do tipo simples, ou seja, com valores altos de r_G , para as demais características as estimativas de r_G foram, de modo geral, de baixas

magnitudes. Nessa situação, é esperado que o desempenho médio das famílias seja modificado com as alterações de ambiente; portanto, na interpretação do efeito dos intercruzamentos, deverão ser enfocados o local e a geração de avaliação.

A produtividade média da população CNA 5, considerando todos os locais e gerações, foi de 411,18 gramas/parcela, cerca de 53% inferior à média das cultivares testemunhas (629,50 gramas/parcela), indicando, a princípio, que o potencial de produção de grãos dessa população não é grande. A inclusão direta na população CNA 5 de materiais tradicionais e exóticos pouco adaptados foi, de certa forma, uma estratégia para ampliar a variabilidade genética; no entanto, observa-se que isto resultou em produtividade média mais baixa, o que pode demandar vários ciclos de seleção para que a população possa atingir o nível de uma população com média superior, embora tenha sido verificado, na maioria dos casos, que seria possível selecionar famílias com performance superior à das cultivares testemunhas, principalmente na geração $S_{0.2}$ (Tabelas 28 e 29). O mais recomendado seria, entretanto, começar, mesmo que sacrificando um pouco o aspecto da variabilidade, com populações de média alta, ou seja, formada por linhagens elites. Rasmusson e Phillips (1997) citam que a variabilidade entre linhagens aparentadas é muito maior do que se imagina, pois existem outros mecanismos que geram variabilidade, além daqueles explicados por princípios mendelianos. A inclusão de material tradicional e exótico na população deveria ser precedida por um programa paralelo de retrocruzamento com linhagens elites, para posterior incorporação de nova variabilidade, sem prejuízo para a média de produtividade de grãos.

Para avaliar o efeito do número de intercruzamentos na formação de uma população, há algumas alternativas. Uma delas é verificar se ocorreu alteração no desempenho médio das famílias com os intercruzamentos. Analisando os resultados obtidos com altura de planta, floração média, peso de 100 grãos e produtividade de grãos (Tabelas 16, 20, 24 e 28), verifica-se que com exceção do peso de 100 grãos, ocorreram alterações nas médias das famílias com o aumento do número de intercruzamentos. Constatou-se um crescimento linear das médias de altura de planta e produtividade de grãos e redução no número de dias para a floração média. As

equações de regressão estimadas, considerando a média dos dois locais e das duas gerações, mostram crescimento médio linear de 1 cm na altura das famílias em relação à média estimada (intercepto da equação) das famílias provenientes de 0 (zero) intercruzamento. Utilizando o mesmo raciocínio, observa-se a redução de cerca de um dia, em média, para a floração. No caso da produtividade de grãos, foi constatado incremento linear, na média das famílias, de 3,91%. Os resultados obtidos neste trabalho diferem dos encontrados por Marin-Garavito (1994), que trabalhando com famílias provenientes da população de arroz irrigado CNA-IRAT 2, com zero, um, dois e três intercruzamentos, não detectou diferenças significativas entre as médias dessas famílias para as características floração, altura de planta, produtividade de grãos, número de panículas/m², número de grãos cheios/panícula e peso de 1000 grãos.

Em princípio, esses resultados evidenciam a vantagem de proceder mais de um intercruzamento. Contudo, alguns questionamentos são necessários. O primeiro deles é qual seria a razão pela qual o intercruzamento contribui para o incremento na média do caráter produtividade de grãos. Considerando o mesmo conjunto gênico e a ausência de seleção, não são esperadas alterações nas frequências alélicas, sendo que o fator propiciado pelo intercruzamento poderia ser a ocorrência de novas combinações genotípicas. Isso poderia acarretar aumento na expressão do caráter se no controle genético do mesmo estivessem, por exemplo, envolvidas interações epistáticas. Não há muitas informações a esse respeito com a cultura do arroz, mas as informações disponíveis apontam que há predominância de efeito aditivo (Morais, 1992). Se isso é verdadeiro, não é possível explicar o aumento na produtividade média devido, apenas, ao intercruzamento.

Um outro questionamento é se durante o intercruzamento haveria problemas amostrais, isto é, haveria possibilidade de trocas nas frequências alélicas. Não há muitos relatos a respeito do número de famílias para representar uma população. Nesse trabalho foram avaliadas 60 famílias por intercruzamento. Seria muito difícil avaliar um número superior a esse. Inclusive, na literatura há relatos de trabalhos com objetivo semelhante, cujo número de famílias utilizadas foi até menor. Vale salientar que o problema da amostragem deve ser mais sério durante o intercruzamento e não na

avaliação. Como a recombinação foi realizada por meio de macho-esterilidade, é esperado que a cada inter cruzamento a frequência de alelos do genitor macho-estéril aumente. Essa poderia ser uma das razões pela qual houve incremento na média. Uma boa evidência com relação a isso é citada por Ferreira et al. (2000), que trabalhando em âmbito molecular com a população CNA 5 oriunda de um e três inter cruzamentos, observaram que a cada inter cruzamento estaria ocorrendo um retorno ao “background” genético do genitor macho-estéril, causando desvios nas frequências alélicas da população. Em quatro locos analisados, foi observado um incremento acentuado na frequência de alelos do genitor macho-estéril.

Um último questionamento é de qual seria o efeito da seleção natural durante cada inter cruzamento, haja vista que nenhuma seleção artificial foi realizada. Na formação da população CNA 5, como já mencionado anteriormente, foram incluídos 23 parentais, já considerada a população CNA 1, fonte de macho-esterilidade, envolvendo cultivares elite tradicionais e exóticas que, quando inter cruzadas, geraram uma variabilidade muito grande na população. Considerando que é mais adaptado o indivíduo que deixa maior número de descendentes, ou seja, maior número de sementes, provavelmente as cultivares mais adaptadas foram beneficiadas no processo de polinização natural no campo, o que resultou no crescimento, no caso, da média de produtividade de grãos das famílias.

Com relação à altura de planta, a população CNA 5, devido a ter na sua constituição cultivares tradicionais, apresenta, em média, altura mais elevada do que o normalmente é observado para o arroz irrigado. A altura média, considerando os dois locais e as duas gerações, foi de 116,29 cm, cerca de 28,03 cm mais alta do que a média das cultivares testemunhas, sendo que, em Goianira, a média variou de 123,09 a 127,32 cm (Tabela 16). Segundo Jennings, Coffmann e Kaufmann (1981) e Castro et al. (1999), a seleção natural atua no sentido de favorecer as plantas mais altas, o que seria uma possível explicação para o crescimento da média das famílias com o aumento no número de inter cruzamentos.

Resposta à ação da seleção natural tem sido relatada na literatura. O resultado mais expressivo a esse respeito foi observado em cevada (Allard, 1988). Neste

trabalho, após 50 gerações sucessivas de endogamia de uma população segregante, foi constatado, para produtividade de grãos, ganho genético próximo de 1% por geração. Corte (1999) e Gonçalves (2000), em feijão, relataram ganhos genéticos para produtividade de grãos pela seleção natural de 2,4% e 5,2% por geração, respectivamente. Por outro lado, vários trabalhos envolvendo misturas de cultivares também evidenciaram a ação da seleção natural, pois em poucas gerações, uma ou duas cultivares predominaram (Cardoso e Vieira, 1976).

Ressalta-se, no entanto, que é questionável que, se a população envolvida não tivesse ampla variação, se a ação de seleção natural seria tão marcante, pois ao que se sabe, para se verificar uma ação mais pronunciada da seleção natural em uma população segregante, seria necessário que a mesma fosse conduzida por um maior número de gerações.

Como provavelmente a seleção natural atuou na população avaliada neste trabalho, uma das maneiras de atenuar este efeito, quando da avaliação de populações de base genética semelhante, seria estabilizar mais a população através de ciclos de seleção massal, antes da mesma ser direcionada ao programa de seleção recorrente.

A fonte de macho-esterilidade usada na formação da população CNA 5 foi a CNA 1, que conforme Rodriguez, Rangel e Morais (1998), é predominantemente de ciclo precoce. Como a cada inter cruzamento as plantas macho-estéreis contribuem com 50% dos alelos para os descendentes, isto deve ter tido influência para que a média de floração reduzisse com o incremento no número de inter cruzamentos.

Apesar de terem ocorrido alterações nas médias das características com os inter cruzamentos, não foram observadas mudanças nas estimativas de coeficientes de correlação genética (r_G) de magnitudes expressivas entre altura de planta, floração, peso de 100 grãos e produtividade de grãos, para os diferentes tipos de famílias, o que evidencia a possibilidade de obtenção de respostas independentes da seleção para todas as características (Tabela 36). Rangel et al. (2000) também evidenciaram correlações genéticas de baixas magnitudes entre altura de planta, floração e produtividade de grãos, na cultura do arroz irrigado.

Uma outra alternativa para verificar o efeito do inter cruzamento é a avaliação da variabilidade genética disponível para a seleção. Em realidade, essa é a principal razão da promoção do inter cruzamento. Na literatura, há alguns relatos a esse respeito (Hanson, 1959; Fujimaki, 1979; Lamkey, Schnicker e Melchinger, 1995), os quais preconizam o inter cruzamento como uma forma de quebrar blocos de ligação e liberar maior variabilidade.

Quanto às estimativas de variâncias genéticas, foi observado, de modo geral, que as maiores estimativas foram obtidas pelo grupo de famílias oriundo de 0 (zero) inter cruzamento, as quais ficaram situadas fora dos intervalos de confiança dos demais grupos ou tipos de famílias. Esses, por sua vez, obtiveram estimativas de magnitudes semelhantes, sendo que, em alguns casos, o aumento no número de inter cruzamentos apresentou até tendência de reduzir a variabilidade, como, por exemplo, o verificado para o caráter produtividade de grãos, para as famílias provenientes de 3 inter cruzamentos, em Goianira, na geração $S_{0.3}$ (Tabelas 18, 19, 22, 23, 26, 27, 30, 31). Ferreira et al. (2000), trabalhando em âmbito molecular com amostras da população CNA 5 com um e três inter cruzamentos, observaram uma diminuição de alelos com o incremento dos inter cruzamentos, caracterizando uma perda prematura da variabilidade genética da população, evidenciando que alguns genitores são favorecidos no processo de cruzamento ao acaso com as plantas macho-estéreis. Esses resultados estão de acordo com os encontrados por Marin-Garavito (1994) e Cabezas-Santacruz (1995), que também não observaram aumentos nas variâncias genéticas para várias características na população de arroz irrigado CNA-IRAT 2, com a realização de inter cruzamentos.

Um outro parâmetro que possibilita a comparação da variabilidade liberada entre as famílias provenientes dos diferentes números de inter cruzamentos é a estimativa do coeficiente de variação genética (CVg), ou seja, a medida do desvio genético em relação à média.

As estimativas de CVg, no presente trabalho, foram de maior magnitude, em comparação com as relatadas por Morais et al. (1997), Rodriguez, Rangel e Morais (1998) e Rangel et al. (2000). O CVg, neste caso, mede a variabilidade entre famílias

dentro de cada grupo proveniente de número de inter cruzamentos diferentes. Foram obtidos CVg's mais altos na geração S_{02} , e isso é bem evidenciado quando são observadas as maiores amplitudes de variação apresentadas nas Tabelas 17, 21, 25 e 29. Os CVg's variaram de 6,63% a 16,29% (altura de planta), 3,50% a 15,47% (floração), 4,79% a 10,39% (peso de 100 grãos) e 12,00% a 41,00% (produtividade de grãos). As maiores estimativas de CVg foram obtidas pelo grupo de famílias oriundo de 0 (zero) inter cruzamento, mostrando-se, para os demais grupos de famílias, pouco variáveis com o aumento do número de inter cruzamentos, o que corrobora as estimativas de σ_G^2 e h_m^2 .

A principal função da herdabilidade, segundo Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), é seu papel preditivo, que expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico, de tal forma que quanto maior a herdabilidade, maior o ganho genético por seleção. Para as características altura de planta, floração, peso de 100 grãos e produtividade de grãos, as estimativas de herdabilidade variaram de 88 a 94%, 80 a 98%, 90 a 97% e 74,30 a 97,00%, respectivamente, o que evidencia uma situação altamente favorável à seleção. Valores semelhantes a esses foram relatados por Rodriguez, Rangel e Morais (1998) e Santos (2000). Novamente, as maiores estimativas foram as das famílias provenientes de 0 (zero) inter cruzamento, sendo que o aumento no número de inter cruzamentos não proporcionou incrementos em termos de liberação de maior variabilidade genética.

As estimativas de herdabilidade realizadas, que é o que realmente reflete o resultado da seleção, obtidas para o caráter produtividade de grãos, foram inferiores às estimativas de herdabilidade no sentido amplo, citadas anteriormente. Santos (1996), avaliando famílias S_{02} e S_{03} da população CNA-IRAT 4 de arroz irrigado no sul de Minas Gerais, também obteve estimativas de herdabilidade realizada inferiores às estimativas de herdabilidade no sentido amplo. /Essa diferença está associada, principalmente, aos efeitos das interações famílias x local e famílias x gerações que inflacionam as estimativas de variância genética, o que não ocorre com a herdabilidade realizada. Na maioria dos casos, no entanto, as estimativas de herdabilidades

realizadas encontradas permitem prever que a seleção efetuada em um ambiente, propiciaria ganhos para produtividade de grãos no outro ambiente, para todos os tipos de famílias (Tabela 32).

Depreende-se, assim, que o aumento no número de inter cruzamentos não proporcionou incrementos na variabilidade genética da população de arroz irrigado CNA 5, o que corrobora os resultados encontrados na literatura, que relatam não haver vantagens na realização de inter cruzamentos ou mais que um inter cruzamento entre plantas F_2 na população base, antes dos processos de autofecundação e avaliação, em programas de seleção recorrente (Meredith e Bridge, 1971; Bos, 1977; Altman e Busch, 1984; Guimarães e Fehr, 1989; Marin-Garavito, 1994; Cabezas-Santacruz, 1995; Uphoff, Fehr e Cianzio, 1997; Ospina et al., 1997).

Finalmente, o mais importante na verificação da eficiência de inter cruzamentos é a comparação de ganhos genéticos com a seleção. Nesse sentido, foram estimados, para cada tipo de família, os ganhos genéticos realizados com base na seleção das cinco e dez famílias mais produtivas em $S_{0.2}$ e resposta à seleção em $S_{0.3}$. Os resultados mostraram que embora as estimativas de R^2 não tenham sido de grandes magnitudes, as estimativas dos coeficientes de regressão linear (b) obtidas foram sempre negativas, evidenciando tendência de redução no incremento do ganho genético, como também na média das melhores famílias, com o aumento do número de inter cruzamentos (Tabelas 33, 34 e 35). Chama a atenção o fato de que, para qualquer número de inter cruzamento realizado, foi possível selecionar famílias com produtividade de grãos superiores, mesmo no caso das famílias oriundas de 0 (zero) inter cruzamento, que apresentaram uma das menores médias (Tabela 28). Esses resultados estão de acordo com os encontrados por Piper e Fehr (1987), Guimarães e Fehr (1989) e Uphoff, Fehr e Cianzio (1997), que relataram que o aumento no número de inter cruzamentos não elevou o ganho genético para produtividade de grãos em soja e, por conseguinte, não deve ser aconselhado como metodologia eficiente em programas de seleção recorrente.

Um outro aspecto que merece ser destacado é com relação ao tempo gasto na realização dos inter cruzamentos. Se for considerado que para 0, 1, 2, 3 e 4

intercruzamentos são gastos, aproximadamente, 1, 1,5, 2,0, 2,5 e 3,0 anos, respectivamente, fica bastante evidente que os resultados obtidos pelas famílias oriundas de 0 (zero) intercruzamento tornam-se muito mais expressivos e ressaltam, mais uma vez, que o intercruzamento da população base, no presente trabalho, não mostrou ser vantajoso.

Por outro lado, tudo indica que a metodologia de cruzamentos manuais em cadeia, utilizada antes da realização dos intercruzamentos ao acaso no campo, parece ser eficiente e suficiente para formar a população base e permitir a seleção de famílias superiores, sem a necessidade adicional de intercruzamentos, tornando o programa de seleção recorrente do arroz mais rápido e com menor dispêndio de recursos.

6 CONCLUSÃO

O número de intercruzamentos aumentou as médias de altura de planta e produtividade de grãos e reduziu o número de dias para a floração média.

As estimativas de variâncias genéticas, coeficientes de variação genética e herdabilidades não evidenciaram liberação de maior variabilidade para as características avaliadas na população CNA 5, com o aumento no número de intercruzamentos.

O ganho genético realizado com a seleção das melhores famílias reduziu com o aumento no número de intercruzamentos.

Intercruzamentos da população base não mostraram ser vantajosos na condução do programa de seleção recorrente de arroz irrigado.

A população CNA 5 apresenta potencial genético para ser utilizada em programa de seleção recorrente com arroz irrigado; no entanto, devem ser envidadas ações que permitam a redução da média de altura de planta, que se mostrou mais elevada do que normalmente é observado para a cultura.

A inclusão direta de material exótico e cultivares tradicionais na formação da população CNA 5, proporcionou a obtenção de ampla variabilidade, contudo contribuiu para reduzir o potencial de produção de grãos, haja vista que, em média, a CNA 5 apresentou produtividade bem abaixo da alcançada pelas cultivares testemunhas.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABBUD, N.S. O emprego do método SSD em três populações segregantes de arroz (*Oryza sativa* L.). Piracicaba: ESALQ, 1981. 54p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ABREU, A. de F.B. Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais. Lavras: UFLA, 1997. 79p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ALLARD, R.W. Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plants and their wild progenitors. *Journal of Heredity*, Baltimore, v.79, n.4, p.225-238, July/Aug. 1988.
- ALLARD, R.W. Princípio do melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.
- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implication of genotype – environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science*, Madison, v.4, n.5, p.503-507, Sept./Oct. 1964.
- ALMEIDA, J.A.; PEREIRA, J.A.; GOMES, R.L.F. Análise genética de famílias S₀₂ de arroz irrigado. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v.21, n.3, p.209, dez. 1998.
- ALMEIDA, L.A. de; KIIHL, R.A. de S.; ABDELNOOR, R.V. Melhoramento da soja. In: ABREU, A. de F.B.; GONÇALVES, F.M.A.; MARQUES JR., O.G.; RIBEIRO, R.H.E. (ed.). SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. Anais... Lavras: UFLA/GEN, 1997. p.11-55.
- ALTMAN, D.W.; BUSCH, R.W. Random intermating before selection in spring wheat. *Crop Science*, Madison, v.24, n.6, p.1085-1089, Nov./Dec. 1984.
- ATROCH, A.L. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz de sequeiro avaliadas em Minas Gerais no período de 1993/94 a 1995/96. Lavras: UFLA, 1999. 67p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- BADAN, A.C.C. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de arroz de sequeiro e implicações para o melhoramento. Piracicaba: ESALQ, 1999. 51p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- BAEZINGER, P.S.; PETERSON, C.J. Genetic variation: Its origin and use for breeding self-pollinated species. In: STALKER, H.T.; MURPHY, J.P. Plant breeding in the 1990's: proceedings of the symposium on plant breeding in the 1990's. Raleigh: C.A.B. International, 1991. Cap.4, p.69-92.
- BAJAJ, R.K.; BAINS, K.S.; CHAHAL, G.S.; KHBHRA, A.S. Effect of intermating and selection in barley. *Crop Improv.*, Ludhiana, v.17, n.1, p.54-58, 1990.
- BARBIN, D. Componentes de variância. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – Departamento de Matemática, 1993. 108p.
- BORÉM, A. Melhoramento de plantas. Viçosa: UFV, 1997. 547p.
- BOS, I. More arguments against intermating F_2 plants of a self-fertilizing crop. *Euphytica*, Wageningen, v.26, n.1, p.33-46, Feb. 1977.
- BRESEGHELLO, F. Ganhos para produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. Goiânia: UFG, 1995. 93p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.34, n.3, p.399-407, mar. 1999.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P. de; RANGEL, P.H.N. A new method to estimate genetic gain in annual crops. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v.21, n.4, p.551-555, Dec. 1998.
- BRIM, A.C.; BURTON, I.W. Recurrent selection in soybeans. II. Selection for increased percent protein in seeds. *Crop Science*, Madison, v.19, n.4, p.494-498, Jul./Aug. 1979.
- BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. Melhoramento genético de plantas. Lavras: UFLA/FAEPE, 1999. 432p.
- CABEZAS-SANTACRUZ, J.D. Análisis de la variabilidad genética entre líneas de arroz (*Oryza sativa* L.) derivadas de la población CNA-IRAT 2, em diferentes ciclos de recombinación. Palmira: Universidad Nacional de Colombia, 1995. 63p. (Monografía Graduação) – Facultad de Ciências Agropecuárias de Palmira.
- CARDOSO, A.A.; VIEIRA, C. Comportamento de duas misturas de seis variedades de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Ceres*, Viçosa, v.23, n.126, p.142-149, mar./abr. 1976.

- CARMONA, P.S.; TERRES, A.L.; SCHIOCCHET, M. Avaliação crítica dos projetos do PNP-Arroz na área de melhoramento genético, no período de 1980 a 1990, Estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 4., 1990, Goiânia. A pesquisa de arroz nos anos 80: avaliação crítica dos principais resultados. Goiânia, EMBRAPA-CNPAP, 1994. p.269-285. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 40).
- CASTRO, E.M. de; BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Melhoramento do arroz. In: BORÉM, A. (ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 1999. p.95-130.
- CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Genealogia del Arroz. Arroz en las Américas. Cali, v.15, n.1, p.13, ago. 1994.
- CHANDRARATNA, M.F. Genetics and breeding of rice. London: Butler; Tanner, 1964. 379p.
- CHATEL, M.; GUIMARÃES, E.P. Selección recurrent com androsterilidad em arroz. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1995. 70p. (Publicación CIAT n° 246).
- COOPER, R.L. Mejoramento por rendimento en soya: prueba de generacion temprana y adaptacion especifica a ambientes de alto rendimento versus ambientes de bajo rendimento. In: Temas actuales em mejoramiento genético del frijol comum. Memórias del Taller Internacional de mejoramiento genético de frijol. Centro Cali: Internacional de Agricultura Tropical, 1988. p.301-323.
- CORTE, H.R. Comportamento de populações segregantes de feijão, avançadas pelo método do "bulk", por dezessete gerações. Lavras: UFLA, 1999. 95p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- CUEVAS PÉREZ, F.E.; GUIMARÃES, E.P.; BERRÍO, L.E.; GONZÁLEZ, D.I. Genetic base of irrigated rice in Latin America and Caribbean, 1971 to 1979. Crop. Science, Madison, v.32, n.4, p.1054-1059, Jul/Aug. 1992.
- CUTRIM, V. dos A.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, A.M. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.32, n.6, p.601-606, Jun. 1997.

- CUTRIM, V.A. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos (*Oryza sativa* L.) irrigado. Lavras: ESAL, 1994. 92p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).
- DE KOEYER, D.L.; PHILLIPS, R.L.; STUTHMAN, D.D. Changes in genetic diversity during seven cycles of recurrent selection for grain yield in oat, *Avena sativa*, L. *Plant Breeding*, v.118, n.1, p.37-43, Mar. 1999.
- DE KOEYER, D.L.; STUTHMAN, D.D.; FULCHER, R.G.; POMERANKE, G.J. Effects of recurrent selection for grain yield on oat kernel morphology. *Crop Science*, Madison, v.33, n.5, p.924-928, 1993.
- DILDAY, R.H. Contribution of ancestral lines in the development of new cultivars of rice. *Crop Science*, Madison, v.30, n.4, p.905-911, Jul./Aug. 1990.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Manual de métodos de pesquisa em arroz: 1ª aproximação. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP, 1977. 106p.
- FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FEHR, W.R. Principles of cultivar development: Theory and technique. New York: MacMillan, 1987. 525p.
- FERREIRA, M.E.; PENTEADO, M.I. de O.; BRONDANI, C.; BELÓ, A.; FERREIRA, M.A.; RANGEL, P.H.N. Caracterización y uso de Marcadores RAPD y Microsatélites (SSR) em el Monitoreo del Programa de Mejoramiento Poblacional em Arroz. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). Avances em el mejoramiento poblacional em arroz. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA-Arroz e Feijão, 2000. p.38-62.
- FERREIRA, W.D. Implicação do número de famílias no processo seletivo na cultura do feijoeiro. Lavras: UFLA, 1998. 66p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- FORNASIERI FILHO, D.; FORNASIERI, J.L. Manual da cultura do arroz. Jaboticabal: FUNEP, 1993. 221p.
- FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* bean. Dordrecht: Klumer Academic Publishers, 1988. 611p.
- FUJIMAKI, H. Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. *JARQ*, Tsukuba, v.13, n.3, p.153-156, Oct. 1979.

- GERALDI, I.O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). Selección Recurrente em Arroz. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.3-11. (Publicación CIAT 267).
- GERALDI, I.O.; SOUZA JR., C.L. Amostragem genética para programas de seleção recorrente. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). Avances en el mejoramiento poblacional em arroz. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2000. 311p.
- GOMES, F.P. Curso de estatística experimental. 11.ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 466p.
- GONÇALVES, F.M.A. Seleção natural em populações segregantes do feijoeiro. Lavras: UFLA, 2000. 98p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- o GUIMARÃES, E.P. Hibridação em Arroz. In: BORÉM, A. (ed.). Hibridação artificial de plantas. Viçosa: UFV, 1999. p.101-119.
- GUIMARÃES, E.P.; CORREA-VICTORIA, F.; TULANDE, E. GC-91, abroad-based rice synthetic population for blast (*Pyricularia grisea* Sacc.) resistance. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, v.18, n.4, p.553-561, dez. 1995.
- GUIMARÃES, E.P.; FEHR, W.R. Alternative strategies of recurrent selection for seed yield of soybean. Euphytica, Wageningen, v.40, n.1/2, p.111-119, Jan. 1989.
- HALLAUER, A.R. Recurrent selection in maize. Advanced in Agronomy. p.115-179, 1992.
- HAMBLIN, J. Effect of environment, seed size and competitive ability on yield and survival of *Phaseolus vulgaris* L. genotypes in mixtures. Euphytica, Wageningen, v.24, n.3, p.435-445, June 1975.
- HAMBLIN, J. Plant breeding interpretations of the effects of bulk breeding on four populations of beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica, Wageningen, v.26, n.1, p.157-168, Feb. 1977.
- HANSON, W.D. The breakup of initial linkage blocks under selected mating systems. Genetics, Baltimore, v.44, n.5, p.857-868, 1959.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics, New York, v.28, p.476-490, 1943.

- HULL, F.H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. *Journal of the American Society of Agronomy*, Madison, v.37, n.2, p.134-145, Feb. 1945.
- HUMPHREY, A.B.; MATZINGER, D.F.; COCKERHAM, C.C. Effects of random intercrossing in a naturally self-fertilizing species, *Nicotiana tabacum* L. *Crop Science*, Madison, v.9, n.4, p.495-497, Jul./Aug. 1969.
- INSTITUTO RIO GRANDENSE DO ARROZ (IRGA). Área plantada por cultivar no RS: período entre 1987/88 a 1998/99. Porto Alegre: DATER/NATES, Divisão de Política Setorial, 1999.
- INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE. Standard evaluation system for rice. Manila: INGER/Genetic Resources Center, 1996. 52p.
- ISHIY, T. O impacto das cultivares de arroz em Santa Catarina. *Lavoura Arrozeira*, Porto Alegre, v.38, n.359, p.10-12, jul./ago. 1985.
- JENNINGS, P.R.; COFFMAN, W.R.; KAUFFMAN, H.E. Mejoramiento del arroz. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1981. 233p.
- JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. *Heredity*, Edinburgh, v.36, n.2, p.243-266, 1976.
- KENWORTH, W.I.; BRIM, A.C. Recurrent selection in soybeans. I. Seed Yield. *Crop Science*, Madison, v.19, n.4, p.101-106, Jul./Aug. 1979.
- KHUSH, G.S. Aumento do potencial genético de rendimento do arroz: perspectivas e métodos. In: PINEIRO, B.S.; GUIMARÃES, E.P. (ed.). CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE ARROZ PARA A AMÉRICA LATINA E O CARIBE, 9., 1994, Goiânia. Arroz na América Latina: perspectivas para o incremento da produção e potencial produtivo. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF-APA, 1995. v.1. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 60).
- KHUSH, G.S. Rice. In: KING, R.C. (ed.). *Handbook of genetics (plants, plant viruses and protists)*. New York, USA: Plenum Press, 1975. p.31-58.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. *Crop Science*, Madison, v.25, n.1, p.192-194, Jan./Feb. 1985.

- KUSH, G.S. Aumento do potencial genético de rendimento de arroz: perspectivas e métodos. In: PINHEIRO, B.S.; GUIMARÃES, E.P. (ed.). CONFERÊNCIA INTERNACIONAL DE ARROZ PARA AMÉRICA LATINA E O CARIBE, 9., REUNIÃO... 1994, Goiânia. Arroz na América Latina: perspectivas para o incremento da produção e do potencial produtivo. Goiânia: EMBRAPA-CNPAP-APA, v.1, 1995. (EMBRAPA-CNPAP. Documentos, 60).
- LAMKEY, K.R.; SCHNICKER, B.J.; MELCHINGER, A.E. Epistasis in the elite maize hybrid and choice of generation for inbred line development. *Crop Science*, Madison, v.35, n.5, p.1272-1281, Sept./Oct. 1995.
- LEGG, P.D.; MATZINGER, D.F.; MANN, T.J. Genetic variation and covariation in a *Nicotiana tabacum* L. synthetic two generations after synthesis. *Crop Science*, Madison, v.5, n.1, p.30-33, Sept./Oct. 1965.
- LIMA NETO, F.P. Efeito de uma geração adicional de recombinação sobre a resposta à seleção recorrente em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ, 1998. 150p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- LINSCOMBE, S. Base genética del arroz en Estados Unidos. *Arroz en las Américas*. Cali, v.13, n.2, p.4-6, abr. 1992.
- LOPES, A.M. Análise genética dos componentes de produção num dialelo entre seis cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) em dois regimes hídricos. Viçosa: UFV, 1984. 135p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- LÚCIO, A.D.; STORCK, L.; MARCHEZAN, E. Verifique a qualidade de seu experimento. *Lavoura Arrozeira*, Porto Alegre, v.50, n.433, p.23-25, set./dez. 1997.
- MACHADO, C. de F. Procedimentos para a escolha de genitores de feijão. Lavras: UFLA, 1999. 118p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MARASSI, J.E.; MARASSI, M.A.; CHATEL, M.; BORRERO, J. Desarrollo de poblaciones de arroz en Argentina. In: EMBRAPA-CNPAP - Selección Recurrente en Arroz. Goiânia, 1999. Cap.10. (datilografado).
- MARIN-GARAVITO, J.M. Efecto do número de ciclos de recombinação en la variabilidad de poblaciones de arroz (*Oryza sativa* L.). Palmira: Universidad Nacional de Colombia, 1994. 50p. (Monografía Graduação - Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira).

- ◊ MARTINEZ, C.P.; LENTINI, Z.; CHATEL, M.; GONZÁLEZ, D.; MOJICA, D. Uso de selección recurrente em combinación com cultivo de anteras en el programa de arroz de riego del CIAT. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). *Selección Recurrente En Arroz*. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.139-149. (Publicación CIAT, 267).
- MEHTRE, S.S.; MAHAJAN, C.R.; PATIL, P.A.; DHUMAL, P.M. Variability, heritability, correlation, path analysis and genetic divergence studies in M₂ generation of gamma-irradiated upland rice. *International Rice Research Notes*, v.21, n.2-3, p.56-68, 1996. CD-ROM. (CAB Abstracts).
- MEREDITH JR., W.R.; BRIDGE, R.R. Breakup of linkage blocks in cotton, *Gossypium hirsutum* L. *Crop Science*, Madison, v.11, n.5, p.695-698, Sept./Oct. 1971.
- MILLER, P.A.; FEHR, W.R. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. *Crop Science*, Madison, v.19, p.101-106, 1979.
- MILLER, P.A.; RAWLINGS, J.O. Breakup of linkage blocks in cotton, *Gossypium hirsutum* L. *Crop Science*, Madison, v.7, n.3 p.199-204, May/June 1967.
- MORAIS, O.P. Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade. Viçosa: UFV, 1992. 251p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MORAIS, O.P. Tamaño efectivo de la población. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). *Selección Recurrente em Arroz*. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.25-44. (Publicación CIAT, 267).
- ◊ MORAIS, O.P.; CASTRO, E.M.; SANT'ANA, E.P. Selección recurrente em arroz de secano em Brasil. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). *Selección recurrente em arroz*. Cali: CIAT, 1997. p.99-115.
- MORAIS, O.P.; RANGEL, P.H.N. Melhoramento de arroz no Brasil. In: ABREU, A.F.B.; GONÇALVES, F.M.A.; MARQUES JR., O.G.; RIBEIRO, P.H.E. (ed.). *SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997*, Lavras. Anais... Lavras: UFLA/GEN, 1997. p.148-166.
- MORAIS, O.P.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; NEVES, P.C.F. Estimación de parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.32, n.4, p.421-433, abr. 1997.

- MORAIS, O.P.; ZIMMERMANN, F.J.P.; RANGEL, P.H.N. Avaliação de ganhos observados em seleção recorrente. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). *Avances em el mejoramiento poblacional en arroz*. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2000. 311p.
- NORDQUIST, P.T.; WEBSTER, O.J.; GARDNER, C.O.; ROSS, W.M. Registration of three sorghum germplasm random mating populations. *Crop Science, Madison*, v.13, n.1, p.132, Jan./Feb. 1973.
- OSPINA, Y.; BORRERO, J.; GUIMARÃES, E.P.; CHATEL, M. Ciclos de inter cruzamiento y variabilidad genética em poblaciones de arroz. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). *Selección recurrente en arroz*. Cali: CIAT, 1997. p.45-53.
- PEDERSON, D.G. Arguments against intermating before selection in self-fertilizing species. *Theoretical and Applied Genetics*, v.45, n.4, p.157-162, 1974.
- PEDROSO, B.A. *Arroz irrigado: obtenção e manejo de cultivares*. Porto Alegre: Sagra, 1985. 175p.
- PENG, S.; LAZA, R.C.; VISPERAS, R.M.; SANICO, A.L.; CASSMAN, K.G.; KUSH, G.S. Grain yield of rice cultivars and lines developed in the Philippines since 1966. *Crop Science, Madison*, v.40, n.2, p.307-314, Mar./Apr. 2000.
- PEREIRA, M.B. *Progresso imediato e fixação de genes em um método de seleção*. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980. 125p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PHILLIPS, R.L. Unconventional sources of genetic diversity: de novo variation and elevated epistasis. In: *BIOWORK II – PLANT BREEDING IN THE TURN OF THE MILLENNIUM*. Viçosa: UFV, 1999. p.103-131.
- PINTO, R. de M.C.; LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Estimativa do número apropriado de progênes S_1 para a seleção recorrente em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília*, v.35, n.1, p.63-73, jan. 2000.
- PIPER, T.E.; FEHR, W.R. Yield improvement in a soybean population by utilizing alternative strategies of recurrent selection. *Crop Science, Madison*, v.27, n.2, p.172-178, Mar./Apr. 1987.
- RAMALHO, M.A.P. Melhoramento do feijoeiro. In: ABREU, A. de F.B.; GONÇALVES, F.M.A.; MARQUES JR., O.G.; RIBEIRO, P.H.E. (ed.). *SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. Anais...* Lavras: UFLA/GEN, 1997. p.167-196.

- RAMALHO, M.A.P. Seleção recorrente. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 5., 1996, Goiânia. Anais... Goiânia: EMBRAPA-CNPAF/APA, 1996. v.2. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 69).
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; SANTOS, J.B. dos. Melhoramento de plantas autógamas. In: NASS, L.L.; MELO, I.S. de (ed.). Melhoramento de plantas e microorganismos. Piracicaba: ESALQ/USP, 2000. (No prelo).
- RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2000. 326p.
- RAMALHO, M.A.P.; GONÇALVES, F.M.A.; SOUZA SOBRINHO, F. de S. Seleção recorrente no melhoramento do cafeeiro. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3: Genética e melhoramento do cafeeiro, 1999, Lavras. Anais... Lavras: UFLA/GEN, 1999. p.66-81.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RANALLI, P. Phenotypic recurrent selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on performance of S_2 progenies. *Euphytica*, Wageningen, v.87, n.1-2, p.127-132, Jan. 1996.
- RANGEL, P.H.N. Correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente e coeficientes de trilha, em variedades de arroz (*Oryza sativa* L.). Viçosa: UFV, 1979. 44p. (Tese - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RANGEL, P.H.N. Eficiência da seleção simultânea de arroz (*Oryza sativa* L.) em várzea, com e sem irrigação controlada. Piracicaba: ESALQ/USP, 1990. 128p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RANGEL, P.H.N. Mapeamento genético e introgressão de genes da espécie selvagem (*Oryza glumaepatula*) na espécie cultivada (*Oryza sativa* L.), Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, 1996. 16p. (Projeto de Pesquisa datilografado).
- RANGEL, P.H.N.; FERREIRA, M.E.; FAGUNDES, P.R.R.; TERRES, A.L.; MAGALHÃES JR., A.M. de; FRANCO, D.F. Ampliação da base genética das populações utilizadas no melhoramento do arroz de várzea no Brasil. In: 1º CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 1., REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 23., 1999, Pelotas. Anais... Pelotas: EMBRAPAClima Temperado, 1999. 15p.

- RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; NEVES, P.C.F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.31, n.5, p.349-357, maio 1996.
- RANGEL, P.H.N.; GUIMARÃES, E.P.; RABELO, R.R. Melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. In: QUEIROZ, M.A. de; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R. (ed.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro. (on line), versão 1.0. Petrolina-PE: EMBRAPA-Semi-árido. Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, nov. 1999. Disponível via Word Wide Web <http://www.cpatia.embrapa.br> ISBN 85-7405-001-5.
- RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. de; CASTRO, E. da M. Seleção recorrente em arroz. In: CURSO INTERNACIONAL DE MELHORAMENTO DE ARROZ, 1., 1998, Goiânia. Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão, 1998. p.117-134. (Apostila).
- RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F. Seleção recorrente em arroz irrigado no Brasil: guia prático. Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1995. 24p. (EMBRAPA-CNPAF. Documentos, 53).
- 8 RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F. Selección recurrent aplicada al arroz de riego em Brasil. In: GUIMARÃES, E.P. (ed.). Selección recurrent em arroz. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p.79-97. (Publicación CIAT nº 267).
- RANGEL, P.H.N.; PEREIRA, J.A.; MORAIS, O.P. de; GUIMARÃES, E.P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.35, n.8, p.1595-1604, ago. 2000.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P. Ganhos de produtividade de grãos no melhoramento populacional de arroz de várzea. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE ARROZ, 6., Goiânia, 1998. Perspectivas para a cultura do arroz nos ecossistemas de várzeas e terras altas. Resumos expandidos... Goiânia: EMBRAPA-CNPAF, 1998. p.174-175.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; FAGUNDES, P.R.R. Melhoramento populacional em arroz de várzea. In: SELECCIÓN RECURRENTE EN ARROZ. Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão/CIAT, 1999. Cap.8. (datilografado).
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. El CNPAF investiga: decrece em Brasil el rendimento del arroz de riego? *Arroz em las Américas*, Cali, v.13, n.1, p.2-4, abr. 1992.

- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. Estimativas de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4 PR e CNA-IRAT 4 ME. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.33, n.6, p.905-912, jun. 1998.
- RAPOSO, F.V. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. Lavras: UFLA, 1999. 72p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RASMUSSESON, D.C.; PHILLIPS, R.L. Plant breeding programs and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. *Crop Science*, Madison, v.37, n.2, p.303-310, Mar./Apr. 1997.
- RODRIGUEZ, R.E.S. Estimação de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA 1. Goiânia: UFV, 1995. 69p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RODRIGUEZ, R.E.S.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Estimativas de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA 1. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.33, n.5, p.685-691, maio 1998.
- ROSAL, C.J. de S. Seleção precoce para a produtividade no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). Lavras: UFLA, 1999. 50p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SAKIYAMA, N.S.; PEREIRA, A.A.; ZAMBOLIN, L. Melhoramento do café arábica. In: BOREM, A. (ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: UFV, 1999. p.189-204.
- SANTOS, P.G. Escolha de populações segregantes para o programa de seleção de arroz em terras altas. Lavras: UFLA, 2000. 106p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SANTOS, P.G. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de arroz irrigado por inundação. Lavras: UFLA, 1996. 72p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SANTOS, P.G.; SOARES, P.C.; SOARES, A.A.; MORAIS, O.P.; CORNÉLIO, V.M.O. Avaliação do progresso genético obtido em 22 anos no melhoramento do arroz irrigado em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.34, n.10, p.1889-1896, out. 1999.
- SAS INSTITUTE INC. *SAS User's Guide: Statistics Version 5*. Cary: NC, 1985. 956p.

- SILVA, A.T. Estudo da divergência genética em acessos de arroz através de marcadores morfológicos e moleculares (RAPD). Lavras: UFLA, 1999. 185p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).
- SILVA, H.D.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; MARTINS, L.A. Efeito da seleção visual para produtividade de grãos em populações segregantes do feijoeiro. II. Seleção entre famílias. *Ciência e Prática*, Lavras, v.18, n.2, p.181-185, abr./jun. 1994.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. *Annual Eugenics*, v.7, p.240-250, 1936.
- SINGH, R.J.; IKEHASHI, H. Monogenic male-sterility in rice: induction, identification and inheritance. *Crop Science*, Madison, v.21, n.2, p.286-289, Mar./Apr. 1981.
- SINGH, S.P.; TERÁN, H.; MUÑOZ, C.G.; TAKEGAMI, J.C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. *Crop Science*, Madison, v.39, n.2, p.391-397, Mar./Apr. 1999.
- SOARES, A.A. Cultura do arroz. Lavras: UFLA, 2000. 188p. (Notas de aula - datilografado).
- SOARES, A.A. Desempenho do melhoramento genético do arroz de sequeiro e irrigado na década de oitenta em Minas Gerais. Lavras: ESAL, 1992. 188p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).
- SOARES, P.C. Correlações, coeficientes de trilha e resposta indireta à seleção em genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.) cultivados em condições de irrigação por inundação contínua e em várzea úmida. Viçosa: UFV, 1987. 72p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SOARES, P.C. Interação genótipo x ambiente e resposta indireta à seleção de linhagens de arroz (*Oryza sativa* L.) cultivadas sob irrigação por inundação contínua e em várzea úmida. Viçosa: UFV, 1993. 111p. (Tese – Doutorado em Fitotecnia).
- ① SOLANO, E.C. Selección recurrente en arroz de riego en Colômbia. In: *Selección Recurrente en Arroz*. Goiânia: EMBRAPA Arroz e Feijão/CIAT, 1999. Cap.7. (datilografado).
- SOLIMAN, K.M.; ALLARD, R.W. Grain yield of composite cross populations of barley: effects of natural selection. *Crop Science*, Madison, v.31, n.3, p.705-708, May/June 1991.

- SOUZA JÚNIOR, C.L.** Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134p.
- TAILLEBOIS, J.; CASTRO, E.M.** A new crossing technique. *International Rice Research Newsletter*, Manila, v.11, p.6. 1986.
- UPHOFF, M.D.; FEHR, W.R.; CIANZIO, S.R.** Genetic gain for soybean seed yield by three recurrent selection methods. *Crop Science*, Madison, v.37, n.4, p.1155-1158, Jul/Aug. 1997.
- VARGAS, M.A.** Eficiência da seleção visual e determinação do tamanho de parcela e do número de repetições, para avaliação da produtividade de grãos em famílias S₁ e S₂ de milho (*Zea mays*). Lavras: ESAL, 1996. 92p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- VEIGA, R.D.; NUNES, G.H.S.; SANTOS, J.B. dos.** Associação de parâmetros do dialelo com a variabilidade de populações segregantes avaliada por simulação. In: ENCONTRO MINEIRO DE GENETICISTAS, 5., 1998, Viçosa. Anais... Viçosa: Sociedade Brasileira de Genética - Regional Minas Gerais, 1998. p.65.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P.** Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M.** Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., 1986, Belo Horizonte. Anais... Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, 1986. p.300-307.
- VERGARA, B.S.; VENKATESWARLU, B.; JANORIA, M.; AHN, J.K.; KIM, J.K.; VISPERAS, R.M.** Rationale for a low-tillering rice plant type with high density grains. Seoul: International Rice Research Conference, 1990. 17p.
- VIEIRA, N.** Tamanho e forma de parcela experimental para avaliação de genótipos de arroz de sequeiro. Goiânia: UFG, 1996. 80p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- WANG, X.W.; LAI, J.R.; FAN, L.; ZHANG, R.B.** Effects of recurrent selection on populations of various generations in wheat by using the Tai Gu single dominant male-sterile gene. *Journal of Agricultural Science*, Cambridge, v.126, part 4, p.397-402, June 1996.
- WERNER, B.K.; WILCOX, J.R.** Recurrent selection for yield in *Glycine max* using genetic male-sterility. *Euphytica*, Wageningen, v.50, n.1, p.19-26, Oct. 1990.

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

ANEXOS

ANEXO A		Página
TABELA 1A	Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica altura de planta (cm)	144
TABELA 2A	Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica floração (dias)	145
TABELA 3A	Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica peso de 100 grãos (gramas)	146
TABELA 4A	Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica produtividade de grãos (gramas/parcela)	147
TABELA 5A	Resumo das análises de variância conjuntas para as características, altura de planta (ALT), floração (FLOR), peso de 100 grãos (P100) e produtividade de grãos (PRODT), referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goianira-GO, geração S _{0,2} , ano agrícola 1998/99	148
TABELA 6A	Resumo das análises de variância conjuntas para as características altura de planta (ALT), floração (FLOR), peso de 100 grãos (P100) e produtividade de grãos (PRODT), referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goianira-GO, geração S _{0,3} , ano agrícola 1999/2000	149

TABELA 1A – Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica altura de planta (cm).

Fonte de variação	GL	Quadrado médio			
		Lambari-MG		Goianira-GO	
		S ₀₂	S ₀₃	S ₀₂	S ₀₃
Repetição/ciclo	12	280,40**	159,98**	292,82**	493,15**
Bloco/rep/ciclo	111 ^{II}	54,39**	35,93*	146,25**	137,75**
Tratamentos	302	614,29**	498,80**	653,39**	396,49**
- Entre famílias/Ciclo	298	599,97**	478,77**	628,65**	375,37**
- Entre famílias/C ₀	58	837,99**	743,28**	1157,50**	530,59**
- Entre famílias/C ₁	59	514,81**	383,31**	546,33**	409,14**
- Entre famílias/C ₂	59	407,70**	363,70**	458,32**	243,71**
- Entre famílias/C ₃	59	504,27**	422,97**	611,40**	262,38**
- Entre famílias/C ₄	59	513,32**	400,74**	413,47**	253,20**
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	3930,52**	1736,92**	108,93ns	3031,98**
Entre testemunhas	3	146,93**	74,76**	180,84**	169,00*
Testemunhas vs famílias	1	6283,16**	7740,18**	9442,50**	7372,47**
Erro médio	531	38,91	28,37	58,95	46,28
Total	956	-	-	-	-
Cve (%)	-	6,06	4,89	6,11	5,59
Médias das famílias	-	104,34	110,43	127,32	123,09
Médias das testemunhas	-	81,28	84,88	99,00	98,15

^{II} graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.

n.s. – não significativo

*- significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F

** - significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F

TABELA 2A - Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica floração (dias).

Quadrado médio			
Fonte de variação	GL	S _{ca}	
		Lambari-MG	Goimbra-GO

Repetição/ciclo	12	17,90**	0,86ns	27,50ns	58,43**
Bloco/rep/ciclo	111 ¹	6,43ns	0,49ns	16,53ns	21,39**
Tratamentos	302	154,54**	74,28**	289,95**	190,19**
- Entre famílias/Ciclo	298	150,18**	69,87**	287,02**	182,16**
- Entre famílias/C ₀	58	147,65**	114,20**	665,35**	249,04**
- Entre famílias/C ₁	59	152,03**	20,15**	238,23**	176,72**
- Entre famílias/C ₂	59	124,30**	72,59**	153,69**	185,83**
- Entre famílias/C ₃	59	103,03**	59,20**	102,83**	93,49**
- Entre famílias/C ₄	59	164,64**	70,33**	219,63**	167,33**
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	1023,44**	270,40**	1209,98**	770,78**
Entre testemunhas	3	397,23**	104,38**	583,88**	713,36**
Testemunhas vs famílias	1	126,63**	75,24**	280,05**	1012,85**
Erro médio	531	5,18	1,69	16,93	8,39
Total	956	-	-	-	-
Cv _e (%)	-	2,27	1,28	4,48	3,04
Médias das famílias	-	99,69	100,71	91,41	94,64
Médias das testemunhas	-	102,87	104,38	96,25	103,88

II graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.
 n.s. - não significativo
 ** - significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F

TABELA 3A - Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica peso de 100 grãos (gramas).

Fonte de variação	GL	Quadrado médio		
		Lambert-MG	Goiânia-GO	Soc
Repetição/ciclo	12	0,0107ms	0,0037ms	0,0041ms
Blocos/rep/ciclo	1114	0,0089ms	0,0027ms	0,0065ms
Tratamentos	302	0,1059*	0,0870**	0,1208**
- Entre famílias/Ciclo	298	0,1066*	0,0879**	0,1221**
- Entre famílias/C ₀	58	0,1534**	0,1238**	0,2077**
- Entre famílias/C ₁	59	0,0984**	0,0609**	0,1589**
- Entre famílias/C ₂	59	0,0639**	0,0512**	0,0976**
- Entre famílias/C ₃	59	0,0765**	0,0559**	0,0613**
- Entre famílias/C ₄	59	0,1169**	0,1279**	0,0947**
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	0,4713**	0,4359**	0,0025ms
Entre testemunhas	3	0,0518**	0,0153**	0,0093ms
Testemunhas vs famílias	1	0,0591**	0,0249**	0,0705**
Erro médio	531	0,0079	0,0030	0,0083
Total	956	-	-	-
Cve (%)	-	3,61	2,11	3,63
Médias das famílias	-	2,46	2,57	2,51
Médias das testemunhas	-	2,39	2,60	2,44

II graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.
 n.s. - não significativo
 ** - significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

TABELA 4A - Resumo das análises de variância combinadas, por ambiente, para a característica produtividade de grãos (gramas/parcela)

Fonte de variação		GL	Lambert-MG	Colônia-GO
Quadrado médio			Seg	Seg

12	Repetição/ciclo	12	6981,24**	38219,20**	1357,74ms
11	Hico/rep/ciclo	11	2331,55ms	900,37ms	6441,45*
302	Tratamentos	302	58077,86*	30267,08*	34044,60**
298	- Entre famílias/Ciclo	298	55841,23**	29418,46**	32989,91**
58	- Entre famílias/C ₀	58	81366,41**	58826,87**	74909,25**
59	- Entre famílias/C ₁	59	37969,90**	15868,54**	26273,00**
59	- Entre famílias/C ₂	59	44820,24**	30290,31**	18533,74**
59	- Entre famílias/C ₃	59	38636,22**	19136,89**	17830,08**
59	- Entre famílias/C ₄	59	62596,36**	18089,98**	17718,12**
4	- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	260716,96**	108402,89**	202255,23**
3	Entre testemunhas	3	44884,00**	17484,75**	10640,73ms
1	Testemunhas vs famílias	1	764175,30**	321501,00**	418552,50**
531	Euro médio	531	2628,33	932,79	4812,07
956	Total	956	-	-	-
-	Cve (%)	-	11,74	7,36	15,50
-	Médias das famílias	-	420,65	404,72	435,45
-	Médias das testemunhas	-	675,16	649,50	623,83
-	Erro médio	-	569,50	569,50	569,50

II graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.

n.s. - não significativo

* - significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F

** - significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F

TABELA 5A - Resumo das análises de variância conjuntas para as características, altura de planta (ALT), floração (FLOR), peso de 100 grãos (P100) e produtividade de grãos (PRODT), referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goianira-GO, geração S_{0,2}, ano agrícola 1998/99.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio			
		ALT	FLOR	P100	PRODT
Repetição/ciclo/local	24	286,61**	22,70**	0,0074 _{ns}	22600,22**
Bloco/rep/ciclo/local	222 ^U	100,32**	11,48 _{ns}	0,0077 _{ns}	4386,50 _{ns}
Local	1	208536,19**	27495,31**	1,1687**	14218,47 _{ns}
Tratamentos	302	1151,96**	356,40**	0,1880**	76263,86**
- Entre famílias/Ciclo	298	1112,13**	348,22**	0,1898**	72984,62**
- Entre famílias/C ₀	58	1907,98**	631,86**	0,3257**	137451,88**
- Entre famílias/C ₁	59	944,90**	309,72**	0,2000**	51690,84**
- Entre famílias/C ₂	59	787,24**	224,42**	0,1406**	53295,65**
- Entre famílias/C ₃	59	1048,92**	161,47**	0,1075**	39734,80**
- Entre famílias/C ₄	59	846,23**	311,16**	0,1752**	57956,02**
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	1687,61**	1930,80**	0,2211**	453915,49**
Entre testemunhas	3	302,01**	1158,25**	0,0253**	41783,40**
Testemunhas vs famílias	1	15571,64**	388,56**	0,1344**	1156920,00**
Tratamentos x local	302	115,77**	88,20**	0,038**	15838,91**
- Entre famílias x local/Ciclo	298	116,53**	89,10**	0,029**	15846,43**
- Entre famílias x local/C ₀	58	87,49**	179,52**	0,036**	18125,24**
- Entre famílias x local/C ₁	59	116,28**	80,57**	0,056**	12552,19**
- Entre famílias x local/C ₂	59	78,77**	53,55**	0,020**	10057,40**
- Entre famílias x local/C ₃	59	66,68**	44,35**	0,029**	16731,51**
- Entre famílias x local/C ₄	59	80,58**	73,07**	0,037**	22359,05**
- Entre tipos de famílias x local	4	2231,61**	324,27**	0,2735**	5416,68 _{ns}
Entre testemunhas x local	3	25,76 _{ns}	22,86 _{ns}	0,040**	13741,41*
Testemunhas vx. Famílias x local	1	163,86 _{ns}	16,71 _{ns}	0,0142 _{ns}	25888,58**
Erro médio	1062	48,93	11,06	0,0081	3720,20
Total	1913	-	-	-	-
Cv _c (%)	-	6,12	3,47	3,62	13,80
Médias das famílias	-	115,83	95,55	2,48	428,05
Médias das testemunhas	-	90,14	99,56	2,41	649,50

^U graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.

n.s. - não significativo

* - significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F

** - significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F

TABELA 6A – Resumo das análises de variância conjuntas para as características altura de planta (ALT), florção (FLOR), peso de 100 grãos (P100) e produtividade de grãos (PRODT), referentes aos experimentos conduzidos em Lambari-MG e Goiânia-GO, geração S₀₃, ano agrícola 1999/2000.

Fonte de variação	GL	ALT	FLOR	P100	PRODT	Quadrado médio	
Repetição/ciclo/local	24	326,57**	29,64**	0,0027ms	1734,19**		
Blocos/rep/ciclo/local	222 ^{ll}	86,84**	10,94**	0,0022ms	688,26ms		
Local	1	68179,67**	16667,63**	0,2196*	190408,67**		
Tratamentos	302	776,00**	196,45**	0,1159**	44120,12**		
- Entre famílias/Ciclo	298	733,38**	184,24**	0,1174**	42320,90**		
- Entre famílias/C ₀	58	1162,63**	277,49**	0,1847**	88392,67**		
- Entre famílias/C ₁	59	582,16**	115,48**	0,0703**	25590,75**		
- Entre famílias/C ₂	59	502,61**	220,45**	0,0721**	38217,19**		
- Entre famílias/C ₃	59	633,96**	117,43**	0,0770**	23900,19**		
- Entre famílias/C ₄	59	566,26**	167,40**	0,1753**	27199,24**		
- Entre tipos de famílias (ciclos)	4	4077,25**	554,61**	0,1794**	170748,41**		
Entre testemunhas	3	229,32**	1202,46**	0,0110**	27035,38**		
Testemunhas vs famílias	1	15121,32**	818,40**	0,0060ms	631542,00**		
Tratamentos x local	302	119,46**	68,33**	0,0391**	6103,86**		
- Entre famílias x local/Ciclo	298	120,92**	68,20**	0,0394**	61344,66**		
- Entre famílias x local/C ₀	58	110,09**	86,94**	0,0383**	12643,16**		
- Entre famílias x local/C ₁	59	211,43**	80,61**	0,0468**	35369,2**		
- Entre famílias x local/C ₂	59	105,93**	40,99**	0,0289**	6705,41**		
- Entre famílias x local/C ₃	59	51,84*	35,41**	0,0335**	4156,49**		
- Entre famílias x local/C ₄	59	86,49**	69,34**	0,0376**	3853,84**		
- Entre tipos de famílias x local	4	684,98**	493,09**	0,2421**	4463,60**		
Entre testemunhas x local	3	12,38ms	24,99**	0,0120**	5061,66**		
Testemunhas vs Famílias x local	1	2,21ms	267,82**	0,0142**	51,47ms		
Erro médio	1062	37,33	5,05	0,0024	864,36		
Total	1913	-	-	-	-		
Cv _e (%)	-	5,30	2,28	1,90	7,27		
Médias das famílias	-	116,76	97,67	2,59	394,32		
Médias das testemunhas	-	91,51	104,13	2,60	609,50		

^{ll} graus de liberdade ajustados conforme a SQ tipo III do SAS para a não ortogonalidade do modelo.

n.s. – não significativo

* - significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F

** - significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F