



LAÍS MORETTI TOMÉ

**RECURRENT SELECTION FOR EARLY FLOWERING AND
GRAIN YIELD IN UPLAND RICE**

**LAVRAS - MG
2021**

LAÍS MORETTI TOMÉ

**RECURRENT SELECTION FOR EARLY FLOWERING AND GRAIN YIELD IN
UPLAND RICE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Prof. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

Dr. José Manoel Colombari Filho
Coorientador

**LAVRAS-MG
2021**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Tomé, Laís Moretti.

Recurrent selection for early flowering and grain yield in
upland rice / Laís Moretti Tomé. - 2021.

107 p. : il.

Orientadora: Flávia Barbosa Silva Botelho.

Coorientador: José Manoel Colombari Filho.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. População base. 2. Dialelo. 3. Seleção de Genótipos. I.
Botelho, Flávia Barbosa Silva. II. Colombari Filho, José Manoel.
III. Título.

LAÍS MORETTI TOMÉ

**SELEÇÃO RECORRENTE PARA FLORESCIMENTO PRECOCE E
PRODUTIVIDADE DE GRÃOS NA CULTURA DO ARROZ DE TERRAS ALTAS**

**RECURRENT SELECTION FOR EARLY FLOWERING AND GRAIN YIELD IN
UPLAND RICE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 30 de julho de 2021.

Dr. Adriano Teodoro Bruzi	UFLA
Dr. Guilherme Barbosa Abreu	EMBRAPA Cocais
Dr. Vinícius Quintão Carneiro	UFLA
Dr. José Manoel Colombari Filho	EMBRAPA

Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

Dr. José Manoel Colombari Filho
Coorientador

**LAVRAS-MG
2021**

*À minha mãe, Mariângela, pelo esforço, dedicação e pela educação que sempre me ofereceu.
Ao meu pai, Wagner (in memoriam), que mesmo não estando presente, sempre esteve comigo
em pensamentos.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, por iluminar meu caminho.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Agricultura, pela oportunidade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, pela concessão das bolsas de estudos de doutorado e doutorado sanduíche.

À minha orientadora Flávia, por todo apoio, incentivo e disposição à ajudar e por ser um exemplo de profissional dedicada que ama o que faz.

Ao meu coorientador Colombari, pelos ensinamentos, conselhos e auxílios prestados durante a pesquisa e por também ser um exemplo de profissional a ser seguido.

À Embrapa Arroz e Feijão pelo apoio e parceria na realização do trabalho, em especial a toda equipe do Melhoramento de Arroz de Terras Altas e Arroz Irrigado, por toda ajuda, ensinamentos e amizade.

À UC Davis, especialmente ao professor Sundaresan e o pesquisador Imtiyaz, pela oportunidade, ensinamentos e pela experiência inesquecível de intercâmbio.

Ao MelhorArroz, pela amizade, companheirismo e a ajuda essencial para a realização desse trabalho.

Aos membros da banca, pela disposição e contribuição para o engrandecimento do trabalho.

Ao Janir e demais funcionários da EPAMIG, pelo auxílio na condução dos experimentos.

Aos professores do Departamento de Agricultura e do Departamento de Genética, pelos ensinamentos.

À Marli, secretária, pela atenção e paciência.

À minha mãe, Mariângela, pelo amor e apoio incondicional durante toda a minha vida.

Ao meu irmão, Júnior, pelo companheirismo.

As minhas avós, Janete e Onélia, pelo amor, afeto, e por estarem sempre presentes na minha vida.

À tia Clara, pela amizade e auxílio.

A todos meus familiares, pela união, carinho e torcida.

A todos os meus amigos, pelos momentos de descontração e por estarem comigo nas horas boas e ruins.

A todos que de alguma forma me apoiaram e ajudaram na realização desse trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Muito obrigada!

RESUMO

Nos programas de melhoramento genético de arroz de terras altas, além do desenvolvimento de linhagens com elevado potencial produtivo, a precocidade também é um caráter muito importante. Uma boa estratégia para acumular alelos favoráveis e obter ganhos com a seleção é o emprego do método de seleção recorrente, que permite a obtenção de progênies superiores a cada ciclo para recombinação e extração de linhagens. A escolha dos genitores para a síntese da população é essencial para o sucesso desse método, de forma que o objetivo deste trabalho foi a formação de uma população base, denominada UFLA-P1, e avaliação das progênies no ciclo 0, para o início de um programa de seleção recorrente para o desenvolvimento de linhagens precoces e produtivas de arroz de terras altas. Para isto, utilizou-se progênies $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$ do ciclo 0, visando a seleção das melhores e também a extração de linhagens de arroz dentro destas. Para a síntese da população base foram realizadas as hibridações entre cinco genitores com florescimento precoce e quatro, de elevado potencial produtivo, em dialelo parcial, que resultaram em 19 subpopulações biparentais. O experimento das subpopulações de plantas F_2 foi conduzido na safra de 2017/18, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA), quando 15 plantas de cada subpopulação foram selecionadas e colhidas individualmente para compor o conjunto de progênies $F_{2:3}$. Estas foram semeadas em Julho de 2018 na Embrapa Arroz e Feijão para avanço de geração até $F_{2:4}$. Os experimentos com as progênies $F_{2:4}$ foram conduzidos na safra de 2018/19, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da UFLA, e na Embrapa Arroz e Feijão. Ao todo, 152 progênies foram avaliadas, sendo oito progênies de cada uma das 19 subpopulações e mais quatro testemunhas. O delineamento experimental adotado foi o alfa-látice triplo 12x13. Os dados dos caracteres número de dias para o florescimento (FLO) e produtividade de grãos (PROD) foram submetidos a análises estatísticas, dialélicas, de componentes principais e correlações, pelas quais se constatou que os genitores BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, e BRSMG Caravera apresentaram maior capacidade geral de combinação (CGC) para o caráter e são recomendados para obtenção de populações de florescimento precoce. Foi possível a obtenção de progênies produtivas e precoces em 13 subpopulações. Vinte e seis progênies $F_{2:5}$ foram selecionadas da população UFLA-P1 para compor o Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFLA na safra 2019/20. Ao todo, 100 genótipos foram avaliados, sendo as demais 72 progênies $F_{4:6}$ e duas testemunhas. Onze progênies $F_{2:5}$ de seleção recorrente se destacaram no Ensaio de Observação e foram selecionadas para compor o Ensaio Preliminar de linhagens elites. Demonstrando que foi possível a obtenção de linhagens precoces e produtivas no ciclo 0 de seleção recorrente para florescimento precoce e produtividade de grãos em arroz de terras altas. O incremento anual obtido com a seleção recorrente para número de dias para o florescimento foi de -3,48%.

Palavras-chave: *Oryza Sativa*. População base. Dialelo, Seleção de genótipos.

ABSTRACT

In upland rice breeding programs, in addition to high grain yield lines, obtaining early flowering lines is also important. A good strategy to accumulate favorable alleles and increase gains with selection is the recurrent selection method, which allows obtaining superior lines at each cycle for recombination and lines extraction. The parents choice for the population synthesis is essential for the success of this method, so the aim of this study was to build a base population, called UFLA-P1, and evaluate the progenies of the cycle 0, aiming at beginning a recurrent selection program for the development of early flowering and grain yield upland rice lines. Therefore, F_{2:4} and F_{2:5} progenies from the cycle 0 were used, aiming at selecting the best ones and obtaining rice lines within them. For the base population synthesis, hybridizations were carried out between five parents with early flowering and four with high grain yield potential, in partial diallel, which resulted in 19 biparental subpopulations. The F₂ population trial was performed in 2017/18 at the Center for Scientific and Technological Development in Agriculture from Federal University of Lavras (UFLA), 15 plants from each population were selected and harvested individually to compose the F_{2:3} population. The selected genotypes were sown in July 2018 at Embrapa Arroz e Feijão (Brazilian Agricultural Research Corporation) to advance the F_{2:3} population. The F_{2:4} population experiments were performed in 2018/19, at the Scientific and Technological Development Center in Agriculture, UFLA and Embrapa Arroz e Feijão. A total of 152 progenies were evaluated, eight progenies from each of the 19 crosses, plus controls, the experimental design used was triple alpha-lattice 12x13, totaling 468 parcels. The genotypes were evaluated and early flowering and grain yield data were subjected to statistical, diallel analysis, principal component analysis and correlation analysis; It was observed that the parents BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, and BRSMG Caravera showed higher general combining ability (GCA) for the trait and are recommended for obtaining early flowering populations. It was possible to obtain early flowering and high grain yield genotypes in 13 subpopulations. Twenty six genotypes that stood out, from the F_{2:4} population, were selected to be part of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from Federal University of Lavras in the 2019/20, at the Scientific and Technological Development Center in Agriculture at the Scientific and Technological Development Center in Agriculture from Federal University of Lavras. A total of 100 progenies were evaluated, 26 F_{2:5} progenies, 72 F_{4:6} progenies from Upland Rice Breeding Program and two controls. Eleven F_{2:5} progenies from UFLA-P1 Population obtained better performance for early flowering, grain yield and other favorable phenotypic characteristics in rice and were selected to be part of the Preliminary Trial of elite lines. Demonstrating that it was possible to obtain superior lines in the cycle 0 of recurrent selection for early flowering and grain yield in rice. The annual gain obtained with the recurrent selection for days to flowering was -3.48%.

Keywords: *Oryza Sativa*. Base population. Diallel. Genotype selection.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 2

- Figura 1 – Esquema para obtenção das progênies $F_{2:4}$ do Ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1 para florescimento precoce e produtividade de grãos em arroz 38
- Figura 2 – Distribuição das médias ajustadas do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1. A: 152 progênies $F_{2:4}$ e testemunhas para o caráter produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}); B: 152 progênies $F_{2:4}$ e testemunhas para o caráter número de dias para o florescimento (FLO, em dias); C: 19 subpopulações e testemunhas para o caráter produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}); D: 19 subpopulações e testemunhas para o caráter número de dias para o florescimento (FLO, em dias). 45
- Figura 3 – Análise de componentes principais (PCA 1-2) das 152 progênies $F_{2:4}$ e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1. 48
- Figura 4 – Análise de componentes principais (PCA 1-3) das 152 progênies $F_{2:4}$ e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1. 49
- Figura 5 – Análise de componentes principais (PCA 1-2) das 19 subpopulações e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1. 49
- Figura 6 – Análise de componentes principais (PCA 1-3) das 19 subpopulações e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1. 50

Figura 7 –	Correlações de Pearson das 152 progênies $F_{2:4}$ para produtividade de grãos (PROD, em $kg\ ha^{-1}$) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.	50
Figura 8 –	Correlações de Pearson das 19 subpopulações para produtividade de grãos (PROD, em $kg\ ha^{-1}$) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.	51
Figura 9 –	Correlação de Pearson das 152 progênies $F_{2:4}$ para produtividade de grãos (PROD, em $kg\ ha^{-1}$) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) da média dos ambientes do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.	51
Figura 10 –	Correlações de Pearson das 19 subpopulações para produtividade de grãos (PROD, em $kg\ ha^{-1}$) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) da média dos ambientes do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA- P1..	52

CAPÍTULO 3

Figure 11 –	Scheme for obtaining $F_{2:4}$ progenies from Cycle 0 of recurrent selection from UFLA-P1 Population, for early flowering and grain yield in rice.....	72
Figure 12 –	Scheme of trials that is part of the Upland Rice Breeding Program from Federal University of Lavras.	73
Figure 13 –	Mean distribution of days to flowering (DTF) of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras.	81
Figure 14 –	Mean distribution of grain yield of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras.	81

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1 –	Progresso genético dos programas de seleção recorrente em arroz.	22
------------	---	----

CAPÍTULO 2

Tabela 2 –	Genitores femininos e masculinos utilizados para síntese da população UFLA-P1 de seleção recorrente, em esquema de dialelo parcial.	36
Tabela 3 –	Resumo da análise de variância conjunta para os caracteres produtividade de grãos (PROD, em kg ha ⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias), dos tratamentos (progênies F _{2:4} e testemunhas) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.	44
Tabela 4 –	Resumo das análises dialélicas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha ⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) das progênies F _{2:4} do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.....	45
Tabela 5 –	Efeito da capacidade geral de combinação (CGC) para produtividade de grãos (PROD, em kg ha ⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) das progênies F _{2:4} do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.....	47
Tabela 6 –	Porcentagem de contribuição de alelos dos genitores no ciclo I de seleção recorrente da população UFLA-P1, visando florescimento precoce e elevada produtividade de grãos em arroz de terras altas.	52

CAPÍTULO 3

Table 7 –	Female and male parents used to obtain the recurrent selection base population, UFLA-P1 in a partial diallel scheme.	70
Table 8 –	Joint variance analysis of the locations, for the characters: Grain yield (kg/ha), days to flowering (days), height (cm), brown spot (scores), leaf scald (scores), collar blast (scores) and grains spot (scores) of F _{2:4} progenies from the cycle 0 UFLA-P1 recurrent selection population for early flowering and grain yield in upland rice.....	78
Table 9 –	Analysis of variance of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras for the characters: Grain yield (kg/ha), days to flowering (days), height (cm), brown spot (scores), leaf scald	

	(scores), leaf blast (scores), milled rice yield (g), head rice yield (g), length (cm), width (cm) and length/width ratio (cm).	79
Table 10 –	Scheffé test between the F _{2:5} progenies from the cycle 0 UFLA-P1 recurrent selection population and F _{4:6} genotypes from the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras for the characters: Grain yield (kg/ha), days to flowering (days), height (cm), brown spot (scores), leaf scald (scores), leaf blast (scores), milled rice yield (g), head rice yield (g), length (cm), width (cm) and length/width ratio (cm).	80

SUMÁRIO

	CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL	15
1	INTRODUÇÃO	15
2	REFERENCIAL TEÓRICO	17
2.1	A cultura do arroz	17
2.2	Arroz de terras altas.....	18
2.2.1	Melhoramento genético de arroz de terras altas	19
2.3	Seleção recorrente	20
2.3.1	Seleção recorrente em arroz	21
2.4	Etapas de um programa de seleção recorrente.....	22
2.4.1	Obtenção da população base de seleção recorrente	22
2.4.2	Avaliação da população base e seleção de progênies.....	23
2.4.3	Recombinação	24
2.5	Cruzamentos dialélicos e capacidade de combinação	24
	REFERÊNCIAS	27
	CAPÍTULO 2 OBTENÇÃO DE POPULAÇÃO BASE DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA FLORESCIMENTO PRECOCE E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS	31
1	INTRODUÇÃO	33
2	MATERIAL E MÉTODOS	35
2.1	Descrição da área experimental	35
2.2	Síntese da população base UFLA-P1	35
2.3	Subpopulações F ₂	37
2.4	Progênies F _{2:3}	37
2.5	Progênies F _{2:4}	37
2.6	Caracteres Avaliados	38
2.7	Análise estatística dos dados.....	39
3	RESULTADOS	41
4	DISCUSSÃO	53
5	CONCLUSÕES	61
	REFERÊNCIAS	62
	CAPÍTULO 3 LINES SELECTION IN THE RECURRENT SELECTION CYCLE 0 FOR EARLY FLOWERING AND GRAIN YIELD IN UPLAND RICE	66

1	INTRODUCTION.....	67
2	MATERIALS AND METHODS.....	69
2.1	Experimental area description	69
2.2	Base population synthesis - UFLA-P1	69
2.3	F₂ subpopulations.....	71
2.4	F_{2:3} progenies	71
2.5	F_{2:4} progenies	71
2.6	Observation trial.....	72
2.7	Evaluated characteristics.....	73
2.8	Data analysis	74
2.8.1	F_{2:4} progenies	74
2.9	Observation trial.....	74
4	DISCUSSION.....	82
5	CONCLUSIONS.....	85
	REFERENCES	86
	APÊNDICE A	88
	APÊNDICE B	98

CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL

1 INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é cultivado em mais de 100 países e serve como alimento para mais de 3,5 bilhões de pessoas, sendo considerado a cultura de maior importância para segurança nutricional do mundo (GADAL *et al.*, 2019; MUTTAYYA *et al.*, 2016). Inclusive o Brasil, cujo arroz, junto com o feijão, é a composição básica da alimentação da população brasileira.

Estima-se que seja necessário produzir mais 40% de arroz até 2050 para atender às demandas alimentares de uma população mundial cada vez maior (MILOVANOVIC; SMUTKA, 2017). Contudo, sem suficiente área adicional para acompanhar o crescimento da população é cada vez mais necessário a obtenção de cultivares melhoradas, capazes de expressar maior produtividade de grãos, utilizando de forma mais eficiente os recursos associados a adaptabilidade aos estresses bióticos e abióticos.

São considerados dois grandes ecossistemas para a cultura, o de várzeas e o de terras altas. No Brasil, a maior parcela da produção de arroz do país é proveniente do ecossistema várzeas, onde a orizicultura irrigada é responsável por cerca de 89% da produção nacional (CONAB, 2019).

Com o aumento da urbanização e industrialização, é cada vez mais exigido a diminuição no consumo de água e isso pode ser um grande desafio para a produção agrícola em todo o mundo (YANG, 2019; GOSAL *et al.*, 2009). O sistema de produção de arroz irrigado será cada vez mais desafiado pela escassez de água o que evidencia a importância em pesquisas relacionadas ao arroz de terras altas, visando o desenvolvimento de cultivares mais eficientes e produtivas nesse ecossistema.

A escassez da água ou seca em fases críticas, principalmente no período da floração pode causar uma drástica redução da produtividade no arroz de terras altas (YANG *et al.*, 2019). Alternativas para contornar esse problema é a utilização de genótipos tolerantes ao déficit hídrico e a identificação de genótipos de florescimento precoce, visando evitar o florescimento em épocas com maior ocorrência de estiagens.

Nos programas de melhoramento genético de arroz de terras altas, além de linhagens produtivas, a obtenção de linhagens precoces também é de grande importância, principalmente

devido à sensibilidade da planta de arroz em relação à falta de água durante o florescimento. Esse estágio de desenvolvimento da planta ocorre em janeiro, mês em que há grandes chances de ocorrer estiagens. Sendo assim, quanto mais precoce as plantas emitirem panículas, mais favorável será para o desempenho superior do genótipo. Além do fato da linhagem permanecer um menor período de tempo exposta aos estresses bióticos e abióticos.

Esforços para obtenção de cultivares precoces em programas de melhoramento de arroz de terras altas podem ser observados, visando além da diminuição do estresse, a inserção do arroz de terras altas no sistema agrícola de duas safras (SOARES *et al.*, 2005; SOARES *et al.*, 2013), porém, há a necessidade de cultivares precoces e produtivas mais atuais no mercado.

A maioria dos caracteres de interesse agrônômico são controlados por vários genes e muito influenciados pelo ambiente. Dessa forma, o sucesso com a seleção em apenas um ciclo é muito difícil. Uma boa estratégia para acumular alelos favoráveis é a realização da seleção recorrente, um processo cíclico de seleção de indivíduos superiores de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados para formar uma nova população (RAMALHO *et al.*, 2012).

Trabalhos envolvendo a seleção recorrente na cultura do arroz podem ser encontrados (BRESEGHELLO *et al.*, 2009; CORDEIRO; RANGEL, 2011; MORAIS JR. *et al.*, 2017; MORAIS JR. *et al.*, 2015) e observa-se ganhos em produtividade de grãos e em outros caracteres desejáveis ao longo dos ciclos de seleção. Para que isso ocorra, a obtenção e seleção de uma boa população base são essenciais para o sucesso da seleção recorrente, além da identificação das progênes superiores para serem recombinadas e também avançadas para obtenção de linhagens.

Diante do exposto, teve-se como objetivo a formação de uma população base, denominada UFLA-P1, e avaliação e seleção das progênes $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$ do ciclo 0, visando o início de um programa de seleção recorrente para o desenvolvimento de linhagens precoces e produtivas de arroz de terras altas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura do arroz

O arroz, planta da classe monocotiledônea e espécie *Oryza sativa L.*, junto com o trigo e milho está entre os três alimentos mais importantes do mundo. Destes, o arroz é o mais consumido pelos seres humanos, sendo consumido por mais da metade da população mundial (SAITO *et al.*, 2018). Possui participação importante na composição do prato dos brasileiros, que consomem cerca de 25 quilogramas de arroz por ano sendo, junto com o feijão, composição básica da alimentação da população brasileira (CONAB, 2015).

É estimado uma produção de 11.8 milhões de toneladas de arroz na safra 2020/21, com uma área plantada de 1.683,6 mil de hectares e produtividade média de 6.900 kg ha⁻¹. A área plantada nessa safra apresentou incremento de 1% em relação à temporada anterior, contrário aos últimos anos, o qual a área plantada vem apresentando diminuição. É estimado um aumento de 4% na produção comparado a safra passada, reflexo principalmente das estimativas de incremento na produtividade de grãos (CONAB, 2021).

São considerados dois grandes ecossistemas para a cultura, o de várzeas e o de terras altas. No Brasil, a maior parcela da produção de arroz do país é proveniente do ecossistema várzeas, onde a orizicultura inundada é responsável por mais de 89% da produção nacional. A produção de arroz no Brasil tem sua maior concentração na Região Sul, responsável por mais de 85% da oferta nacional (CONAB, 2019).

Nas últimas safras, a área cultivada com arroz vem diminuindo, sobretudo em áreas de sequeiro. Apesar da redução nos últimos anos, a maior proporção do plantio em áreas irrigadas, que apresentam produtividade de grãos maiores, em média de 8.000 kg ha⁻¹, e o contínuo investimento do rizicultor em tecnologias, vêm permitindo a manutenção da produção, ajustada ao consumo nacional (CONAB, 2021)

Porém, a diminuição na disponibilidade de água no sistema de várzeas e as maiores exigências para um uso mais eficiente da água na agricultura demonstram a importância em pesquisas relacionadas ao arroz de terras altas, visando garantir uma maior segurança em relação à produção do alimento no país.

2.2 Arroz de terras altas

É observado que a produtividade de grãos no sistema de produção de arroz em várzea é maior que o de arroz de terras altas e que a maior parte da produção é oriunda desse sistema. No entanto, o arroz de terras altas ainda apresenta importância, principalmente em países subdesenvolvidos (SAITO *et al.*, 2017; VAN OORT *et al.*, 2015).

No Brasil, a cultura do arroz de sequeiro é praticada por dois tipos de produtores distintos, os pequenos produtores, que são a maioria, e os produtores comerciais, que plantam em áreas de primeiro ano, visando posterior cultivo de soja, sendo a área plantada de arroz de terras altas é cerca de 380 mil ha (CONAB, 2021).

A maioria dessa produção é concentrada no cerrado, estatísticas de longo prazo sobre a produtividade do arroz de terras altas a nível nacional mostram que o nível de produtividade na fazenda aumentou ao longo do últimos 20 anos, mas o rendimento no final dos anos 2000 ainda era baixo, permanecendo em torno de 2 t/ha (FISCHER *et al.*, 2014).

Atualmente, a produtividade média do arroz de terras no país é de cerca de 2,5 t/ha (CONAB, 2021). Além da fisiologia da planta, a baixa produtividade de grãos no sistema de arroz de terras altas pode ser atribuída as práticas de manejo de cultura, o qual o baixo investimento em insumos contribui para o baixo rendimento e principalmente as variações anuais de estresses abióticos e bióticos na cultura (VAN OORT *et al.*, 2017).

Os principais fatores climáticos que influenciam a cultura do arroz são a temperatura do ar, o fotoperíodo e a precipitação pluvial. A produção de arroz em regime de sequeiro é dependente do regime pluvial, sendo mais prejudicial no estágio de florescimento e enchimento de grãos, que podem comprometer a produtividade (CONAB, 2015).

A vulnerabilidade da produção de arroz de terras altas pode aumentar ainda mais com as alterações climáticas globais, sendo pesquisas voltadas para a obtenção de genótipos com maior produtividade de grãos e tolerantes à estresses, de grande importância no melhoramento genético (SAITO *et al.*, 2018).

2.2.1 Melhoramento genético de arroz de terras altas

De acordo com Breseghello *et al.* (2011) o melhoramento genético de arroz de terras altas no Brasil pode ser dividido em três fases: A fase I (1984-1992) foi o período de testes, quando um grande número de linhagens introduzidas foram testadas, mas nenhum ganho genético para produtividade de grãos foi alcançado. A fase II (1992-2002) foi marcada por uma forte influência materiais introduzidos, especialmente do CIAT e os Estados Unidos. Muitos materiais foram introduzidos, proporcionando uma grande variabilidade. Houve diminuição na estatura das plantas, redução do acamamento e diminuição no ciclo. A fase III (2002–2009) representa o estágio atual do Programa de Melhoramento da Embrapa, com ênfase na seleção para produtividade de grãos, mantendo outros caracteres dentro de um intervalo adequado, sendo o ganho genético para produtividade de grãos na terceira fase o mais alto.

Nos programas de melhoramento genético de arroz de terras altas, além de linhagens produtivas, a obtenção de linhagens precoces também é importante, principalmente devido à sensibilidade da planta de arroz em relação à falta de água durante o florescimento. A escassez da água ou seca em fases críticas, principalmente no período da floração pode causar redução de até 70% da produtividade no arroz (GOSAL *et al.*, 2009; YANG *et al.*, 2019). Esse estágio de desenvolvimento da planta ocorre em janeiro, mês em que há grandes chances de ocorrer veranicos nas regiões Sudeste e Centro Oeste do país. Sendo assim, quanto mais precoce as plantas emitirem panículas, mais favorável será para o desempenho superior do genótipo. Além do fato da linhagem permanecer um menor período de tempo exposta aos estresses bióticos e abióticos.

Esforços para obtenção de cultivares precoces em programas de melhoramento de arroz de terras altas podem ser observados, visando além da diminuição do estresse, a inserção do arroz de terras altas no sistema agrícola de duas safras (SOARES *et al.*, 2005; SOARES *et al.*, 2013), porém há a necessidade de cultivares precoces e produtivas mais atuais no mercado.

Uma das alternativas para obtenção de genótipos superiores de forma que acelere os ganhos nos programas de melhoramento de arroz de terras altas no Brasil é o uso da seleção recorrente, os quais as plantas selecionadas são recombinadas para construção de populações elites com alto potencial de extração de linhagens, com possibilidade de se adicionar novas fontes de variabilidade, evitando a diminuição dos ganhos genéticos a longo prazo (BRESEGHELLO *et al.*, 2011)

2.3 Seleção recorrente

A maioria dos caracteres de interesse agrônômico na cultura do arroz são controlados por caracteres quantitativos e muito influenciados pelo ambiente. Dessa forma, o sucesso com a seleção em apenas um ciclo é muito difícil de ser alcançado. O uso de diferentes métodos de melhoramento que possam explorar eficientemente múltiplos genes são necessários e uma boa estratégia para acumular alelos favoráveis é a realização da seleção recorrente (ANSARI *et al.*, 2017).

Os métodos tradicionais de melhoramento genético de arroz baseiam-se, em geral, na hibridação entre dois ou poucos indivíduos e na condução das gerações segregantes por autofecundação. Nesse processo, a endogamia é aumentada ao longo das gerações e ao se atingir um nível desejado procede-se a seleção das melhores linhagens. No entanto, há um menor potencial de geração de variabilidade e consequentemente os ganhos genéticos com a seleção passam a ser reduzidos (BRESEGHELLO; COELHO, 2013; RANGEL *et al.*, 1998).

Seleção recorrente é um processo cíclico de seleção de indivíduos superiores de uma população, seguida pela recombinação dos selecionados para formar uma nova população. Esse processo visa aumentar a frequência de alelos favoráveis gradativamente para os caracteres desejáveis, sem reduzir a variabilidade genética, por meio de repetidos ciclos de seleção, avaliação e recombinação (GERALDI, 1997).

O processo de seleção recorrente é constituído de três etapas: obtenção da população segregante, avaliação e seleção das progênies e recombinação das melhores progênies para formar o próximo ciclo. Sendo importante que os genitores apresentem bom desempenho para as características desejáveis, média alta e variabilidade genética (RAMALHO, 2012).

Diversas são as vantagens atribuídas à utilização da seleção recorrente no melhoramento genético, tais como: a obtenção de maior variabilidade genética pelo intercruzamento de múltiplos genitores; a oportunidade para a ocorrência de recombinações, devido aos intercruzamentos sucessivos, aumento acumulativo da frequência de alelos favoráveis, além de permitir a introdução de novas linhagens no programa, a fim de se realizar novas recombinações (CRUZ; REGAZI; CARNEIRO, 2012).

Devido à maior facilidade da realização dos cruzamentos em espécies alógamas, a seleção recorrente tem sido tradicionalmente mais empregada no melhoramento destas do que

nas espécies autógamas, porém resultados promissores também vêm sendo alcançados com a seleção recorrente em autógamas ao longo dos anos (RAMALHO *et al.*, 2012).

2.3.1 Seleção recorrente em arroz

Existem vários métodos de condução de população segregante no melhoramento genético para obtenção de cultivares em autógamas. A produção de arroz precisa aumentar no futuro para atender às crescentes demandas e cada vez mais é necessária a obtenção de cultivares superiores de forma mais rápida (BERTRAND *et al.*, 2017). A seleção recorrente, mesmo sendo um método mais antigo e consolidado é uma boa alternativa para a obtenção de linhagens elite e aumento dos ganhos genéticos ao longo do tempo.

Como pode ser observado na Tabela 1, trabalhos envolvendo seleção recorrente com o arroz em várzea evidenciam os bons resultados obtidos. Rangel *et al.* (2002) verificaram que após três ciclos de seleção recorrente foi obtido um ganho médio de 4,6% para produtividade de grãos. Enquanto Morais Jr. *et al.* (2017) verificaram a eficiência da seleção recorrente em arroz irrigado e obtiveram ganho genético de 1,98% por ano para produtividade de grãos e - 1,29% para florescimento.

A seleção recorrente foi implementada em um programa de melhoramento de arroz na Indonésia desde 2004 e linhagens precoces e de alto potencial produtivo foram desenvolvidas em tempo relativamente curto, sendo considera o método mais eficiente para obtenção de cultivares com caracteres desejáveis em arroz (ABDULLAH, 2009).

Bons resultados também são encontrados envolvendo seleção recorrente com arroz de terras altas. Morais *et al.* (2008) visando resistência à brusone no arroz, relataram que em média, o ganho observado entre o primeiro e terceiro ciclo de seleção representou 3,4% ao ano em relação ao nível de incidência de brusone observado no ciclo 0.

Assim como foi observado ganhos de aproximadamente 309,6 kg/ha⁻¹ por ciclo de seleção recorrente na população de arroz de terras altas, o ciclo de seleção com duração de três anos proporcionou ganho genético de 3,6% em relação à média das progênies avaliadas no primeiro ano (BRESEGHELLO *et al.*, 2009).

Mais recentemente, Morais Jr. *et al.* (2015) observou ganhos genéticos significativos durante quatro ciclos de seleção, obtendo aumento de 4,71% para produtividade de grãos por ciclo.

Esses estudos evidenciam que a seleção recorrente é eficiente no melhoramento de arroz e que bons resultados ainda podem ser explorados e obtidos com a utilização desse método.

Tabela 1 – Progresso genético dos programas de seleção recorrente em arroz.

Caráter selecionado	Nº de ciclos	Progresso genético/ciclo	Fonte
Produtividade de grãos	3	4,6%	Rangel (2002)
Produtividade de grãos	4	1,98%	Morais <i>et al.</i> (2017)
Produtividade de grãos	1	5,75%	Cordeiro e Rangel (2011)
Produtividade de grãos	4	4,71%	Morais <i>et al.</i> (2015)
Produtividade de grãos	3	3,6%	Breseghele <i>et al.</i> (2009)
Florescimento	1	-2 dias	Cordeiro e Rangel (2011)
Florescimento	4	-1,29%	Morais <i>et al.</i> (2017)
Resistência a Brusone	3	3,4%	Morais <i>et al.</i> (2008)

Fonte: Da autora (2021).

2.4 Etapas de um programa de seleção recorrente

2.4.1 Obtenção da população base de seleção recorrente

A constituição da população-base para o início do programa é que determina o sucesso da seleção recorrente ao longo do tempo. Identificar os genótipos superiores que atendam aos interesses do programa de melhoramento em relação a atributos agrônômicos e industriais é um ponto de partida para a constituição de populações base (PARRELA, 2016; FREITAS *et al.*, 2012).

Para a formação da população base é necessário que os genitores escolhidos tenham um alto desempenho em termos de média para os caracteres sob seleção. Ao mesmo tempo, devem apresentar a maior variabilidade genética possível, pois dessa maneira a população base agregará média alta e alto nível de variabilidade genética, que são condições indispensáveis para o sucesso com a seleção (RAMALHO *et al.*, 2012). Esta população base também define

as possibilidades com ganho de seleção, pois os alelos que serão combinados para formar as gerações subseqüentes estão contidos dentro desta população inicial (PINHEIRO *et al.*, 2012).

Atenções devem ser tomadas em relação ao número de genitores, o qual um número grande, a probabilidade de encontrar todos os genitores com boa expressão para o caráter, é muito pequena. Enquanto utilizando-se poucos genitores a variabilidade é menor e a probabilidade de associar os alelos favoráveis também diminui. Outra escolha que deve ser feita é em relação a forma de cruzamento, que pode ser por macho esterilidade ou hibridizações manuais, possuindo a vantagem dos cruzamentos serem direcionados. Independente dos procedimentos utilizados na recombinação, a seleção recorrente possibilita a introdução de novas linhagens ou substituição de alguma outra de pequena capacidade de combinação, o que permite maior dinamismo no programa (RAMALHO *et al.*, 2012).

A seleção recorrente é um processo que demanda tempo devido às diversas etapas que compõe um ciclo de recombinação, porém se a população possui bons parâmetros iniciais, o programa de seleção recorrente pode ser mantido por longos períodos de tempo com a obtenção de linhagens superiores e de ampla base genética (RANGEL; NEVES, 2007)

2.4.2 Avaliação da população base e seleção de progênies

A avaliação das progênies é a fase mais crítica do processo de seleção recorrente por depender muito das condições climáticas e por requerer maior quantidade de recursos e tempo. A seleção é feita visualmente, por seleção massal ou seleção de progênies, sendo a seleção de progênies mais indicada, pois proporciona uma melhor estimativa do valor genotípico, sendo utilizada para caracteres de baixa herdabilidade e que sofrem grande influência ambiental, como a produtividade de grãos (RAMALHO *et al.*, 2012).

Dada a diversidade de possíveis genótipos resultantes do cruzamento de diversos genitores, a limitação para os ganhos genéticos torna-se a capacidade do programa de melhoramento de avaliar um grande número de plantas, derivadas de um grande número de cruzamentos (BRESEGHELLO; COELHO, 2013).

O objetivo nesta fase é obter as médias de cada progênie, de forma precisa, para serem classificadas corretamente. Portanto, se esta fase não for bem conduzida, isto é, se a precisão experimental não for adequada, não será possível classificar de forma correta os valores genotípicos das progênies e, conseqüentemente, a seleção não será eficaz. Uma boa avaliação

do desempenho dos genótipos e a escolha correta das progênes superiores são fundamentais para a redução da variabilidade genética e obtenção de progressos com a seleção recorrente (CRUZ; REGAZI; CARNEIRO, 2012).

2.4.3 Recombinação

Escolhidas as melhores progênes ou indivíduos dentro destas, essas deverão ser intercruzadas visando obter a população do ciclo seguinte. O intercruzamento pode ser realizado por macho-esterilidade ou manualmente. As sementes resultantes farão parte da população melhorada e é finalizado o primeiro ciclo de seleção recorrente (RAMALHO *et al.*, 2012).

Apesar da grande diversidade que pode ser encontrada em variedades tradicionais, a seleção na diversidade preexistente é um eventualmente chega ao seu limite. O sucesso do melhoramento genético de plantas reside na recombinação, de forma a unir alelos favoráveis (BRESEGHELLO; COELHO, 2013).

A recombinação é um dos processos que amplia a diversidade genética, criando novas combinações alélicas através da reprodução sexual. Portanto, a recombinação é essencial para obtenção de progresso genético durante os ciclos de seleção (TOURRETE *et al.*, 2019). Sendo a recombinação das progênes selecionadas a fase final de um ciclo de seleção recorrente.

A identificação correta das progênes superiores a serem recombinadas determina o sucesso com o próximo ciclo de seleção recorrente, tal fato evidencia a importância de estudos envolvendo a população base e a seleção das progênes superiores na população, visando a obtenção de um maior progresso genético com o programa de melhoramento genético.

2.5 Cruzamentos dialélicos e capacidade de combinação

Dialelos constituem n genitores que são cruzados 2 a 2. Sendo empregado em algumas finalidades, entre elas, na escolha de genitores. Os tipos de cruzamentos dialelos são: Dialelos completos, que incluem os híbridos de todos os pares de combinações dos genitores. Dialelos circulantes, em que o número de vezes que um genitor participa dos cruzamentos é sempre inferior a $n-1$. Dialelo parcial, que envolve dois grupos de genitores, tendo como vantagem a inclusão de um maior número de genitores (RAMALHO *et al.*, 2012).

Em um programa de melhoramento de plantas autógamas, a escolha de genitores para a obtenção de populações segregantes promissoras é etapa crucial, pois dela depende o sucesso das etapas subsequentes no desenvolvimento de linhagens superiores. Neste contexto, os cruzamentos dialélicos se destacam na seleção de genitores e, em particular, os dialelos parciais, quando o objetivo é reunir fenótipos favoráveis que se encontram em grupos distintos de genitores (VALE *et al.*, 2015).

Diversos métodos podem ser encontrados para análise dialélica, a metodologia de Hayman (1953) tem maior ênfase no controle genético da característica, Gardner e Eberhart (1966), é útil para obtenção da heterose e seus componentes, enquanto a metodologia de Griffing (1956) estima a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) dos genitores, sendo particularmente útil na escolha dos mesmos.

A capacidade geral de combinação (CGC) é realizada para determinar a performance média de um genitor em combinações híbridas, sendo esperado que um genitor com maior CGC apresente maior frequência de alelos favoráveis. A capacidade específica de combinação (CEC) evidencia certas combinações que se mostram relativamente melhores ou piores com base na média dos dois genitores do referido híbrido (RAMALHO *et al.*, 2012).

As estimativas dos efeitos da CGC proporcionam informações relacionadas a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos e têm sido úteis na recomendação de genitores superiores. Enquanto a CEC está associada aos efeitos basicamente não-aditivos, como dominância e epistasia e baixas estimativas indicam que os genótipos envolvidos no cruzamento não são complementares (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Portanto, o ideal é identificar uma população em que os dois genitores apresentem uma boa estimativa de CGC e alta CEC, pois associaria média alta e maior variância genética, os dois critérios fundamentais na escolha da população (RAMALHO *et al.*, 2012).

Trabalhos envolvendo a cultura do arroz também apresentam resultados positivos e destacam a importância da utilização de dialelos e estimação das capacidades de combinação. Fan *et al.* (2020) trabalhando com o cruzamento de *O. Sativa* e *O. Longistaminata* (arroz perene) verificou que a utilização de uma cultivar de *O. Sativa* com alta CGC é essencial para o sucesso do cruzamento entre as duas espécies. Bassuony e Zsembeli (2020) observaram uma grande diversidade genética no grupo parental utilizado e considerou os cruzamentos dialélicos uma estratégia apropriada na obtenção de genótipos superiores de arroz.

Por meio de técnicas de melhoramento comumente aplicadas, os programas de melhoramento atuais continuam a evoluir. O estudo da capacidade de combinação contribui amplamente para atingir esse objetivo. A capacidade de combinação como uma ferramenta de análise, além de ser útil na seleção de pais favoráveis, também fornece informações sobre a natureza e a importância dos efeitos do gene que influenciam as características quantitativas (FASAHAT *et al.*, 2016).

Mulbah *et al.* (2015) trabalhando com resistência à brusone observou que a ocorrência de efeitos aditivos dos genes para as características, número da lesão, tamanho da lesão e área abaixo da curva de progresso da doença, mostrou que métodos de seleção recorrentes que enfatizam CGC seria a melhor estratégia para obtenção de novas variedades de arroz superiores para resistência à brusone.

As informações obtidas com o uso de dialelos e estudo da capacidade de combinação, ajudam o melhorista de arroz a realizar uma seleção adequada, promovendo o aumento da produtividade de grãos e melhorando as demais características agronômicas e de qualidade de grãos.

REFERÊNCIAS

- ABDULLAH, B. Progress of rice through recurrent selection. **Agronomy Journal**, Indonesia v. 37 n. 3, p. 188-193, 2009.
- ANSARI, A.; WANG, C.; WANG, J.; WANG, F.; LIU, P.; GAO, Y. *et al.* Engineered dwarf male-sterile rice: a promising genetic tool for facilitating recurrent selection in rice. **Frontiers in Plant Science**, [s.l.], v. 8, p. 2132, 2017.
- BASSUONY, N.; ZSEMBELI, J. Inheritance of some flag leaf and yield characteristics by half-diallel analysis in rice crops (*Oryza Sativa* L.). Euphytica. **Cereal Research Communications**, [s.l.], v. 49, p. 503-510, 2020.
- BERTRAND C. Y. *et al.* Revisiting rice breeding methods – evaluating the use of rapid generation advance (RGA) for routine rice breeding, **Plant Production Science**, [s.l.], v. 20, n. 4, p. 337-352, 2017.
- BRESEGHELLO, F.; COELHO A. S. G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural Food Chemistry**, [s.l.], v. 61, p. 8277-8286, 2013.
- BRESEGHELLO, F.; O. P. MORAIS; PINHEIRO, P. V.; SILVA, A. C. S.; CASTRO, E. M. *et al.* Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, [s.l.], v.5 1, 914-923, 2011.
- BRESEGHELLO, F.; O. P. MORAIS; E. M.; CASTRO; S. A.; PRABHU; P. Z.; BASSINELO, J. A. *et al.* Recurrent selection resulted in rapid genetic gain for upland rice in Brazil. **International Rice Research**, [s.l.], Notes, v. 34, p. 1-4, 2009.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **A cultura do arroz**. In: OLIVEIRA NETO, A. A. de (Org.). Brasília: Conab, 2015.
- _____. Companhia Nacional de Abastecimento. 2019 **Acompanhamento de safra brasileiro – grãos: 2019 – safra 2018/2019**. Brasília: Conab, 2019.
- _____. Companhia Nacional de Abastecimento. 2021. **Acompanhamento de safra brasileiro – grãos: 2021 – safra 2020/2021**. Brasília: Conab, 2021.
- CORDEIRO, A. C. C.; RANGEL, P. H. N. Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima. **Agroambiente**, [s.l.], v. 5, n. 3, p. 182-187, 2011.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 508 p.
- FAN, Z.; WANG, K.; FAN, Y.; TAO, L.; YANG, J. Combining ability analysis on rhizomatousness via incomplete diallel crosses between perennial wild relative of rice and Asian cultivated rice, **Euphytica**, [s.l.], v. 216, p. 140, 2020.

FASAHAT, P.; RAJABI, A.; RAD, J.M; DERERA, J. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. **Biometrics Biostatistics International Journal**, [s.l.], v. 4, n.1, p. 1-22, 2016.

FISCHER, R. A.; BYERLEE, D.; EDMEADES, G. O. **Crop yields and global food security**: Will yield increase continue to feed the world? Canberra: Australian Centre for International Agricultural Research, 2014.

FREITAS, J. P. X.; OLIVEIRA, E. J.; JESUS, O. N.; CRUZ NETO, A. J.; SANTOS, L. R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro amarelo com 43 uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 47, n. 3, p. 393-401, 2012.

GADAL, N.; SHRESTHA, J.; POUDEL, M. N.; POKHAREL, B. A review on production status and growing environments of rice in Nepal and in the world. **Archives of Agriculture and Environmental Science**, [s.l.], v. 4, n. 1, p. 83-87, 2019.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, [s.l.], v. 22, p. 439-452, 1966.

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

GRIFFING, B. Concepto f general and especific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Victoria, v. 9, n .4, p. 463-493, 1956.

GOSAL, S. S.; WANI, S. H.; KANG, M. S. Biotechnology and drought tolerance. **Journal of Crop Improvement**, [s.l.], v. 23, p. 19-54, 2009.

HAYMAN, B. I. The analysis of variance of diallel tables. **Biometrics**, [s.l.], v. 10, n. 2, p. 235-244, 1954.

MILOVANOVIC, V.; SMUTKA, L. Asian countries in the global rice market. Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae. **Mendelianae Brunensis**, [s.l.], v. 65, n. 679-688, 2017.

MORAIS, O. P. de; BRESEGHELLO, F.; CASTRO, E. da M. de; SOARES, A. A.; PEREIRA, J. A.; UTUMI, M. M.; PRABHU, A. S.; BASSINELLO, P. Z. **Progressos em dois ciclos de seleção recorrente na população CG3 de arroz de terras altas**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2008. 27 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Boletim de pesquisa e desenvolvimento on-line, 31).

MORAIS JÚNIOR, O. P.; PEREIRA J. A.; MELO P. G. S.; GUIMARÃES, P. H. R.; MORAIS O. P. Gene action and combining ability for certain agronomic traits in red rice lines and commercial cultivars. **Crop Science**, [s.l.], v. 57, p. 1295-1307, 2017.

- MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; MORAIS, A. P.; CASTRO, F.; BRESEGUELLO, M. M. *et al.* Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, [s.l.], v. 72, p. 297-305, 2015.
- MULBAH, Q. S.; SHIMELIS, H. A.; LAING, M. D. Combining ability and gene action of three components of horizontal resistance against rice blast. **Euphytica**, [s.l.], v. 206, p. 805-814, 2015.
- MUTHAYYA, S.; SUGIMOTO, J.D; MONTGOMERY, S.; MABERLY, G.F. An overview of global rice production, supply, trade, and consumption. **Annual NY Academic Science**, [s.l.], v. 1324, p. 7-14, 2016.
- PARRELLA, L. A. **Desenvolvimento de Populações de Sorgo Sacarino de Cruzamento ao Acaso para Seleção Recorrente Intrapopulacional**. Sete Lagoas: Embrapa, 2016. (Circular Técnica, 217).
- PINHEIRO, L. S.; RANGEL, P. H. N.; VIANELLO, R. P.; BRONDANI, C. Genetic variability of *rice* recurrent selection populations as affected by male sterility. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 47, n. 6, p. 808-814, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. p. 522.
- RANGEL, P. H. N.; NEVES, P. C. F. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). Selección recurrente en arroz. **CIAT**, [s.l.], n. 267, 2007. p.79-97.
- 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 CNAIRAT 4PR e CNAIRAT 4ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 6, p. 905-912, 1998.
- RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P.; ZIMMERMANN, F. J. P. Grainyieldgains in threerecurrentselectioncycles in the CNA-IRAT 4 irrigated rice population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, n. 3, p. 369-374, jul. 2002.
- SAITO, K.; VAN OORT, P.; TANAKA, A.; DIENG, I.; SENTHILKUMAR, K.; VANDAMME, E.; NANFUMBA, D. Yield gap analysis towards meeting future rice demand. In: SASAKI, T. (Ed.). **Achieving sustainable cultivation of rice**. Burleigh Dodds Science Publishing Limited Editors, 2017. Chapter 6. V. 2. p.157-172.
- SAITO, K.; HIDETOSHI A.; ZHAO, D.; LABORTE, A.G.; GRENIER, C. Progress in varietal improvement for increasing upland rice productivity in the tropics, **Plant Production Science**, [s.l.], v. 21, n. 3, p. 145-158, 2018.

SOARES, A. A.; REIS M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; SOARES, P. C.; SANTOS, V. B.; TEIXEIRA, A. B.; REIS, W. P. BRSMG Caçula: very early upland rice cultivar for Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v.13, n. 3, p. 208-211, 2013.

SOARES, A. A.; REIS M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C.; SANTOS, P. G.; SOUZA, M. A BRSMG-Conai: cultivar de arroz superprecoce para terras altas. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 52 p. 721-727, 2005.

TOURRETTE, E.; BERNARDO, R.; FALQUE, M.; MARTIN, O. C. Assessing by modeling the consequences of increased recombination in genomic selection of *Oryza sativa* and *Brassica rapa*. **G3: GENES, GENOMES, GENETICS**, [s.l.], v. 9, n. 12, p. 4169-4181, 2019.

VALE, N. M.; BARILI, L. D.; OLIVEIRA, H. M.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, F. L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 50, p.141-148, 2015.

VAN OORT, P. A. J.; SAITO, K.; TANAKA, A.; AMOVIN, A. E.; VAN BUSSEL, L. G. J.; VAN WART, J.; WOPEREIS, M. C. S. Assessment of rice self-sufficiency in eight African countries in 2025. **Global Food Security**, [s.l.], v. 5, p. 39-49, 2015.

VAN OORT, P.; SAITO, K.; DIENG, I.; GRASSINI, P.; CASSMAN, K. G.; VAN ITTERSUM, M. K. Can yield gap analysis be used to inform R&D prioritisation? **Global Food Security**, [s.l.], v.1 2, p. 109-118, 2017.

YANG, X.; WANG, B.; CHEN, L. *et al.* The different influences of drought stress at the flowering stage on rice physiological traits, grain yield, and quality. **Scientific Reports**, [s.l.], v. 9, p. 3742, 2019.

CAPÍTULO 2 OBTENÇÃO DE POPULAÇÃO BASE DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA FLORESCIMENTO PRECOCE E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS

RESUMO

A escolha dos genitores para a síntese da população é essencial para o sucesso da seleção recorrente. Assim, que teve-se como objetivo a formação de uma população base, denominada UFLA-P1, e avaliação das progênies do ciclo 0, visando o início de um programa de seleção recorrente para o desenvolvimento de linhagens precoces e produtivas de arroz de terras altas. Para a síntese da população base foram realizadas as hibridações entre cinco genitores com florescimento precoce e quatro, de elevado potencial produtivo, em dialelo parcial, que resultaram em 19 subpopulações biparentais. O experimento das subpopulações de plantas F_2 foi conduzido na safra de 2017/18, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras(UFLA), quando 15 plantas de cada subpopulação foram selecionadas e colhidas individualmente para compor o conjunto de progênies $F_{2:3}$. Estas foram semeadas em Julho de 2018 na Embrapa Arroz e Feijão para avanço de geração até $F_{2:4}$. Os experimentos com as progênies $F_{2:4}$ foram conduzidos na safra de 2018/19, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da UFLA, e na Embrapa Arroz e Feijão. Ao todo, 152 progênies foram avaliadas, sendo oito progênies de cada uma dos 19 subpopulações e mais quatro testemunhas. O delineamento experimental adotado foi o alfa-látice triplo 12x13. Os dados dos caracteres número de dias para o florescimento (FLO) e produtividade de grãos (PROD) foram submetidos a análises estatísticas, dialélicas, de componentes principais e correlações, pelas quais constatou-se que os genitores BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, e BRSMG Caravera apresentaram maior capacidade geral de combinação (CGC) para o caráter e são recomendados para obtenção de populações de florescimento precoce. Foi possível a obtenção de progênies produtivas e precoces em 13 subpopulações.

Palavras-chave: *Oryza Sativa*. Dialelo. Capacidade de combinação.

ABSTRACT

The parents choice for the population synthesis is essential for the success of the recurrent selection method. The aim of this study was to build a base population, called UFLA-P1, and progenies evaluation of the cycle 0, aiming at beginning a recurrent selection program for the development of early flowering and grain yield upland rice lines. For the base population synthesis, hybridizations were carried out between five parents with early flowering and four with high grain yield potential, in partial diallel, which resulted in 19 biparental subpopulations. The F₂ population trial was performed in 2017/18 at the Center for Scientific and Technological Development in Agriculture from Federal University of Lavras (UFLA), 15 plants from each population were selected and harvested individually to compose the F_{2:3} population. The selected genotypes were sown in July 2018 at Embrapa Arroz e Feijão (Brazilian Agricultural Research Corporation) to advance the F_{2:3} population. The F_{2:4} population experiments were performed in 2018/19, at the Scientific and Technological Development Center in Agriculture, UFLA and Embrapa Arroz e Feijão. A total of 152 progenies were evaluated, eight progenies from each of the 19 crosses, plus controls, the experimental design used was triple alpha-lattice 12x13, totaling 468 parcels. The genotypes were evaluated and early flowering and grain yield data were subjected to statistical, diallel analysis, principal component analysis and correlation analysis; It was observed that the parents BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, and BRSMG Caravera showed higher general combining ability (GCA) for the trait and are recommended for obtaining early flowering populations. It was possible to obtain early flowering and high grain yield genotypes in 13 subpopulations.

Keywords: *Oryza Sativa*. Diallel. Combination ability.

1 INTRODUÇÃO

O desenvolvimento e recomendação de cultivares com alto potencial produtivo é uma demanda prioritária em um programa de melhoramento genético. A agricultura utiliza cerca de 70% dos recursos de água doce do mundo, e o arroz consome quase 80% dos recursos totais de água doce de irrigação (YANG, 2019, GOSAL *et al.*, 2009). As mudanças climáticas, a diminuição na disponibilidade de água no sistema de várzeas e a redução na área plantada de arroz irrigado, ocasionado pelo posicionamento da cultura da soja em terras baixas, evidenciam a importância do desenvolvimento de cultivares mais eficientes e produtivas no sistema de arroz de terras altas, contribuindo para a manutenção da segurança alimentar do país (SANDHU *et al.*, 2019; SNEYD, 2016).

A escassez da água ou seca em fases críticas, principalmente no período da floração, pode causar uma drástica redução da produtividade de grãos no arroz de terras altas (YANG *et al.*, 2019). Alternativas para contornar esse problema é a identificação de genótipos com florescimento precoce, visando evitar a emissão de panículas e fecundação das espiguetas em épocas com maior ocorrência de estiagens. Além disso, a obtenção de genótipos precoces e produtivos de arroz de terras altas contribuem para a utilização do arroz na segunda safra, inserindo a cultura no sistema de produção agrícola. Dessa forma, a obtenção de linhagens precoces oferece ao arroz uma viabilidade técnica e econômica altamente desejada no sistema agrícola (MORAIS *et al.*, 2014).

O número de dias para o florescimento, assim como a produtividade de grãos estão entre as características mais importantes no melhoramento genético de arroz. O caráter produtividade de grãos é influenciado por vários genes, apresentando um controle genético complexo e no caso de número de dias para o florescimento, o caráter é controlado por poucos genes, mas a interação gênica também pode influenciar sobremaneira a expressão fenotípica da característica (HORI *et al.*, 2016).

Uma boa estratégia para acumular alelos favoráveis, visto que a maioria dos caracteres de interesse agrônomo são controlados por vários genes e o sucesso em apenas um ciclo de seleção e recombinação é muito difícil, seria a realização da seleção recorrente. Esse método permite o aumento gradual da frequência de alelos favoráveis, sem reduzir a variabilidade genética da população (RAMALHO *et al.*, 2012). Trabalhos envolvendo a seleção recorrente na cultura do arroz podem ser encontrados na literatura (BRESEGHELLO *et al.*, 2009;

CORDEIRO; RANGEL, 2011; MORAIS JR. *et al.*, 2017; MORAIS JR. *et al.*, 2015) e observa-se ganhos em produtividade de grãos e em outras características desejáveis ao longo dos ciclos de seleção.

A constituição da população base no início do programa e a seleção dos genótipos adequados para recombinação é determinante para o sucesso da seleção recorrente ao longo do tempo (FREITAS *et al.*, 2012). A população base define as possibilidades com ganho de seleção e obtenção de genótipos superiores, pois os alelos que serão combinados para formar as gerações subseqüentes estão contidos dentro desta população inicial (PINHEIRO *et al.*, 2012).

Diversos avanços e tecnologias surgiram no melhoramento genético, porém para obter sucesso, os melhoristas ainda precisam aplicar métodos de melhoramento, num germoplasma adequado, para alcançar os objetivos certos (BRADSHAW, 2017). Diante do exposto, teve-se como objetivo a obtenção da população base e avaliação de progênies segregantes, visando a construção de um programa de seleção recorrente para obtenção de linhagens de florescimento precoce e produtivas de arroz de terras altas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição da área experimental

Os experimentos foram realizados em Lavras-MG, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA), com latitude de 21°14' 00" Sul, longitude de 45°00' 00" Oeste e altitude de 910 m; em Santo Antônio de Goiás-GO e Goianira-GO, na Embrapa Arroz e Feijão, respectivamente, com latitude de 16°28' 00" Sul, longitude de 49°17' 00" Oeste e altitude de 823 m; e com latitude 16° 26' 14" Sul, longitude 49° 23' 50" Oeste e altitude de 720 m.

2.2 Síntese da população base UFLA-P1

Para a síntese da população base UFLA-P1 foram realizadas hibridações entre cinco genitores de florescimento precoce e quatro, de elevado potencial produtivo, em esquema de dialelo parcial (TABELA 1), resultando em 19 subpopulações biparentais. As sementes F₁ oriundas de cada cruzamento foram semeadas em casa de vegetação para obtenção das subpopulações F₂. Os cruzamentos foram realizados em 2017, na Embrapa Arroz e Feijão, localizada em Santo Antônio do Goiás-GO, conforme processo descrito a seguir: A hibridação artificial consistiu na eliminação das espiguetas florescidas no terço superior e das imaturas no terço inferior de cada panícula. As espiguetas foram parcialmente cortadas e as anteras retiradas por sucção por bomba a vácuo. As panículas foram cobertas e identificadas. Panículas do parental doador, aptas para a polinização, foram selecionadas e colocadas em tubos plásticos com água. A polinização foi realizada posteriormente colocando a panícula com pólen dentro do saco de papel.

Tabela 2 – Genitores femininos e masculinos utilizados para síntese da população UFLA-P1 de seleção recorrente, em esquema de dialelo parcial.

Cruzamento	Subpopulação	Genitor Feminino	Genitor Masculino
1x6	CNAx20650	1.BRSMG Caçula	6. BRSMG Caravera
1x7	CNAx20651	1.BRSMG Caçula	7. CMG 2085
1x8	CNAx20652	1.BRSMG Caçula	8. CMG 1590
2x6	CNAx20653	2. CNAx16286-B-2-B-4	6. BRSMG Caravera
2x7	CNAx20654	2. CNAx16286-B-2-B-4	7. CMG 2085
2x8	CNAx20655	2. CNAx16286-B-2-B-4	8. CMG 1590
2x9	CNAx20656	2. CNAx16286-B-2-B-4	9. CMG 1896
3x6	CNAx20657	3. CNAx16286-B-2-B-5	6. BRSMG Caravera
3x7	CNAx20658	3. CNAx16286-B-2-B-5	7. CMG 2085
3x8	CNAx20659	3. CNAx16286-B-2-B-5	8. CMG 1590
3x9	CNAx20660	3. CNAx16286-B-2-B-5	9. CMG 1896
4x6	CNAx20661	4. CNAx16286-B-2-B-6	6. BRSMG Caravera
4x7	CNAx20662	4. CNAx16286-B-2-B-6	7. CMG 2085
4x8	CNAx20663	4. CNAx16286-B-2-B-6	8. CMG 1590
4x9	CNAx20664	4. CNAx16286-B-2-B-6	9. CMG 1896
5x6	CNAx20665	5. BRSMG Relâmpago	6. BRSMG Caravera
5x7	CNAx20666	5. BRSMG Relâmpago	7. CMG 2085
5x8	CNAx20667	5. BRSMG Relâmpago	8. CMG 1590
5x9	CNAx20668	5. BRSMG Relâmpago	9. CMG 1896

Fonte: Da autora (2021).

2.3 Subpopulações F₂

O experimento das subpopulações F₂ foi conduzido na safra de 2017/18 no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária, UFLA, Lavras-MG. Foram conduzidos 20 blocos, 19 respectivos a cada subpopulação, mais um bloco da cultivar BRSMG Caçula utilizada como controle fenotípico para florescimento precoce. Os blocos foram constituídos por 10 linhas de 8m e espaçamento de 0,40m entre linhas, com área útil de 32m² por bloco. As sementes foram semeadas individualmente, com espaçamento de cerca de 12 cm entre elas, de forma a permitir a seleção de plantas individuais. Foram semeadas cerca de 8 plantas/m² totalizando cerca de 640 plantas por subpopulação, e cerca de 12 mil plantas no total.

As plantas que emitiram as primeiras panículas de cada população foram identificadas à campo e as 15 plantas mais precoces e consideradas fenotipicamente superiores de cada bloco foram colhidas individualmente e selecionadas para compor as progênes F_{2:3}.

2.4 Progênes F_{2:3}

As 285 progênes F_{2:3} selecionados foram semeadas em julho de 2018 na Estação Experimental Palmital, em Goianira-GO, pertencente a Embrapa Arroz e Feijão, em telado de campo com irrigação por inundação. A parcela foi constituída de 1 linha de 5m de comprimento e espaçamento de 0,25 m (4 plantas/m), sendo a área útil de 1,25 m². O número de dias para o florescimento e a produtividade de grãos das progênes foram avaliadas, de modo que as oito mais produtivas e precoces de cada subpopulação foram avançadas para compor o conjunto de progênes F_{2:4}.

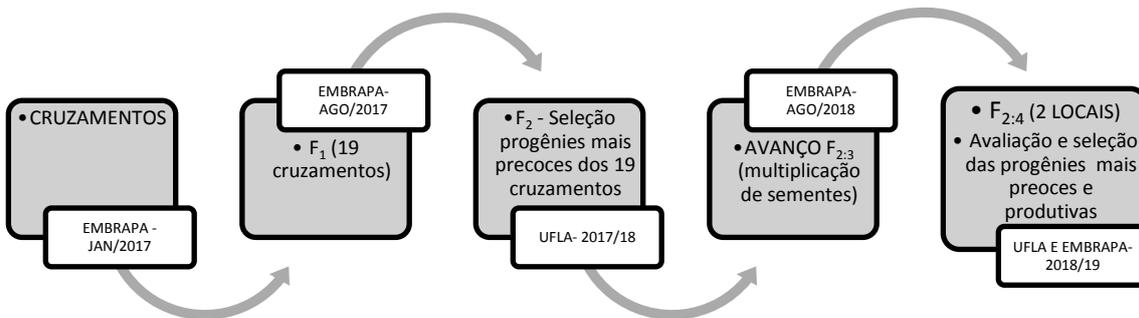
2.5 Progênes F_{2:4}

Os experimentos com o conjunto de progênes F_{2:4} da população UFLA-P1 foram conduzidos na safra de 2018/19, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária, Lavras-MG e na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio do Goiás-GO. Ao todo, 152 progênes foram avaliadas, das quais oito pertenciam a cada uma das 19 subpopulações, juntamente com as seguintes testemunhas: BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, CMG 1590 e BRS Esmeralda.

O delineamento experimental adotado foi alfa-látice triplo 12x13. Em Lavras-MG, as parcelas foram constituídas de 2 linhas de 2m de comprimento, espaçadas de 0,40 m, sendo a área útil de 1,6m² e densidade de semeadura de 60 sementes/m. Em Santo Antônio do Goiás-GO, as parcelas foram constituídas de 4 linhas de 3m de comprimento, espaçadas de 0,35m, com área útil de 2,1m² e densidade de semeadura de 60 sementes/m. Os tratos culturais foram os mesmos recomendados para a cultura do arroz de terras altas.

Na Figura 1 está apresentado o esquema para obtenção das progênes do Ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1 para florescimento precoce e produtividade de grãos em arroz de terras altas.

Figura 1 – Esquema para obtenção das progênes F_{2:4} do Ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1 para florescimento precoce e produtividade de grãos em arroz.



Fonte: Da autora (2021)

2.6 Caracteres Avaliados

Os caracteres número de dias para o florescimento e produtividade de grãos, foram avaliados da seguinte forma:

- I. Número de dias para o florescimento: número de dias decorridos do plantio até quando 50% das plantas da parcela emitiram panículas; e
- II. Produtividade de grãos: em gramas por parcela, ajustadas para kg.ha⁻¹, referentes à área útil da parcela.

2.7 Análise estatística dos dados

Os dados referentes às avaliações das progêneses $F_{2:4}$ foram submetidos à análise estatística, via *procglm* do aplicativo estatístico SAS® 9.4 (Statistical Analysis System - SAS Institute, 2020), conforme modelo misto a seguir (COCHRAN; COX, 1966):

$$y_{ijklm} = \mu + a_l + r_{j/l} + b_{k/jl} + t_m + g_{i/m} + g_{ail} \quad (1)$$

Em que:

- y_{ijklm} é a observação do genótipo i (progênie ou testemunha) pertencente ao tipo m , na repetição j , no bloco k , no ambiente l ;
- μ é a constante inerente a todas as observações;
- a_l é o efeito aleatório de ambiente l ($L = 2$), assumindo $a_l \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_a^2)$;
- $r_{j/l}$ é o efeito aleatório de repetição j ($J = 3$), dentro do ambiente l , assumindo $r_{j/l} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_r/a^2)$;
- $b_{k/jl}$ é o efeito aleatório de bloco k ($k = 1, 2, \dots, K$), dentro da repetição j , do ambiente l , assumindo $b_{k/jl} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_b/ra^2)$;
- t_m é o efeito fixo de tipo m ($N = 1, 2, 3, \dots, 23$) sendo quatro testemunhas e 19 grupos de progêneses $F_{2:4}$ de cada subpopulação);
- $g_{i/m}$ é o efeito fixo do genótipo i dentro do tipo m ($i = 1, 2, \dots, I$, sendo $I = P+T$, em que P é o número de progêneses $F_{2:4}$ e T o número de testemunhas);
- g_{ail} é o efeito aleatório das interações genótipos x ambientes, assumindo $g_{ail} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_g a^2)$;
- t_{alm} é o efeito aleatório da interação tipos x ambientes, assumindo $t_{alm} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_t a^2)$; e
- ε_{ijklm} é o erro experimental associado à observação Y_{ijklm} , assumindo independente e identicamente distribuído, sob $N \cap (0, \sigma^2)$.

Procedeu-se a análise dialélica segundo o modelo IV de Griffing (1956), utilizando-se o software Genes (CRUZ, 2001). A análise dialélica foi realizada de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijl} = m + a_l + g_i + g_j + s_{ij} + (ag)_{il} + (ag)_{jl} + (as)_{ijl} + e_{ijl} \quad (2)$$

em que:

Y_{ijl} : observação referente à combinação híbrida ij , no ambiente l ;

m : é a média geral;

a_l : é o efeito fixo de ambiente l , $l = 1, 2$;

g_i : é o efeito fixo da capacidade geral de combinação do i -ésimo genitor ($i = 1, 2, 3, 4, 5$) do grupo 1;

g_j : é o efeito fixo da capacidade geral de combinação do j -ésimo genitor ($j = 1, 2, 3, 4, 5$) do grupo 2;

s_{ij} : é o efeito fixo da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre genitores de ordem i e j ;

$(ag)_{il}$, $(ag)_{jl}$: é o efeito fixo da interação das capacidades gerais de Combinações x ambientes;

$(as)_{ijl}$: é o efeito fixo da interação capacidades específicas de combinações x ambientes;

e_{ijl} : é o erro experimental.

As análises dos componentes principais (PCA) foram realizadas pela matriz de variância e covariância utilizando o software PAST® , versão 2.16 (HAMMER; HARPER; RYAN, 2001) antes de serem submetidos a análise, os dados foram padronizados utilizando o método do índice Z (NUNES *et al.*, 2005). A análise de correlação de Pearson entre os caracteres produtividade de grãos e número de dias para o florescimento também foi realizada utilizando o software PAST®.

3 RESULTADOS

O coeficiente de variação (CV%) do caráter produtividade de grãos (PROD) foi de 17,6%, indicando uma boa precisão experimental (TABELA 3). Para o caráter número de dias para o florescimento (FLO) o CV% foi de 2,62%, um resultado que demonstra uma precisão experimental muito alta para esse caráter, com o delineamento experimental adotado, cultura e tamanho das parcelas (COSTA *et al.*, 2002)

A acurácia seletiva também foi estimada, e o resultado foi de 66% para PROD indicando que a precisão foi moderada. Para FLO a acurácia seletiva foi de 92,5% demonstrando que a precisão foi muito alta (RESENDE; DUARTE, 2007), o que demonstra confiabilidade no valor genotípico que está sendo estimado, propiciando uma seleção eficiente de genótipos precoces.

Observa-se que houve diferença significativa ($p \leq 0,01$) para PROD e também para FLO ($p \leq 0,05$), para o efeito de blocos dentro de repetições e ambientes. Isto demonstrou que o uso de maior controle local no delineamento experimental foi adequado e eficaz para melhor precisão experimental.

Para PROD, foram também altamente significativos as interações gen x ambiente e gen x tipo, fato que indica que o comportamento dos genótipos não foram coincidentes nos ambientes. No caso de FLO, o comportamento dos genótipos também diferiram significativamente entre locais ($p \leq 0,01$) e houve interação ambiente x tipo, porém a interação tratamento x ambiente não foi significativa.

O efeito de tipo, composto pelas 19 subpopulações e as 4 testemunhas (BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, CMG 1590 e BRS Esmeralda), foi altamente significativo para PROD e FLO, indicando que pelo menos um contraste entre médias das populações e/ou testemunhas diferiu de zero. Houve também significância ($p \leq 0,01$) para genótipos dentro de tipo, para ambos os caracteres, demonstrando, a princípio, a ocorrência de variabilidade entre as progênes avaliadas, fator essencial para a seleção fenotípica.

Na Figura 2, encontra-se a distribuição das médias dos tratamentos para PROD. Os valores variaram de 2.803 kg ha⁻¹ a 5.425kg ha⁻¹, sendo a média nos dois locais de 4.258kg ha⁻¹, confirmando a presença de uma alta variabilidade e elevadas estimativas do caráter na população.

Em relação a distribuição das média das subpopulações (FIGURA 2), a PROD variou de 3.780kg ha⁻¹ a 4.890kg ha⁻¹, estando a maioria das populações entre 4.000 kg ha⁻¹ a 4.500 kg ha⁻¹, demonstrando bons valores de PROD para arroz de terras altas.

Para FLO, a média dos tratamentos foi de 86 dias. Na Figura 2 encontra-se a distribuição das médias de todos os tratamentos. Observa-se que também houve uma alta variação para esse caráter, com genótipos apresentando valores 78 a 93 dias para FLO. Na distribuição das médias das populações (FIGURA 2) também houve uma alta variação, com valores entre 81 e 91 dias.

Foi realizada as análises e estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), que fornecem informações úteis sobre o desempenho dos genitores e as combinações realizadas. Não foram observadas diferenças significativas para CGC e CEC para PROD (TABELA 5) indicando que os genitores não diferiram para o caráter em questão.

No caso de FLO, não houve diferença significativa para CEC, mas para CGC a diferença foi significativa. Estão apresentadas na Tabela 5 as estimativas de CGC, observa-se que os genitores que se destacaram para diminuição do FLO foram os genitores BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago e BRSMG Caravera, enquanto os demais genitores do grupo produtivo CMG 1590, CMG 1896 e as linhagens CNAX16286-B-2-B-4, CNAX16286-B-2-B-5, CNAX16286-B-2-B-6 do grupo precoce apresentaram estimativas superiores a zero para CGC, indicando que esses genótipos contribuíram para o aumento do FLO.

Como o intuito do trabalho foi a seleção de genótipos que reúnam florescimento precoce e elevada produtividade de grãos, realizou-se a análise de componentes principais (PCA) para melhor visualização e identificação dos mesmos. Em relação ao comportamento das progênies, o primeiro componente principal (PC1) explicou 52.3% da variação e está positivamente correlacionado com FLO nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG), como pode ser observado na Figura 3, indicando que o comportamento dos genótipos foram similares nos dois ambientes. O segundo componente (PC2) contribui com 21.8% da variação e foi altamente correlacionado com PROD em SAG, enquanto o terceiro componente contribui com 18.8% da variação e está correlacionado com PROD em LAV (FIGURA 4).

Em relação às subpopulações (FIGURA 5 e 6), observa-se o mesmo comportamento. O primeiro componente (PC1) explicou 57,7% da variação e está positivamente correlacionado com FLO em ambos ambientes, o segundo componente (PC2) contribui com 25,5% da variação,

o terceiro (PC3) com 15,4%, estando correlacionados com o ambiente de SAG e LAV, respectivamente.

De acordo com os resultados das análises de componentes principais das progênes e das populações, observa-se que, em ambos os casos, os genótipos mais precoces se encontram no mesmo quadrante dos mais produtivos em LAV, porém, isto não foi observado em SAG, onde os genótipos mais precoces não foram os mais produtivos.

Esse resultado pode ser observado, também, nas Figuras 7 e 8, que apresentam os resultados da correlação de Pearson dos caracteres entre as progênes e as populações, respectivamente. Os quadrantes preenchidos indicam correlação significativa entre os caracteres ($p \leq 0,05$) e pode-se notar que houve correlação negativa e significativa entre PROD e FLO no ambiente de LAV entre as progênes e também as populações, confirmando que os genótipos precoces foram os mais produtivos nesse ambiente.

No ambiente de SAG a correlação não foi significativa para PROD e FLO, para progênes e subpopulações (FIGURAS 7 e 8). Porém, a correlação foi significativa e positiva entre FLO em SAG e a PROD em LAV, demonstrando que os genótipos mais produtivos em SAG foram os mais tardios em LAV.

A correlação foi alta e positiva ($p \leq 0,05$) para FLO entre os ambientes, para as progênes e as subpopulações (FIGURAS 7 e 8) demonstrando que os genótipos mais precoces foram os mesmos nos dois locais, isso também pode ser observado na análise de PCA, o qual os vetores estão aproximados e no mesmo quadrante em todos os gráficos.

A correlação foi negativa, mas não foi significativa na média dos ambientes para as populações (FIGURA 10), demonstrando que nem todas populações produziram genótipos precoces e produtivos. No entanto, a correlação foi negativa e significativa entre PROD e FLO entre as progênes na média dos ambientes (FIGURA 9), indicando que há genótipos que foram precoces e produtivos em ambos os locais.

Treze populações foram eficientes para obtenção de genótipos precoces e produtivos em ambos os ambientes. Com base nos resultados, na Tabela 7 estão apresentadas as porcentagens de contribuição de cada genitor no próximo ciclo de seleção.

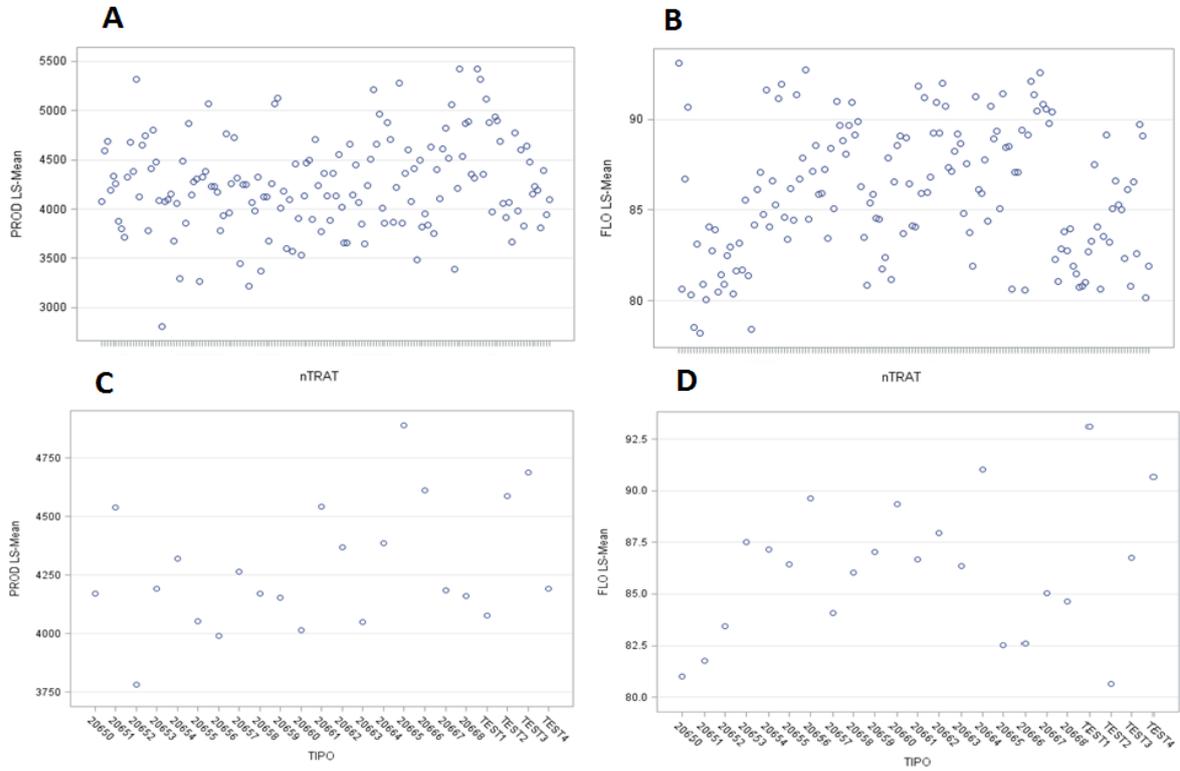
Tabela 3 – Resumo da análise de variância conjunta para os caracteres produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias), dos tratamentos (progênes F_{2:4} e testemunhas) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD (kg ha ⁻¹)	FLO (Dias)
Ambiente (A)	1	1.113.921.385**	162,81**
Repetição (R)/A	4	30.693.378**	124,88**
Bloco/R/A	66	13.36.401**	7,88*
Tipo	22	2.433.582**	292,1**
Genótipo (G)/Tipo	133	1.013.472**	35,65**
G/Tipo x A	133	907.537**	5,27 ^{ns}
Tipo x A	22	3.456.855**	26,94**
Erro	551	562.044**	5,11
CV(%)		17,60	2,62
Acurácia (%)		66,0	92,5
Média geral		4.258	86

^{ns}- não significativo; *- significativo a 5%; **- significativo a 1%

Fonte: Da autora (2021).

Figura 2 – Distribuição das médias ajustadas do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1. A: 152 progênies $F_{2:4}$ e testemunhas para o caráter produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}); B: 152 progênies $F_{2:4}$ e testemunhas para o caráter número de dias para o florescimento (FLO, em dias); C: 19 subpopulações e testemunhas para o caráter produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}); D: 19 subpopulações e testemunhas para o caráter número de dias para o florescimento (FLO, em dias)



Fonte: Da autora (2021).

Tabela 4 – Resumo das análises dialélicas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) das progênes F_{2:4} do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.

FV	GL	QUADRADO MÉDIO	
		PROD (kg/ha)	FLO (Dias)
Subpopulação (S)	18	287.086 ^{ns}	12,65**
CGC I	4	160.678 ^{ns}	31,72**
CGC II	3	566.863 ^{ns}	16,93**
CEC	12	235.353 ^{ns}	4,18 ^{ns}
Ambiente (A)	1	166.970.705**	34,99 ^{ns}
S x A	18	1.733.012**	6,21 ^{ns}
CGC I x A	4	1.719.463 ^{ns}	8,84 ^{ns}
CGC II x A	3	250.924**	5,51 ^{ns}
CEC x A	12	1.608.051**	5,51 ^{ns}
Erro	551	562.044	5,11

CGC 1, capacidade geral de combinação do grupo 1; CGC 2, capacidade geral de combinação do grupo 2; CEC, capacidade específica de combinação.

^{ns}- não significativo; *- significativo a 5%; **- significativo a 1%

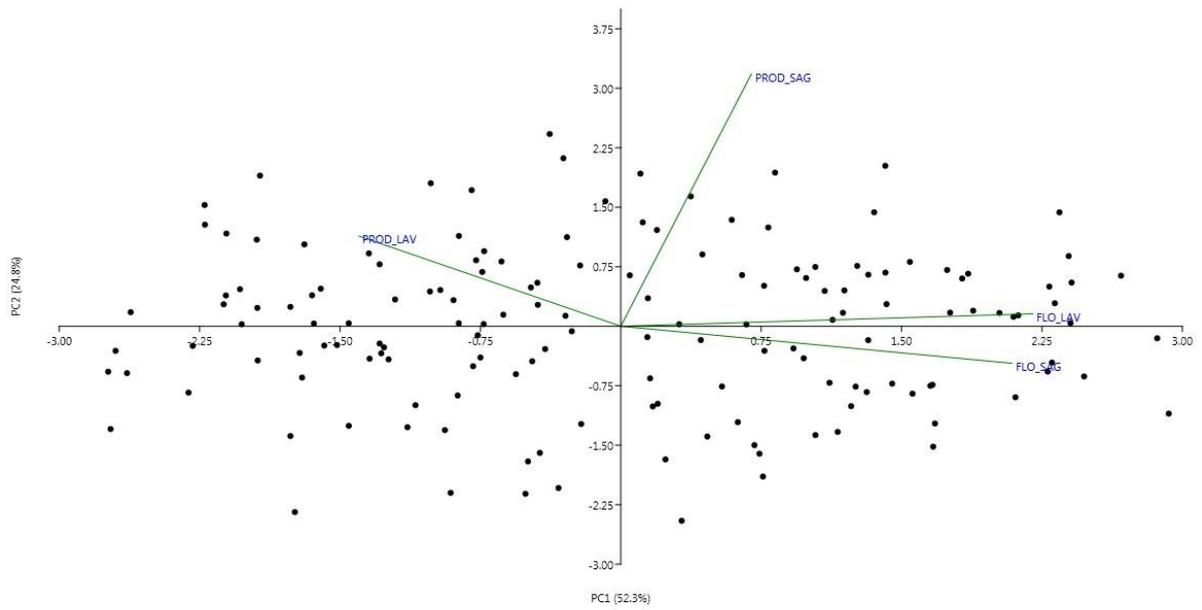
Fonte: Da autora (2021).

Tabela 5 – Efeito da capacidade geral de combinação (CGC) para produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) das progênies F_{2:4} do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.

Genitor	PROD (kg ha ⁻¹)	FLO (Dias)
PRECOCES		GRUPO I
1. BRSMG Caçula	-619,0	-5,316
2. CNAx16286-B-2-B-4	71,2	2,579
3. CNAx16286-B-2-B-5	-886,3	3,579
4. CNAx16286-B-2-B-6	369,7	14,579
5. BRSMG Relâmpago	1064,3	-15,421
PRODUTIVAS		GRUPO II
6. BRSMG Caravera	1862,1	-11,526
7. CMG 2085	771,7	-0,526
8. CMG 1590	-1973,7	2,474
9. CMG 1896	-660,1	9,579

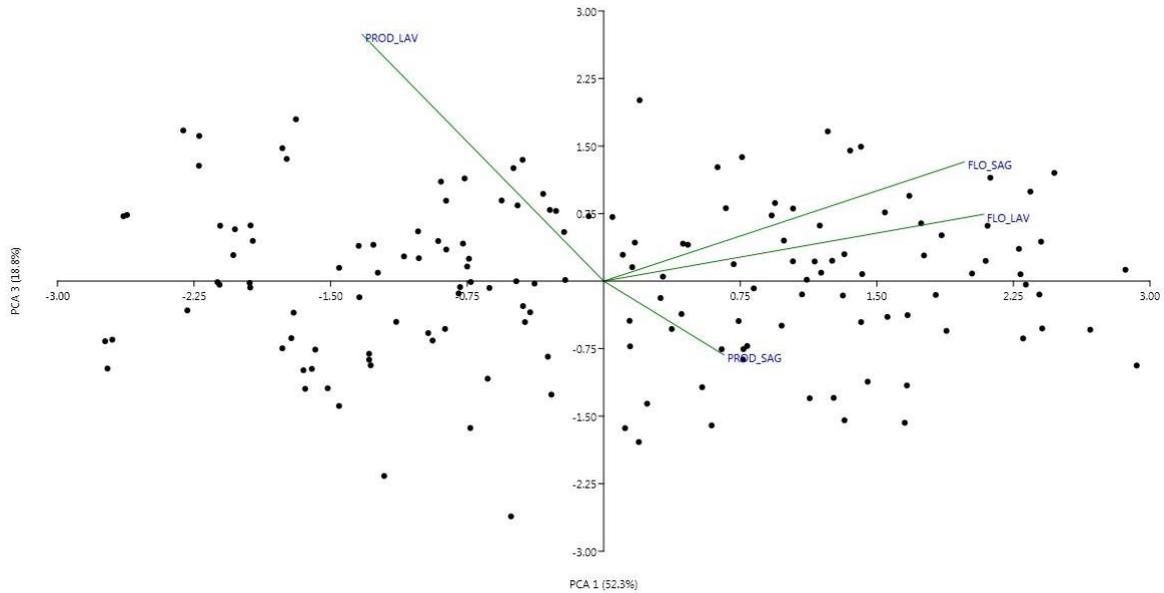
Fonte: Da autora (2021).

Figura 3 – Análise de componentes principais (PCA 1-2) das 152 progênes $F_{2:4}$ e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.



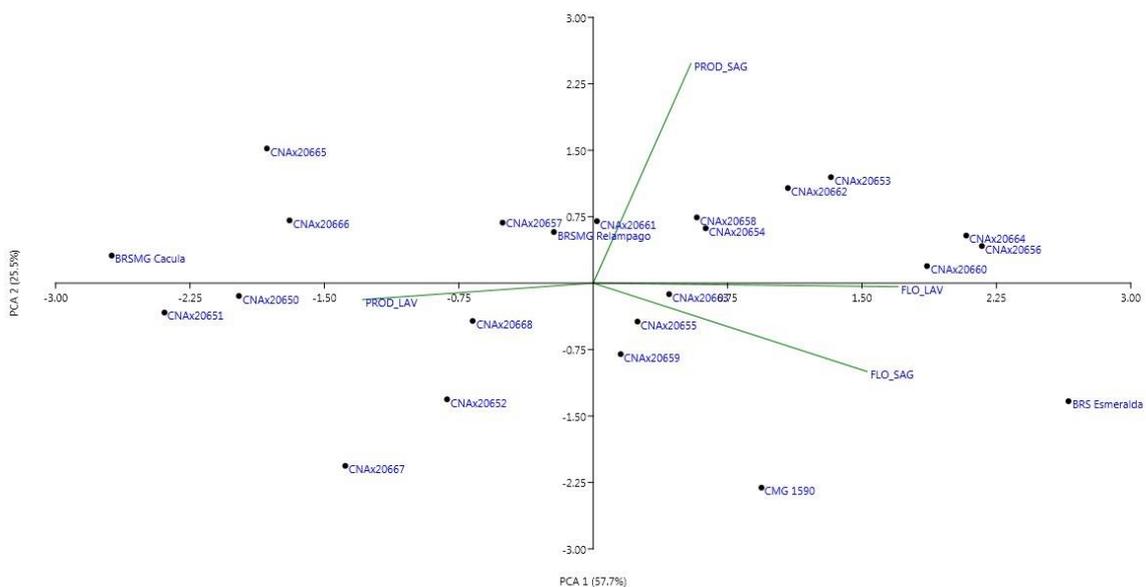
Fonte: Da autora (2021).

Figura 4 – Análise de componentes principais (PCA 1-3) das 152 progênie $F_{2:4}$ e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.



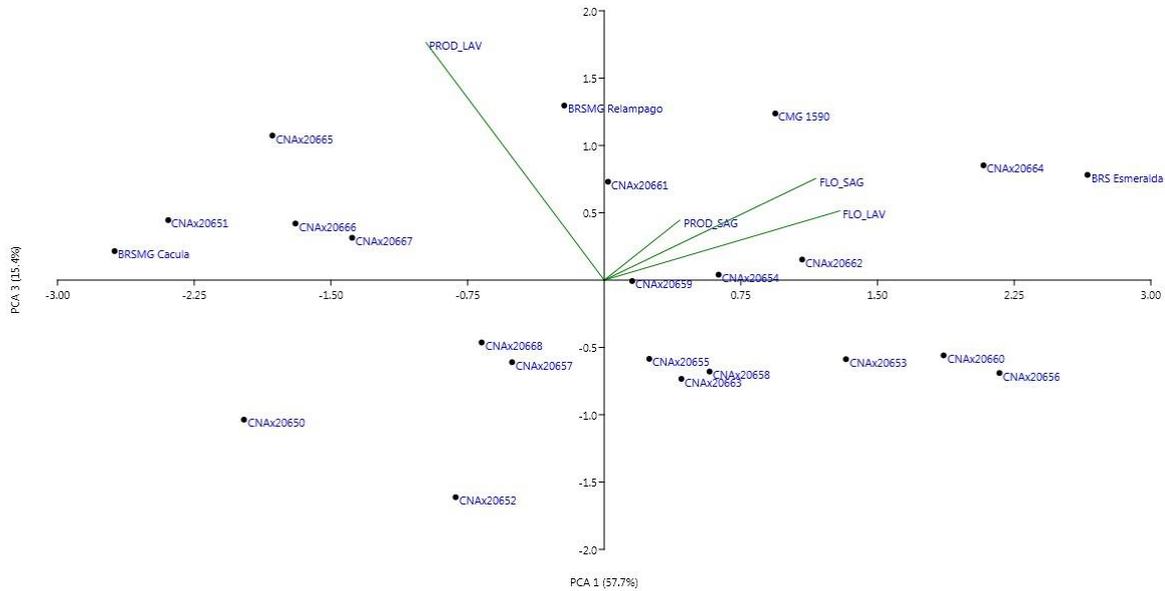
Fonte: Da autora (2021).

Figura 5 – Análise de componentes principais (PCA 1-2) das 19 subpopulações e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.



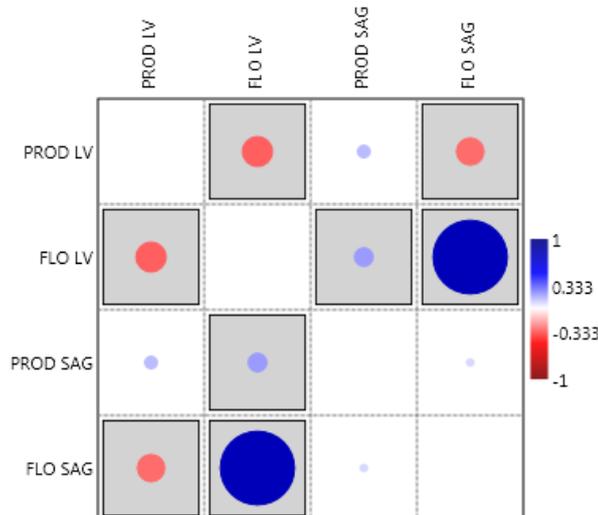
Fonte: Da autora (2021).

Figura 6 – Análise de componentes principais (PCA 1-3) das 19 subpopulações e testemunhas para produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.



Fonte: Da autora (2021).

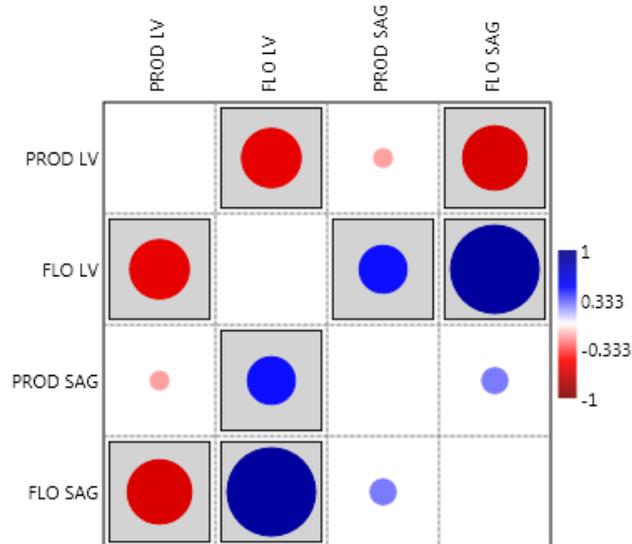
Figura 7 – Correlações de Pearson das 152 progênieF_{2:4} para produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.



Quadrante cinza: significativo a 5% de probabilidade

Fonte: Da autora (2021).

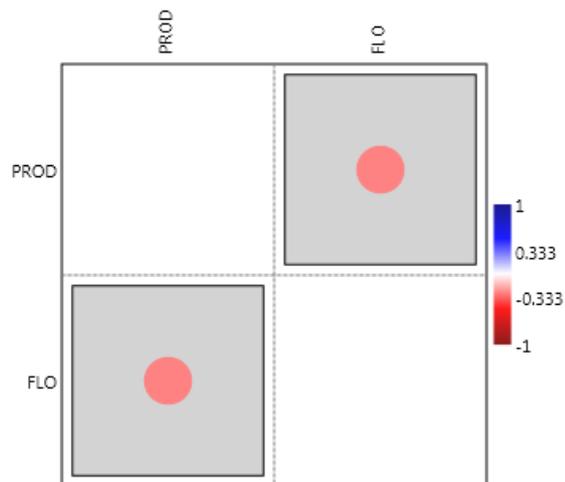
Figura 8 – Correlações de Pearson das 19 subpopulações para produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) nos ambientes de Lavras (LAV) e Santo Antônio do Goiás (SAG) do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.



Quadrante cinza: significativo a 5% de probabilidade

Fonte: Da autora (2021).

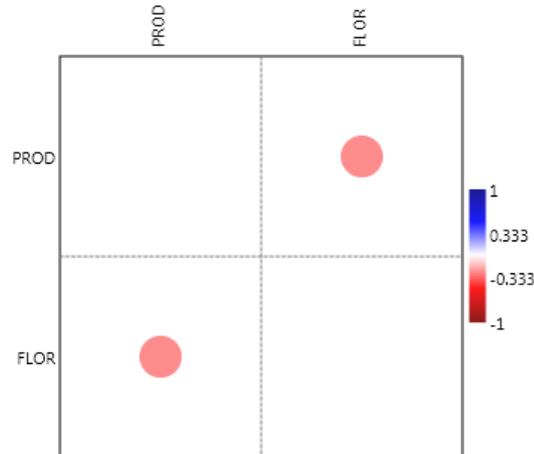
Figura 9 – Correlação de Pearson das 152 progênies $F_{2.4}$ para produtividade de grãos (PROD, em kg ha^{-1}) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) da média dos ambientes do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA-P1.



Quadrante cinza: significativo a 5% de probabilidade

Fonte: Da autora (2021).

Figura 10 – Correlações de Pearson das 19 subpopulações para produtividade de grãos (PROD, em kg ha⁻¹) e número de dias para o florescimento (FLO, em dias) da média dos ambientes do ciclo 0 de seleção recorrente da população UFLA- P1.



Quadrante cinza: significativo a 5% de probabilidade

Fonte: Da autora (2021).

Tabela 6 – Porcentagem de contribuição de alelos dos genitores no ciclo I de seleção recorrente da população UFLA-P1, visando florescimento precoce e elevada produtividade de grãos em arroz de terras altas.

Genitores	CMG 1896	CMG 1590	CMG 2085	BRSMG Caravera	%
BRSMG Caçula		1x8	1x7	1x2	10,71
CNAx16286-B-2-B-4			2x7	2x6	7,14
CNAx16286-B-2-B-5			3x7	3x6	7,14
CNAx16286-B-2-B-6		4x8		4x6	7,14
BRSMG Relâmpago	5x9	5x8	5x7	5x6	17,85
				5x6	
%	3,57	10,71	14,28	21,42	

Fonte: Da autora (2021).

4 DISCUSSÃO

A maior porcentagem da produção de arroz no Brasil é proveniente do ecossistema de várzeas (inundado), onde a orizicultura irrigada é responsável por cerca de 89% da produção nacional, sendo 40% da água captada para irrigação destinada ao arroz irrigado (CONAB, 2020; 2021). Porém, a diminuição da área plantada de arroz irrigado no País, em detrimento do posicionamento da cultura da soja em terras baixas, as exigências de um uso mais sustentável de água na agricultura e a importância da cultura do arroz na segurança alimentar do Brasil, evidenciam a necessidade de desenvolvimento de cultivares de arroz de terras altas que possam ser inseridos no sistema de produção atual do País, visando manter a oferta interna do cereal.

O desenvolvimento e recomendação de cultivares com alto potencial produtivo é uma demanda prioritária em um programa de melhoramento genético. No caso do arroz de terras altas, a precocidade também apresenta relevância devido à sensibilidade da planta de arroz em relação à falta de água durante o florescimento. Essa fase de desenvolvimento da planta, correspondente a R2, R3 e R4, ocorre em janeiro, mês em que há grandes chances de ocorrer veranicos na região Sudeste e Centro Oeste. Sendo assim, quanto mais precoce as plantas emitirem panículas, mais favorável será para o desempenho superior do genótipo. Além do fato da linhagem permanecer um menor período de tempo exposta aos estresses bióticos e abióticos no campo (SOARES *et al.*, 2005).

Outro fator que demonstra a importância na seleção, desenvolvimento e recomendação de cultivares precoces, é que a utilização destes possibilitam e garantem um maior sucesso de duas culturas no mesmo ano agrícola, contribuindo para a implementação do sistema de produção da lavoura. Com a consolidação da soja na primeira safra, o desenvolvimento de cultivares produtivas e precoces de arroz de terras altas é de extrema importância para inserção da cultura no sistema de produção agrícola e contribuir para manter os estoques da cultura, uma vez que o arroz é considerado base da alimentação diária do País. Seja para o plantio da cultura na primeira safra ou na segunda safra, a característica precocidade oferece ao arroz uma viabilidade técnica e econômica altamente desejada no sistema agrícola (MORAIS *et al.*, 2014).

A escolha de genitores para a síntese de populações segregantes promissoras é etapa crucial nos programas de melhoramento, pois dela depende o sucesso das etapas subsequentes no desenvolvimento de linhagens superiores (VALE *et al.*, 2015). Com base nisso, para compor os genitores foram escolhidas cultivares de florescimento precoce de arroz de terras altas:

BRSMG Relâmpago (SOARES *et al.*, 2010), BRSMG Caçula (SOARES *et al.*, 2013), visando a inserção de alelos favoráveis para o caráter número de dias para o florescimento e melhoria na média da população, assim como progênies segregantes de bom desempenho do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Universidade Federal de Lavras, para inserir variabilidade na população.

Para possibilitar o acúmulo de alelos favoráveis para produtividade de grãos foram utilizadas cultivares com elevadas estimativas desse caráter, como BRSMG Caravera (SOARES *et al.*, 2008) e genótipos que apresentaram bom desempenho nos experimentos do programa de melhoramento de arroz de terras altas para produtividade de grãos e demais caracteres desejáveis no desenvolvimento de genótipos superiores de arroz, como tolerância ao acamamento, resistência às principais doenças e qualidade de grãos.

Com o intuito de avaliar os genitores com maior capacidade de combinação, complementares e capazes de originarem populações mais precoces e produtivas, optou-se por um dialelo parcial de forma a explorar um maior número de cruzamento, identificar as melhores combinações e selecionar as subpopulações que se destacaram na obtenção de genótipos precoces e produtivos para compor o próximo ciclo de seleção da população. Neste contexto, os cruzamentos dialélicos foi uma boa alternativa na seleção de genitores e, em particular, os dialelos parciais, quando o objetivo é reunir fenótipos favoráveis que se encontram em grupos distintos de genitores (VALE *et al.*, 2015).

Utilizando-se o dialelo parcial foram obtidas 19 subpopulações e a média geral para PROD foi de 4.258kg ha⁻¹. Cerca de 60% dos genótipos apresentaram PROD superior a média da testemunha BRS Esmeralda, cultivar atual e produtiva no mercado, demonstrando a presença de genótipos superiores para o caráter.

No caso do FLO, que representa os dias decorridos do plantio até o início do florescimento (fase R4), de acordo com Barros *et al.* (2018), os ganhos genéticos para número de dias para florescimento nos programas de melhoramento de arroz de terras altas no Brasil tem sido baixos ou quase nulos nos últimos anos, visto que as cultivares apresentam valores em uma amplitude adequada para a característica.

A média para FLO foi de 85 dias, no presente trabalho, todos os genótipos apresentaram número de dias para o florescimento igual ou menor que a cultivar BRS Esmeralda, demonstrando que as progênies se encontram em uma amplitude adequada. Contudo, como o intuito é a obtenção de cultivares de florescimento precoce, 57% das progênies apresentaram

florescimento em um número de dias menor ou igual a BRSMG Relâmpago, cultivar precoce (SOARES *et al.*, 2008) e 20% das progênies obtiveram FLO menor ou igual a cultivar BRSMG Caçula que é a cultivar mais precoce de arroz de terras altas, atualmente, recomendada no mercado (SOARES *et al.*, 2013). Os resultados obtidos de PROD e FLO demonstram a presença de genótipos precoces e também produtivos nas subpopulações, evidenciando o sucesso da escolha dos genitores para a síntese da população UFLA-P1.

A alta variância obtida entre as subpopulações, para os caracteres PROD e FLO é desejável, pois evidencia a variabilidade genética entre as subpopulações (RAMALHO *et al.*, 2012) com possibilidade de ruptura de blocos gênicos com os sucessivos ciclos de recombinação que a população virá a ter. Detectou-se significância entre as progênies para ambos caracteres, demonstrando que há variabilidade para a seleção entre as progênies avaliadas, evidenciando, novamente, um possível sucesso na obtenção de genótipos produtivos e precoces.

A variabilidade oriunda dos genitores pode também ser observada com as estimativas da capacidade de combinação. As estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) proporcionam informações relacionadas a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos e têm sido úteis na recomendação de genitores superiores. A capacidade específica de combinação (CEC) evidencia as combinações que se mostram relativamente melhores ou piores com base na média dos genitores do referido híbrido e está associada aos efeitos basicamente não-aditivos, como dominância e epistasia (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As estimativas de CGC foram significativas para FLO, indicando a presença de genitores com maior frequência de alelos favoráveis (RAMALHO *et al.*, 2012). Os valores negativos e mais distantes de zero são indicativos de uma CGC desejável para o caráter, visto que o objetivo é a diminuição do número de dias para o florescimento. Observa-se na Tabela 3 que os genitores BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, e BRSMG Caravera se destacaram, demonstrando alta incidência de alelos favoráveis e melhor performance em combinações híbridas para precocidade.

A cultivar BRSMG Caravera apesar de estar incluída no grupo dos genitores produtivos do dialelo parcial, também apresentou média alta para o caráter FLO. A cultivar CMG 2085, também do grupo dos genitores produtivos, apresentou estimativa próxima a zero e pode-se inferir que o genitor praticamente não diferiu seu comportamento da média geral dos outros

cruzamentos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dessa forma, é possível inferir que o genitor possui uma quantidade menor de alelos favoráveis que contribuem para a diminuição do FLO.

Os demais genitores do grupo produtivo CMG 1590, CMG 1896 e os genitores CNAX16286-B-2-B-4, CNAX16286-B-2-B-5, CNAX16286-B-2-B-6 do grupo precoce apresentaram estimativas superiores a zero para CGC, demonstrando que seus alelos favoreceram o aumento do caráter FLO, não sendo eficientes para obtenção de genótipos de florescimento precoce. Quando se deseja reduzir a média do caráter, pelo menos um dos genitores deve apresentar valor negativo de CGC (KRAUSE *et al.*, 2012). Portanto, a participação de progênes oriundas desses genitores será menor no próximo ciclo de seleção.

Os cruzamentos dialélicos constituem uma estratégia apropriada na obtenção de genótipos superiores de arroz, a identificação dos genitores que promovem melhores combinações híbridas contribuem para o sucesso das próximas recombinações realizadas no programa de melhoramento (BASSUONY; ZSEMBELI, 2020). A importância da CGC pode ser verificada em outros cruzamentos em arroz, o qual observou-se que para o sucesso do cruzamento de *O. Sativa* e *O. Longistaminata* é essencial a utilização de uma cultivar de *O. Sativa* com alta CGC (FAN *et al.*, 2020).

Os resultados obtidos na CGC para FLO condizem com o desempenho dos genótipos e das populações. Observa-se que os cruzamentos que se destacaram em relação a florescimento precoce (1x6, 1x7, 1x8, 5x6, 5x7), possuem pelo menos um dos pais com melhores estimativas de CGC, demonstrando que esses genitores contribuíram com alelos favoráveis, causando diminuição no FLO nessas subpopulações. Enquanto os cruzamentos com genitores de piores estimativas de CGC apresentaram genótipos tardios, indicando que seus alelos contribuíram para o aumento do caráter (2x9, 3x9, 4x9).

A capacidade de combinação como uma ferramenta de análise, além de ser útil na seleção de genitores favoráveis, também fornece informações sobre a natureza e a importância dos efeitos do gene que influenciam as características quantitativas e garantem um ganho de seleção consistente na seleção recorrente em arroz (FASAHAT *et al.*, 2016; MULBAH *et al.*, 2015). No presente trabalho, não houve diferenças significativas nas estimativas da CEC, sugerindo que nas subpopulações estudadas os efeitos aditivos foram predominantes do que os efeitos não aditivos para número de dias até o florescimento, os efeitos aditivos são essenciais

para o sucesso de um programa de seleção recorrente, visto que são fixáveis e transmitidos de uma geração a outra (BERNARDO, 2010).

Na realização de análise dialélica em arroz para investigar o controle genético de caracteres agronômicos de produtividade aliadas à tolerância ao frio, verificaram-se a presença de efeitos aditivos e não aditivos para os caracteres agronômicos avaliados, porém foi observado que os efeitos aditivos foram mais importantes para todos os caracteres, incluindo número de dias para o florescimento (TORRES; GERALDI, 2007).

No caso da CEC, a não significância dos seus efeitos pode ser resultante da pequena contribuição dos efeitos de dominância para expressão do caráter nas geração analisada, a qual a heterose é reduzida a $1/8$ (F_4) do seu valor inicial. Pimentel *et al.* (2013) também não observou significância na CEC trabalhando com análise dialélica em gerações avançadas em trigo, porém, também verificou que análises dialélicas em gerações avançadas não apresentam desvantagem devido a isso, ao contrário, elas demonstram ser mais confiáveis. Pois a CGC apresenta-se consistente ao longo das gerações e a análise dialélica parcial em gerações avançadas, possuem maior número de sementes e não há ocorrência de desvios de dominância expressivos, que podem causar viés nas estimativas da CGC e induzir a erros na seleção. Além disso, efeitos genéticos não aditivos, embora sejam uma fonte importante de variação genética em arroz, não são relevantes para a predição dos valores genéticos das progênies e apenas os efeitos genéticos aditivos demonstraram relevância para promover ganhos genéticos entre os ciclos na seleção recorrente em arroz, sendo estes efetivamente transferidos para as próximas gerações (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017).

Em relação a PROD, não ocorreram diferenças significativas para CGC e CEC, indicando que genitores não diferiram para o caráter em questão, porém com exceção da CGC I, todas as demais interações com ambientes foram significativas, o que é uma indicação de que os genes que participam do controle genético do caráter se expressam de forma diferente em LAV e SAG. Resultado esperado, pois caracteres governadas por muitos genes, de modo geral, apresentam elevada interação genótipo x ambiente (VALE *et al.*, 2015).

A variação ambiental pode ser melhor observada com os resultados de análise de componentes principais (PCA), que auxilia a reduzir a dimensionalidade dos dados e promover uma melhor visualização entre as variáveis analisadas (NACHIMUTHU *et al.*, 2014). Em LAV, (FIGURA 7 e 8) cruzamentos que obtiveram genótipos precoces, também foram os genótipos com melhor desempenho em relação a produtividade de grãos (1x7, 5x6, 5x7, 5x8),

já em SAG, cruzamentos como 2x6, 4x7, 4x9 se destacaram para produtividade de grãos, porém os genótipos foram mais tardios.

Por ser um caráter quantitativo, a influência ambiental ocorre em grandes proporções no caso de produtividade de grãos e o comportamento dos genótipos não é o mesmo em diferentes ambientes devido à interação genótipo x ambiente. Para seleção de linhagens superiores em um programa de melhoramento genético de arroz é importante avaliá-las em diferentes ambientes e selecionar as que apresentarem bom desempenho e maior estabilidade nos locais (COLOMBARI *et al.*, 2013).

As estimativas de correlação corroboram com os resultados obtidos na PCA, o qual a correlação foi negativa e significativa para PROD e FLO no ambiente de LAV, demonstrando que os genótipos mais precoces foram os mais produtivos nesse local. Em relação ao ambiente SAG, a correlação entre os caracteres não foi significativa, indicando que não necessariamente os genótipos mais tardios foram os mais produtivos e que há a possibilidade de obtenção de genótipos precoces e produtivos também nesse ambiente (FIGURA 9 e 10). Assim, como a correlação de PROD e FLO das progênies para a média dos ambientes foi negativa e significativa (FIGURA 10), indicando novamente, a presença de genótipos precoces e produtivos nos dois locais.

Correlações positivas para produtividade de grãos e número de dias para florescimento são observadas, indicando que genótipos mais tardios, apresentam maior produtividade de grãos (ASANTEE *et al.*, 2019, OLADOSU *et al.*, 2018), porém uma maior duração da fase de crescimento vegetativo não está necessariamente relacionada a maior produtividade de grãos em diversas culturas e também observa-se que não há correlação entre florescimento e produtividade de grãos em arroz (EGLI, 2011; AHKTAR *et al.*, 2011), demonstrando que com o emprego do melhoramento genético é possível a obtenção, seleção e recomendação de genótipos que reúnam precocidade e produtividade de grãos.

Esforços para obtenção de cultivares precoces em programas de melhoramento de arroz de terras altas podem ser observados (SOARES *et al.*, 2010; SOARES *et al.*, 2013), porém, há a necessidade de cultivares precoces e produtivas mais atuais no mercado, o que demonstra a importância da construção de um programa de seleção recorrente que reúna esses caracteres e permita a extração de linhagens superiores, durante um longo período de tempo com manutenção dos ganhos genéticos.

A seleção do caráter FLO nas subpopulações F_2 e a seleção para PROD e FLO na geração $F_{2:3}$ pode ter corroborado com a correlação negativa entre os caracteres no ambiente de LAV. Podendo a correlação entre FLO e PROD ser positiva ou negativa dependendo, dos genitores, dos ambientes e da seleção realizada. No caso de Lavras, Soares *et al.* (2005) relata que em Minas Gerais, de modo geral, as cultivares mais precoces apresentam melhor desempenho em produtividade de grãos do que as mais tardias, devido seu período de cultivo coincidir com a época de maior precipitação pluvial.

A escassez da água ou seca em fases críticas, principalmente no período da floração pode causar redução de até 70% na produtividade de grãos de arroz (YANG *et al.*, 2019). Contudo, é importante ressaltar que os genótipos precoces apresentam o mecanismo de escape para suportar a deficiência hídrica, apresentando rápido desenvolvimento fenológico, sendo capazes de completar seu estágio de florescimento antes que o déficit hídrico torne-se severo o bastante para provocar dano fisiológico e causar diminuição na produtividade de grãos. O cruzamento 5x6, entre BRSMG Relâmpago e BRSMG Caravera, que deu origem a subpopulação CNAx20665, merece destaque, visto que suas progênes foram os mais precoces e mais produtivas em ambos os ambientes, com a possibilidade de extração de genótipos superiores já no ciclo 0. Esse resultado corrobora com as estimativas obtidas na CGC, o qual ambos os genitores (BRSMG Relâmpago, BRSMG Caravera) se destacaram nas estimativas para número de dias para o florescimento e a BRSMG Caravera apresenta alto potencial produtivo (SOARES *et al.*, 2008).

Progênes oriundas da maioria das subpopulações obtiveram bom desempenho e poderão ser utilizadas na recombinação para manutenção da variabilidade nos próximos ciclos de seleção recorrente. Em um programa de melhoramento genético, o objetivo é aumentar o valor da população para que ela seja fonte de linhagens elite. Melhorar a média da população, preservando a sua variabilidade, resulta em indivíduos superiores que excedem as linhagens anteriormente existentes (BRESEGHELLO; COELHO, 2013).

Após a condução do experimento observou-se que 13 subpopulações foram superiores na obtenção de genótipos precoces e produtivos. A progênie que mais se destacou para precocidade e produtividade de grãos em cada uma das 13 subpopulações (APÊNDICE A) considerando não só a média, mas também o desempenho da progênie nos dois ambientes, poderão ser recombinadas e compor o próximo ciclo de seleção. Na subpopulação CNAx20665,

do cruzamento 5x6 foram consideradas duas progênies, devido ao melhor desempenho dos genótipos em ambos os locais.

O controle dos genitores e a realização de um maior número de cruzamentos no ciclo 0 de seleção foi uma escolha assertiva, pois permitiu a seleção das progênies superiores de 13 subpopulações que se destacaram, minimizando o risco da seleção e recombinação serem realizadas apenas com progênies irmãs da mesma subpopulação, permitindo manter a variabilidade da população associado a elevadas estimativas médias.

Na porcentagem de contribuição de alelos de cada genitor que irá compor o ciclo I de seleção recorrente (TABELA 6), nota-se que os genitores que mais se destacaram em relação a CGC e na obtenção de genótipos superiores, como BRSMG Caravera, BRSMG Relâmpago e BRSMG Caçula, apresentam maior frequência, com intuito de contribuírem com alelos favoráveis e aumentarem a média da população. Porém, ainda há a contribuição dos demais genitores, mantendo a variabilidade. Dessa forma, é esperado ganhos genéticos no próximo ciclo.

5 CONCLUSÕES

Os genitores BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, e BRSMG Caravera apresentaram maior capacidade geral de combinação (CGC) para o caráter e são recomendados para obtenção de populações com florescimento precoce.

Foi possível a obtenção de progênies produtivas e de florescimento precoce em 13 subpopulações.

REFERÊNCIAS

- AKHTAR, N.; NAZIR, M. F.; RABNAWAZ, A.; MAHMOOD, T.; SAFDAR, M. E.; ASIF, M.; REHMAN, A. Estimation of heritability, correlation and path coefficient analysis in fine grain rice. **The Journal of Animal & Plant Sciences**, [s.l.], v. 21 n. 4, p. 660-664, 2011.
- ASANTE, M. D.; ADJAH, K.L.; ANNAN-AFFUL, E. Assessment of Genetic Diversity for Grain Yield and Yield Component Traits in Some Genotypes of Rice (*Oryza Sativa* L.). **Journal Crop Science Biotechnology**, [s.l.], v. 22, p. 12-130, 2019.
- BARROS, M. S.; MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F. Effectiveness of early-generation testing applied to upland rice breeding. **Euphytica**, [s.l.], v. 214 n.4, 2018.
- BASSUONY, N.; ZSEMBELI, J. Inheritance of some flag leaf and yield characteristics by half-diallel analysis in rice crops (*Oryza Sativa* L.). **Euphytica. Cereal Research Communications**, [s.l.], v. 49, p. 503-510, 2020.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2020. 400 p.
- BRADSHAW. J. Plant breeding: past, present and future. **Euphytica**, [s.l.], v. 213, p. 1-12, 2017.
- BRESEGHELLO, F.; COELHO A. S. G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural Food Chemistry**, [s.l.], v. 61, p. 8277-8286, 2013.
- BRESEGHELLO, F.; O. P. MORAIS; E. M.; CASTRO; S. A.; PRABHU; P. Z.; BASSINELO, J. A. *et al.* Recurrent selection resulted in rapid genetic gain for upland rice in Brazil. **International Rice Research**, [s.l.], Notes, v. 34, p. 1-4, 2009.
- COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs**. New York: John Willey, 1966. p. 613;
- COLOMBARI FILHO, J. M.; RESENDE, M. D. V.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; GUIMARÃES, E. P.; PEREIRA, J. A.; BRESEGHELLO, F. Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, [s.l.], v. 192, n. 1, p. 117-129, 2013.
- CORDEIRO, A. C. C.; RANGEL, P. H. N. Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima. **Agroambiente**, [s.l.], v. 5, n. 3, p. 182-187, 2011.
- COSTA, N. H. de A. D. *et al.* Novo método de classificação de coeficiente de variação para a cultura do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 243-249, 2002.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 508 p.

EGLI, D. B. Time and the productivity of agronomic crops and cropping systems. **Agronomy Journal**, [s.l.], v. 103, n. 3 p. 743-750, 2011.

FAN, Z.; WANG, K.; FAN, Y.; TAO, L.; YANG, J. Combining ability analysis on rhizomatousness via incomplete diallel crosses between perennial wild relative of rice and Asian cultivated rice, **Euphytica**, [s.l.], v. 216, p. 140, 2020.

FASAHAT, P.; RAJABI, A.; RAD, J.M; DERERA, J. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. **Biometrics Biostatistics International Journal**, [s.l.], v. 4, n.1, p. 1-22, 2016.

FREITAS, J. P. X.; OLIVEIRA, E. J.; JESUS, O. N.; CRUZ NETO, A. J.; SANTOS, L. R. Formação de população base para seleção recorrente em maracujazeiro amarelo com 43 uso de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 47, n. 3, p. 393-401, 2012.

GOSAL, S. S.; WANI, S. H.; KANG, M. S. Biotechnology and drought tolerance. **Journal of Crop Improvement**, [s.l.], v. 23, p. 19-54, 2009.

HAMMER, O.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. PAST: paleontological statistics software package for education and data analysis. **Palaeontologia Electronica**, [s.l.], v. 4, n. 1, p. 1-9, 2001.

HORI, K.; MATSUBARA, K.; YANO, M. Genetic control of flowering time in rice: integration of Mendelian genetics and genomics. **Theoretical and Applied Genetics**, [s.l.], v. 129, n. 12, p. 2241-225, 2016.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N.R. Capacidade combinatória para características agrônomicas em feijão-de-vagem. **Revista Ciência Agronômica**, [s.l.], v. 43, p. 522-531, 2012.

MORAIS JÚNIOR, O. P.; PEREIRA J. A.; MELO P. G. S.; GUIMARÃES, P. H. R.; MORAIS O. P. Gene action and combining ability for certain agronomic traits in red rice lines and commercial cultivars. **Crop Science**, [s.l.], v. 57, p. 1295-1307, 2017.

MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; MORAIS, A. P.; CASTRO, F.; BRESEGUELLO, M. M. *et al.* Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, [s.l.], v. 72, p. 297-305, 2015.

MORAIS, O. P. de; SOARES, A. A.; CASTRO, A. P. de; REIS, M. de S.; UTUMI, M. M.; CORDEIRO, A. C. C. BRSMG 355: **Primeira Cultivar Brasileira Superprecoce de Arroz de Terras Altas Obtida por Seleção Recorrente**, 2014. (Comunicado Técnico).

- MULBAH, Q. S.; SHIMELIS, H. A.; LAING, M. D. Combining ability and gene action of three components of horizontal resistance against rice blast. **Euphytica**, [s.l.], v. 206, p. 805-814, 2015.
- NACHIMUTU, V. V.; ROBIN, S.; SUDHAKAR, D.; RAVENDRAN, M.; RAJESWARI, S.; MANONMANI, S. Evaluation of Rice Genetic Diversity and Variability in a Population Panel by Principal Component Analysis. **Indian Journal of Science and Technology**, [s.l.], v.7, n.10, p. 1555-1562, 2014.
- NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, [s.l.], v. 48, p. 182-183, 2005.
- OLADOSU, Y.; RAFII, M. Y.; MAGAGI, U.; ABDULLAH, N.; MIAH, G.; CHUKWU, S. C.; HUSSIN, G.; RAMLI, A.; KAREEM, I. Genotypic and phenotypic relationship among yield components in rice under tropical conditions. **Biomed Research**, [s.l.], [s.v.], [s.n.], p.1-10, 2018.
- PIMENTEL, A. J. B *et al.* Análise dialélica parcial em gerações avançadas para seleção de populações segregantes de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 48, p. 1555-1561, 2013.
- PINHEIRO, L. S.; RANGEL, P. H. N.; VIANELLO, R. P.; BRONDANI, C. Genetic variability of *rice* recurrent selection populations as affected by male sterility. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 47, n. 6, p. 808-814, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. p. 522.
- RESENDE, M. D.V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, [s.l.], v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- SANDHU, N. R. B.; YADAW, B.; CHAUDARY, H.; PRASAI, K. *et al.* Evaluating the performance of rice genotypes for improving yield and adaptability under direct seeded aerobic cultivation conditions. **Frontiers in Plant Science**, [s.l.], v.10 p.159, 2019
- SNEYD, L. *et al.* Wild food consumption and urban food security. *In: Rapid urbanisationm Urban Food Deserts and Food Security in Africa*. Springer International Publishing, 2016. p. 143-155.
- SOARES, A. A.; REIS M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; SOARES, P. C.; SANTOS, V. B.; TEIXEIRA, A. B.; REIS, W. P. BRSMG Caçula: very early upland rice cultivar for Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v.13, n. 3, p. 208-211, 2013.

- SOARES, A. A.; REIS M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C.; COSTA JÚNIOR, G. T.; GUEDES, J. M.; LEITE, N. A. BRSMG Relâmpago: an early upland rice cultivar with high grain quality. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v.10, p.176-179, 2010.
- SOARES, A. A.; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C.; COSTA JÚNIOR, G. T.; GUEDES, J. M.; LEITE, N. A.; SOUZA, M. A.; DIAS, F. P. BRSMG Caravera: cultivar de arroz para terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v.43, p.937-940, 2008.
- SOARES, A. A.; REIS M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C.; SANTOS, P. G.; SOUZA, M. A. BRSMG-Conai: cultivar de arroz superprecoce para terras altas. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 52 p. 721-727, 2005.
- TORRES, E. A.; GERALDI, I. O. Partial diallel analysis of agronomic characters in rice (*Oryza sativa* L.). **Genetics and Molecular Biology**, [s.l.], v. 30, n. 3, p. 605-613, 2007.
- VALE, N. M.; BARILI, L. D.; OLIVEIRA, H. M.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, F. L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 50, p.141-148, 2015.
- YANG, X.; WANG, B.; CHEN, L. *et al.* The different influences of drought stress at the flowering stage on rice physiological traits, grain yield, and quality. **Scientific Reports**, [s.l.], v. 9, p. 3742, 2019.

CAPÍTULO 3 LINES SELECTION IN THE RECURRENT SELECTION CYCLE 0 FOR EARLY FLOWERING AND GRAIN YIELD IN UPLAND RICE

ABSTRACT

In upland rice breeding programs, besides grain yield lines, obtaining early flowering lines is also important. A good strategy to accumulate favorable alleles and increase gains with selection is the use of recurrent selection method, which allows obtaining superior lines at each cycle. Thus, the aim of the present study was to evaluate $F_{2:4}$ and $F_{2:5}$ genotypes from the population of the recurrent selection cycle 0, called UFLA-P1, for early flowering and grain yield, aiming at obtaining early flowering lines in upland rice. The $F_{2:4}$ recurrent selection population trials were carried out at Center for Scientific and Technological Development in Agriculture from the Federal University of Lavras and Embrapa Arroz e Feijão (Brazilian Agricultural Research Corporation) in 2018/19, 152 $F_{2:4}$ progenies were evaluated. The experimental design was a 12x13 triple alpha-lattice, totaling 468 plots. Twenty-six genotypes were selected to integrate the Observation Trial from the Upland Rice Breeding Program of the Federal University of Lavras in 2019/20, at the Scientific and Technological Development Center in Agriculture from Federal University of Lavras, 100 progenies were evaluated, 26 $F_{2:4}$ progenies, 72 $F_{4:6}$ progenies from Upland Rice Breeding Program and two controls. Eleven $F_{2:4}$ progenies from the UFLA-P1 population obtained better performance for early flowering, grain yield and other favorable phenotypic characteristics in rice and were selected to be part of the Preliminary Trial of elite lines. Demonstrating that it was possible to obtain superior lines in the recurrent selection cycle 0 for early flowering and grain yield in upland rice. The annual gain obtained with the recurrent selection for days to flowering was -3.48%.

Keywords: *Oryza Sativa*. Genotype selection. Phenotypic evaluation.

1 INTRODUCTION

Rice production needs to increase in the future to meet growing demands and it is necessary to obtain superior cultivars that fit the agricultural production system and the market. In upland rice breeding programs, besides grain yield lines, obtaining early flowering lines is also considered of great importance, mainly due to the sensitivity of the rice plant in relation to the lack of water during flowering. Water scarcity or drought in critical phases, especially during the flowering period, can reduce rice grain yield by up to 70% (GOSAL *et al.*, 2009; YANG *et al.*, 2019).

Efforts to obtain early flowering cultivars in upland rice breeding programs is observed (SOARES *et al.*, 2005; SOARES *et al.*, 2013). In addition to reducing the stress caused by drought, obtaining early flowering rice cultivars has the advantage of inserting upland rice into the two-crop agricultural system (SOARES *et al.*, 2005; SOARES *et al.*, 2013), but there is a need for more current early flowering and grain yield rice cultivars on the market.

Most traits of agronomic importance in rice are controlled by quantitative traits and are highly influenced by the environment. Thus, success with selection in just one cycle is very difficult to achieve. The use of different breeding methods that can efficiently manipulate multiple genes are necessary and a good strategy to accumulate favorable alleles is the recurrent selection method, which, even being an older and consolidated method, is a good alternative for obtaining elite cultivars and increase genetic gains over time (ANSARI *et al.*, 2017).

The recurrent selection process consists of three stages: obtaining the segregating population, evaluating and selecting the progenies, and recombining the best progenies to form the next cycle. One of the criticisms made to the use of recurrent selection is the delay in the process, but actually, at each cycle better lines can be obtained and the time to achieve this goal is the same as for any breeding process involving hybridizations. Recurrent selection is a dynamic and continuous method which is possible to extract promising genotypes and lead them to obtain pure lines in any cycle or stage of the program (RAMALHO *et al.*, 2012).

The efficiency of a plant breeding program depends mainly on two actions of the breeder, the creation and identification of superior genotypes. Given the diversity of possible genotypes resulting from the crossing of several parents, the limitation for genetic gains is the breeder capacity to evaluate a large number of plants, derived from a large number of crosses (BRESEGHELLO; COELHO, 2013; GARCIA *et al.*, 2011).

The ultimate goal of any breeding program is to obtain cultivars that exceed the pre-existing ones. Having additional advantages is only possible if the new cultivar simultaneously gather a number of favorable phenotypes for characters of interest, which requires the evaluation of genotypes and their performance in several stages (RAMALHO *et al.*, 2012). In this context, the aim of this study was to evaluate F_{2:4} and F_{2:5} genotypes from the population of the first recurrent selection cycle, called UFLA-P1, for early flowering and grain yield, aiming at the extraction of early flowering lines in rice.

2 MATERIALS AND METHODS

2.1 Experimental area description

The experiments were performed at: Center for Scientific and Technological Development in Agriculture from the Federal University of Lavras, in Lavras-MG, Brazil, latitude 21° 14' (S), longitude 45°00' (W), 910m altitude

Embrapa Arroz e Feijão (Brazilian Agricultural Research Corporation) in Santo Antônio do Goiás-GO, Brazil, latitude 16°28'00”(S), longitude 49°17'00”(W), 823m altitude

‘Fazenda Palmital’, from Embrapa Arroz e Feijão (Brazilian Agricultural Research Corporation) Goianira, GO, Brazil, latitude 16° 26' 14" (S), longitude 49° 23' 50" (W) and 720m altitude.

2.2 Base population synthesis - UFLA-P1

Hybridization was performed between five parents with good early flowering performance and four parents with high grain yield performance in a partial diallel scheme (TABLE 7), obtaining 19 subpopulations. The F₁ seeds from each cross were sown in a greenhouse to obtain the F₂ population. The crossings were carried out at Embrapa Arroz e Feijão (Brazilian Agricultural Research Corporation)

Table 7 – Female and male parents used to obtain the recurrent selection base population, UFLA-P1 in a partial diallel scheme.

CROSSES	SUBPOPULATION	FEMALE PARENT	MALE PARENT
1x6	CNAx20650	1.BRSMG Caçula	6. BRSMG Caravera
1x7	CNAx20651	1.BRSMG Caçula	7. CMG 2085
1x8	CNAx20652	1.BRSMG Caçula	8. CMG 1590
2x6	CNAx20653	2. CNAx16286-B-2-B-4	6. BRSMG Caravera
2x7	CNAx20654	2. CNAx16286-B-2-B-4	7. CMG 2085
2x8	CNAx20655	2. CNAx16286-B-2-B-4	8. CMG 1590
2x9	CNAx20656	2. CNAx16286-B-2-B-4	9. CMG 1896
3x6	CNAx20657	3. CNAx16286-B-2-B-5	6. BRSMG Caravera
3x7	CNAx20658	3. CNAx16286-B-2-B-5	7. CMG 2085
3x8	CNAx20659	3. CNAx16286-B-2-B-5	8. CMG 1590
3x9	CNAx20660	3. CNAx16286-B-2-B-5	9. CMG 1896
4x6	CNAx20661	4. CNAx16286-B-2-B-6	6. BRSMG Caravera
4x7	CNAx20662	4. CNAx16286-B-2-B-6	7. CMG 2085
4x8	CNAx20663	4. CNAx16286-B-2-B-6	8. CMG 1590
4x9	CNAx20664	4. CNAx16286-B-2-B-6	9. CMG 1896
5x6	CNAx20665	5. BRSMG Relâmpago	6. BRSMG Caravera
5x7	CNAx20666	5. BRSMG Relâmpago	7. CMG 2085
5x8	CNAx20667	5. BRSMG Relâmpago	8. CMG 1590
5x9	CNAx20668	5. BRSMG Relâmpago	9. CMG 1896

Source: The author (2021).

2.3 F₂ subpopulations

The F₂ population experiment was performed in 2017/18 at the Center for Scientific and Technological Development in Agriculture, from the Federal University of Lavras. Twenty blocks were evaluated, 19 respective to each subpopulation, plus a block from cultivar BRSMG Caçula, used as phenotypic control for days to flowering. The blocks consisted of 10 rows of 8m and 40cm spacing. The seeds were sown individually, with 12cm spacing between the seeds, in order to enable the selection by plant. About 8 plants/m² were sown, totaling about 640 plants per population, and about 12000 plants in total.

The plants that emitted the first panicles of each population were identified in the field and the 15 earliest in flowering and considered phenotypically superior in each block were individually harvested and selected to be part of the F_{2:3} population.

2.4 F_{2:3} progenies

The 285 selected genotypes were sown in July 2018 at the ‘Fazenda Palmital’, from Embrapa (Brazilian Agricultural Research Corporation), in a continuous flooding and protected system cultivation. The plot consisted of one 5m row and spacing of 0.25 m (4 plants/m) with a useful area of 1.25 m². Days to flowering and grain yield were evaluated and the eight earliest in flowering and higher in grain yield from each cross were selected to form the F_{2:3} population.

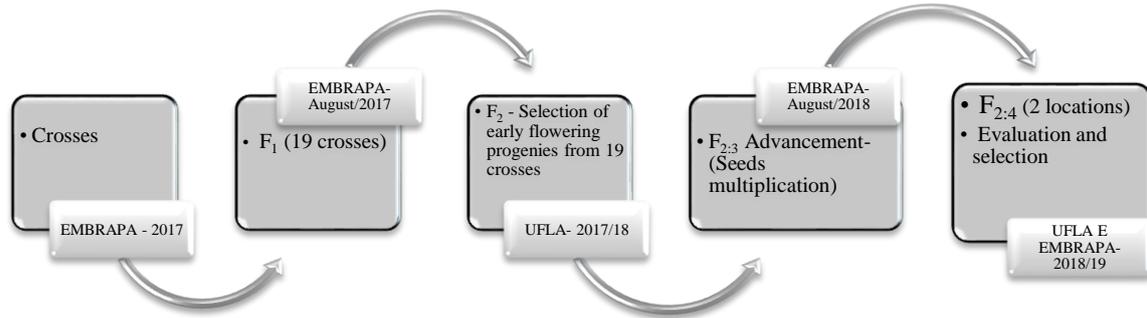
2.5 F_{2:4} progenies

The experiment with the set of progenies F_{2:4} from the UFLA-P1 population were performed in the 2018/19, at the Scientific and Technological Development Center in Agriculture from UFLA and at Embrapa Arroz e Feijão (Brazilian Agricultural Research Corporation). A number of 152 F_{2:4} progenies were evaluated, eight progenies from each of the 19 subpopulations, plus the controls BRSMG Caçula, BRSMG Relâmpago, CMG 1590 and BRS Esmeralda.

The experimental design used was a 12x13 triple alpha-lattice, totaling 468 plots. At UFLA experimental station, the plots consisted of 2 rows of 2m, 0,40cm spacing and sown with 60 seeds/m. At Embrapa, the plots consisted of 4 rows of 3m and 0,35 spacing, sown with

60seeds/m. The agricultural practices were the same recommended for upland rice cultivation. In the Figure 11 is the scheme to obtain the segregating progenies from the population of the first recurrent selection cycle, UFLA-P1.

Figure 11 – Scheme for obtaining F_{2:4} progenies from Cycle 0 of recurrent selection from UFLA-P1 Population, for early flowering and grain yield in rice.



Source: The author (2021).

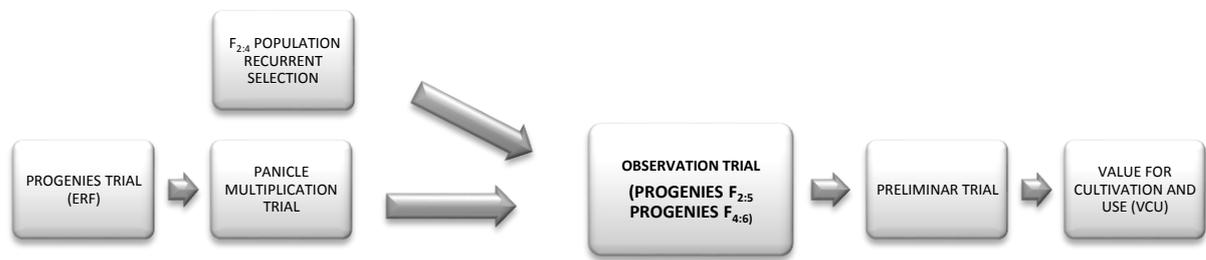
2.6 Observation trial

The Observation Trial corresponds to one of the segregating population trial that is part of the Upland Rice Breeding Program of the Federal University of Lavras (FIGURE 12).

The experiment was performed in the 2019/20, at the Center for Scientific and Technological Development in Agriculture, UFLA. A number of 100 progenies were evaluated, 26 F_{2:5} progenies selected from the F_{2:4} UFLA-P1 recurrent selection population for early flowering and grain yield, 72 F_{4:6} progenies selected from the Panicle Multiplication Trial of the Upland Rice Breeding Program of the Federal University of Lavras performed in 2019/20 and controls BRSMG Caçula and BRS Esmeralda.

The experimental design used was a simple 10x10 lattice, with two replications, totaling 200 plots. The plots consisted of 3 rows of 3m, 0,40cm spacing and sown with 80 seeds/m. The agricultural practices were the same recommended for upland rice cultivation.

Figure 12 – Scheme of trials that is part of the Upland Rice Breeding Program from Federal University of Lavras.



Source: The author (2021).

2.7 Evaluated characteristics

The following phenotypic characteristics were evaluated:

- I. Days to flowering (DTF) – interval between sowing and flowering (panicle emission) of 50% of the plants in the plot;
- II. Grain yield (GY)- in grams per plot, adjusted for $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$.
- III. Plant height (PH)- taken from ground level to the main stem (five plants per plot, chosen at random);
- IV. Collar blast (CB) (*Pyricularia grisea*), leaf blast (LB) (*Pyricularia grisea*), grains spot (GS) (*Bipolaris oryzae*, *Microdochium oryzae* and *Phoma sorghina*), leaf scald (LS) (*Monographella albescens*) and brown spot (BS) (*Bipolaris oryzae*) incidence – the disease score scale recommended by the International Rice Research Institute (IRRI, 1996) was used, in which: 0 - no incidence; 1 - less than 5% of infected panicles; 3 - from 5% to 10% of infected panicles; 5 - between 11% and 25% of infected panicles; 7 - between 26% and 50% of infected panicles and 9 - greater than 50% of infected panicles.

In the Observation Trial, the following physical and industrial evaluations were added:

- V. Milled Rice Yield (MRY) - percentage of processed (clean) rice, resulting from the milling processing, 100g samples were processed after harvested.
- VI. Head Rice Yield (HRY) - percentage of whole grains resulting from the milling.
- VII. Length, width and grain length/width ratio (L/W) – measured an average of 100 grains per plot, using the seed analysis system, GroundEye, which is an image capture device.

2.8 Data analysis

2.8.1 F_{2:4} progenies

The data were submitted to statistical analysis, via proc glm using the statistical software SAS® 9.4 (Statistical Analysis System - SAS Institute, 2020), according to the following mixed model (COCHRAN; COX, 1966):

$$y_{ijkl} = \mu + a_l + r_{j/l} + b_{k/jl} + g_i + g_{ail} + \varepsilon_{ijkl} \quad (1)$$

Where: - y_{ijkl} is the observation of genotype i (progeny or control), in repetition j , in block k , in environment l ;

- μ is the overall mean.
- a_l is the random effect of environment l ($L = 2$), assuming $a_l \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_a^2)$;
- $r_{j/l}$ is the random repetition effect j ($J = 3$), within the environment, assuming $r_{j/l} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_r/a^2)$;
- $b_{k/jl}$ is the random block effect k ($k = 1, 2, \dots, K$), within the repetition j , of environment l , assuming $b_{k/jl} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_b/ra^2)$;
- g_i is the fixed effect of genotype i ($i = 1, 2, \dots, I$);
- g_{ail} is the random effect of the genotype x environments interaction, assuming $g_{ail} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_g a^2)$;
- ε_{ijkl} is the experimental error associated with observation Y_{ijkl} , assuming independence and identical distribution, under $N \cap (0, \sigma^2)$.

2.9 Observation trial

The data were submitted to statistical analysis using the R Studio software (R STUDIO TEAM, 2016) using the agricultural statistical package, according to the following model:

$$y_{ik(j)} = \mu + t_i + r_j + b_{k/j} + \varepsilon_{ik(j)} \quad (2)$$

Where: - $y_{ik(j)}$ is the observation of treatment i ($i = 1, 2, \dots, i = 100$), in the incomplete block k ($k = 1, 2, \dots, k = 10$), repetition j ($j = 1, 2, \dots, r = 2$);

- μ is the overall mean;
- t_i is the treatment effect i ;
- r_j is the repetition effect j ;
- $b_{k/j}$ is the incomplete block effect within the repetition j ;
- $\varepsilon_{ik(j)}$ is the experimental error associated with observation $y_{ik(j)}$

Scheffé's test was performed using the following formula:

$$Y \pm S(Y) \sqrt{(\mathbf{I} - 1)F[\alpha; (\mathbf{I} - 1), (\nu)]} \quad (3)$$

- $Y = \sum_i l_i m_i$ is an estimator of Y , m_i is the mean in treatment i ; l_i are the constant values, which: $\sum_i l_i = 0$ e $S(Y) = \sqrt{\hat{s}_R^2 \sum_i \frac{l_i^2}{m_i}}$, which: \hat{s}_R^2 is the residual variance with ν degrees of freedom;

- I is the number of treatments;

- F is obtained from F distribution, considering the number of degrees of freedom from the treatment and the residual with a α significance level.

Annual gain obtained along the selection was estimated based on the average of genotypes in different generations, obtained by the adapted expression of Cargnin (2007):

$$GP (\%) = \frac{X1 - X0}{X0} \times 100 \quad (4)$$

Which:

$X1$: $F_{2:5}$ progenies mean

$X0$: $F_{2:4}$ progenies mean

3 RESULTS

The coefficient of variation (CV%) of days to flowering (DTF) and height was 2.62% and 5.87% respectively, indicating a very high experimental precision for the character (TABLE 8). The grain yield (GY) character showed good experimental precision with CV% of 17.6%. Regarding diseases evaluation, the CV% were higher, with values in the range of 32.36% and 52.76%. However, it was observed that accuracy estimates were above 70% for all characters evaluated, demonstrating high experimental precision in the trials.

There was a significant difference ($p \leq 0.01$) for all traits evaluated, indicating variability between the genotypes, enabling the selection of superior progenies for the traits. There was also significance ($p \leq 0.01$) for the effect Block (Rep*Local), in all characters, demonstrating that the use of the lattice design was adequate and effective for better precision of the experiments. The variation was significant ($p \leq 0.01$) for the effect Treat*Local, indicating that the behavior of the genotypes was not coincident in the locations, for all traits.

The average GY was 4258.02 kg/ha indicating the presence of superior upland rice genotypes for the trait. The same is observed for DTF, which the 86 days average demonstrates the presence of early genotypes in the population. Height average also showed adequate levels, as well as the incidence of diseases, which all evaluated diseases showed an average of less than 3 in the visual evaluation by scales, indicating the presence of disease-tolerant genotypes in the population.

Twenty-six progenies from the $F_{2:4}$ UFLA-P1 population that presented better performance for DTF, GY and also presented height and disease incidence at adequate levels, were selected to be part of the Observation Trial. These progenies were advanced to $F_{2:5}$ generation, along with another 72 $F_{4:6}$ genotypes from the Panicle Multiplication Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras.

Table 9 presents the analysis of variance summaries of the Observation Trial. There was a significant difference ($p \leq 0.01$) for the characters DTG, height, length, width and length/width ratio (L/W), demonstrating variability in the population for these characters. The coefficient of variation (CV%) from the respective characters are in the range of 2.28%-6.37%, indicating a very high experimental precision. Selective accuracy was also estimated and the results indicate high experimental precision for the five characters, with values in the range of 82.38%-97.57%.

Significance ($p \leq 0.05$) was also detected for the characters milled rice yield (MRY), head rice yield (HRY) and brown spot (BS). The CV% of MRY and HRY were 2.88% and 16.98% respectively, indicating good experimental precision for the traits. For BS the CV% was 28.88% indicating moderate experimental precision. The selective accuracy of the three characters was considered moderate, with estimates around 65%.

The difference was not significant for the characters GY, leaf blast (LB) and leaf scald (LS). The coefficient of variation for GY was 19.20% indicating good experimental precision. LB and LS presented CV% of 37.98 and 43.06 respectively, indicating moderate and low experimental precision. The selective accuracy of the three characters was around 45%, being considered low.

Table 10 shows the Scheffé test performed to compare the 26 $F_{2.5}$ UFLA-P1 population and the 72 $F_{4.6}$ genotypes selected to be part of the Observation Trial. The test was significant for DTF, confirming that the genotypes selected from UFLA-P1 population were earlier in flowering, with an average of 83 days to flowering, while the other $F_{4.6}$ genotypes had an average of 93 days.

There was no significant difference between the means for the other traits evaluated, indicating that the behavior $F_{2.5}$ UFLA-P1 genotypes did not differ from the genotypes $F_{4.6}$ in the Observation Trial, in relation to the other traits evaluated in the Upland Rice Breeding Program.

Figure 13 shows the means distribution of the progenies from the Observation Trial for DTF. It is observed that of the 22 genotypes that flowered in a period equal to or less than 85 days, 16 came from the $F_{2.5}$ UFLA-P1 population. Figure 14 shows the means distribution of the progenies from the Observation Trial for GY. It is observed that most of the $F_{2.5}$ genotypes from UFLA-P1 population, in addition to being early in flowering, also presented high average for grain yield.

The annual gain obtained for DTF, obtained with the progenies selection from the $F_{2.4}$ UFLA-P1 population, was -3.49%. The selected $F_{2.5}$ genotypes average for DTF was 3 days lower than the $F_{2.4}$ UFLA-P1 population.

It was observed that of the 26 $F_{2.5}$ progenies selected from the UFLA-P1 population, 11 progenies presented better performance for DTF, GY and other favorable phenotypic characteristics.

Table 8 – Joint variance analysis of the locations, for the characters: Grain yield (kg/ha), days to flowering (days), height (cm), brown spot (scores), leaf scald (scores), collar blast (scores) and grains spot (scores) of F_{2:4} progenies from the cycle 0 UFLA-P1 recurrent selection population for early flowering and grain yield in upland rice.

SV	DF	MEAN SQUARE						
		GY ¹ (kg/ha)	DTF ¹ (days)	HEIGHT (cm)	BS ¹ (scores)	SCALD ¹ (scores)	CB ¹ (scores)	GS ¹ (scores)
GENOTYPE (G)	155	1244215**	72.23**	210.05**	2.21**	2.23**	5.45**	2.21**
ENVIROMENT (E)	1	1369366045**	274.23**	62405.37**	236.00**	161.66**	363.12**	112.15**
REP(E)	4	30693378**	128.00**	732.04**	17.15**	69.31**	15.29**	12.33**
BL(REP*E)	66	1336401**	7.89**	79.94**	4.58**	3.23**	4.98**	3.62**
G*E	155	1286994**	8.41**	67.09**	2.67**	1.93**	4.84**	2.24**
ERROR	554	562044	508.50	270.82	1.051.11	0.93	1.047.93	0.84
CV(%)		17.6	2.62	5.87	34.79	32.36	52.76	36.53
ACURÁCY (%)		74.04	96.41	93.33	72.42	76.36	89.88	78.60
MEAN		4258.07	86.00	88.52	2.94	2.98	1.94	2.52

^{ns}- not significant; *- p <0.05 **- p <0.01

¹ GY: Grain Yield; DTF: Days to flowering; BS: Brown Spot; SCALD: Leaf scald; CB: Collar blast; GS: Grains spot
Source: The author (2021).

Table 9 – Analysis of variance of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras for the characters: Grain yield (kg/ha), days to flowering (days), height (cm), brown spot (scores), leaf scald (scores), leaf blast (scores), milled rice yield (g), head rice yield (g), length (cm), width (cm) and length/width ratio (cm).

SV	DF	MEAN SQUARE										
		GY ¹ (kg/ha)	DTF ¹ (days)	HEIGHT (cm)	BS ¹ (scores)	SCALD ¹ (scores)	LB ¹ (scores)	MRY (g)	HRY ¹ (g)	LENGTH (cm)	WIDTH (cm)	L/W ¹ (cm)
GEN	99	1204009 ^{ns}	90.14 ^{**}	139.54 ^{**}	2.65 [*]	2.35 ^{ns}	1.95 ^{ns}	6.77 [*]	101.89 [*]	0.13 ^{**}	0.013 ^{**}	0.08 ^{**}
REP	1	589589 ^{ns}	10.12 ^{ns}	203.62 [*]	42.32 ^{**}	123.25 ^{**}	141.12 ^{**}	61.94 ^{**}	81.28 ^{ns}	0.46 ^{**}	0.01 ^{ns}	0.01 ^{ns}
BL(REP)	18	2290152 [*]	57.14 ^{**}	155.16 ^{**}	5.01 ^{**}	12.21 ^{**}	11.54 ^{**}	8.35 [*]	115.68 [*]	0.06 [*]	0.10 [*]	0.05 ^{**}
ERROR	81	985005	4.31	37.12	1.5	1.84	1.61	4.13	56.45	0.02	0.002	0.01
CV(%)		19.20	2.28	6.37	28.88	43.06	37.98	2.88	16.98	2.57	3.50	3.65
ACURACY(%)		42.64	97.57	85.67	65.87	46.58	41.75	62.44	66.78	89.35	82.38	91.74
MEAN		5167.45	91.00	95.5	4.24	3.15	3.34	70.34	44.24	6.5	1.86	3.49

^{ns}- not significant; *- p <0.05 **- p <0.01

¹ GY: Grain Yield; DTF: Days to flowering; BS: Brown Spot; SCALD: Leaf scald; LB: Leaf blast; MRY: Milled rice yield; HRY: Head rice yield; L/W: Length/width ratio
Source: The author (2021).

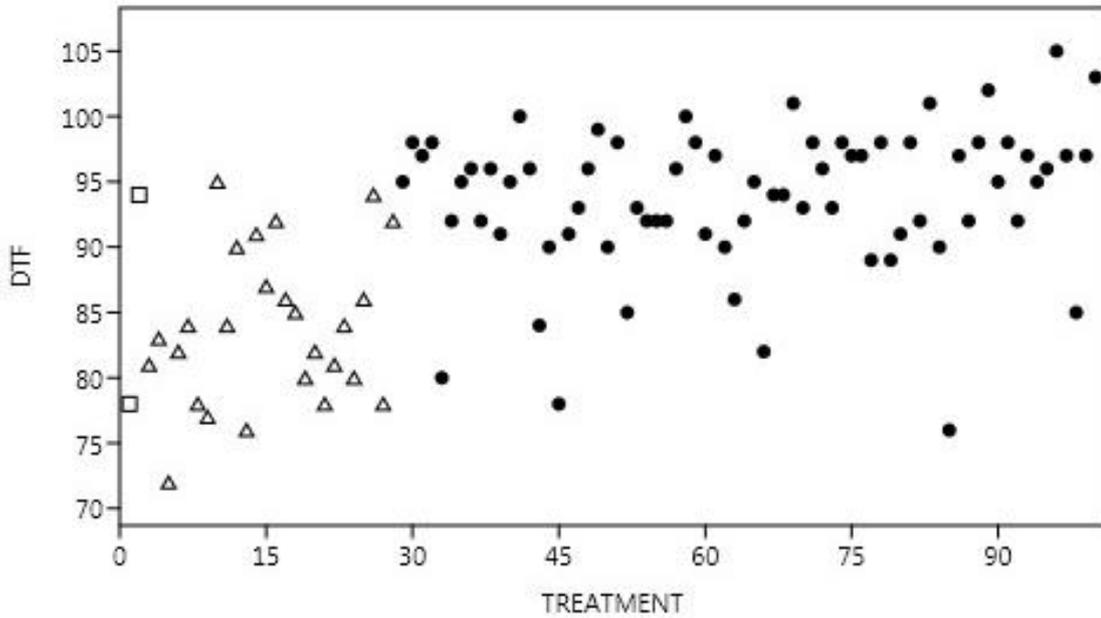
Table 10 – Scheffé test between the F_{2:5} progenies from the cycle 0 UFLA-P1 recurrent selection population and F_{4:6} genotypes from the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras for the characters: Grain yield (kg/ha), days to flowering (days), height (cm), brown spot (scores), leaf scald (scores), leaf blast (scores), milled rice yield (g), head rice yield (g), length (cm), width (cm) and length/width ratio (cm).

	SCHEFFÉ'S TEST										
	GY ¹	DTF ¹	HEIGHT	BS ¹	SCALD ¹	LB ¹	MRY	HRY ¹	LENGTH	WIDTH	L/W ¹
F _{2:5} GENÓTYPES MEAN	83	4898.3	101.7	3.5	5.1	4.0	70.66	41.94	6.66	1.93	3.46
F _{4:6} GENÓTYPES MEAN	93	5265.8	93.1	3.0	3.9	3.1	70.21	44.90	6.44	1.84	3.51
CONTRAST	-10.0	-367.5	8.6	0.6	1.2	1.0	0.45	-2.96	0.22	0.09	-0.05
DMS SCHEFFÉ'S TEST	3.951**	1888.83 ^{ns}	11.60 ^{ns}	2.58 ^{ns}	2.33 ^{ns}	2.41 ^{ns}	3.86 ^{ns}	14.29 ^{ns}	0.31 ^{ns}	0.12 ^{ns}	0.24 ^{ns}

^{ns}- not significant; *- p <0.05 **- p <0.01

¹ GY: Grain Yield; DTF: Days to flowering; BS: Brown Spot; SCALD: Leaf scald; LB: Leaf blast; MR Y: Milled rice yield; HR Y: Head rice yield; L/W: Length/width ratio
Source: The author (2021).

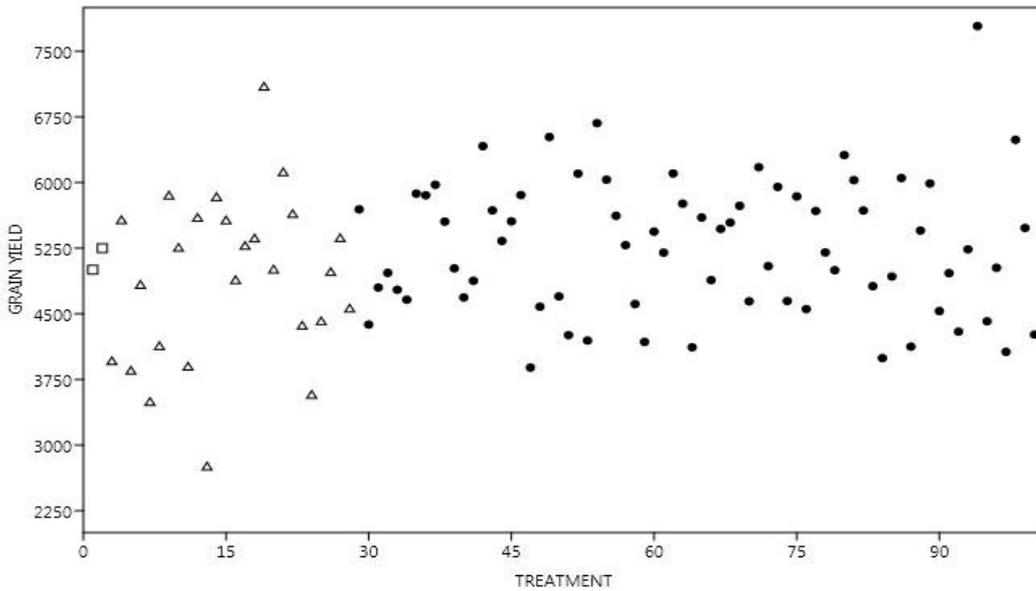
Figure 13 – Mean distribution of days to flowering (DTF) of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras.



- Controls
- △ F_{2:5} progenies
- F_{4:6} progenies

Source: The author (2021).

Figure 14 – Mean distribution of grain yield of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras.



- Controls
- △ F_{2:5} progenies
- F_{4:6} progenies

Source: The author (2021).

4 DISCUSSION

The plant breeding program efficiency depends mainly on two actions of the breeder, the creation and identification of superior genotypes. Selection plays a fundamental role in both cases, being important in defining the crossings to be carried out and in obtaining superior cultivars that will be commercially launched (GARCIA *et al.*, 2011).

Obtaining high quality phenotypic data results in more effective inferences about the genotypic values of the progenies and, consequently, greater success with selection (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2015). In the present work, with the exception of disease characters, all other characters in both experiments presented a coefficient of variation (CV%) below 20%, indicating good experimental precision.

Regarding the highest CV% estimates for disease characters, Costa (2002), evaluating the distribution of the coefficient of variation in experiments with upland rice, concluded that experiments related to diseases had higher coefficients of variation, due to the indirect evaluation, performed by visual scores, and for being a character with high environmental influence.

The selective accuracy was also estimated, to contribute to the evaluation of the experiment's precision and quality. Accuracy estimates were considered moderate, and mostly high, indicating that the experiment presented good experimental precision for all characters, with exception of the characters that did not show a significant difference, which was expected, since there was no variance between genotypes for the respective characters and the selective accuracy calculation depends on the genotypic variation.

Accuracy represents the correlation between the true genotypic value and the predicted value in the experiment, contributing to results interpretation from a genetic and statistical point of view (RESENDE; DUARTE, 2007). Allied to CV%, both estimates provided useful information and demonstrated that the experiments had good precision, which is necessary to the success in the selection of superior genotypes.

In the cycle 0 of UFLA-P1 recurrent selection population, the selection was focused on the DTF and GY character, aiming at building a base population with desirable alleles, to maintain the variability and high mean for the characters in purpose. Since progenies from the F_{2:4} UFLA-P1 population stood out and performed well in relation to early flowering, grain yield and other evaluated characters, in the selection cycle 0, these progenies were selected to

be part of the Observation Trial of the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras.

The Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras, consists of 5 trials, the Observation Trial is the third segregating population advancement trial, in which the progenies are in the $F_{4:6}$ generation. Twenty six progenies from the $F_{2:4}$ UFLA-P1 population were selected, aiming at performing evaluations and analyzes with the progenies of the Upland Rice Breeding Program and keeping the advancement of superior progenies throughout the program. The progenies that stand out in the Observation Trial are selected to be part of the elite lines trial, called Preliminary Trial, with subsequent superior lines advancement to the final trial, called Value for Cultivation and Use Trial (VCU).

The $F_{2:5}$ genotypes selected from the UFLA-P1 population, flowered an average of 10 days earlier than the $F_{4:6}$ genotypes from the Observation Trial (TABLE 10). Demonstrating that selection focusing on DTF was efficient in obtaining earlier flowering genotypes. The genotypes superior performance for the character is also observed in Figure 13, in which 70% of the genotypes below 85 days to flowering belong to the UFLA-P1 population.

Breseghello *et al.* (2011), evaluating the results of ‘Embrapa Arroz e Feijão’ Upland Rice Breeding Program, found a reduction in DTF at a rate of -0.25 days/year, however the reduction in DTF was due more to selection against late flowering genotypes than to selection of early genotypes.

However, efforts have been made to obtain earlier genotypes in upland rice (MORAIS *et al.*, 2014; SOARES *et al.*, 2013), since the early flowering characteristic offers to rice crop a highly desired technical and economic viability in the agricultural system (MORAIS *et al.*, 2014).

The annual gain obtained for DTF with the selection of progenies in the cycle 0 of UFLA-P1 population was -3.49%, with a decrease of 3 days in the average of the selected genotypes, demonstrating the success with the selection. Cordeiro e Rangel (2011), evaluating the expected genetic gain, found a two-day decrease in flowering by evaluating rice populations obtained in a recurrent selection cycle in Roraima, while Morais *et al.* (2017) verified the recurrent selection efficiency in irrigated rice and obtained genetic gain of -1.29% per year for days to flowering. Results that support the recurrent selection efficiency to obtain gains with selection and superior genotypes.

Regarding GY, there was no significance between $F_{2:5}$ genotypes average and $F_{4:6}$ genotypes average from the Observation Trial, indicating that it was possible to obtain early flowering and high grain yield genotypes in the cycle 0 of recurrent selection. The superior performance for GY of the $F_{2:5}$ progenies can be seen in Figure 14, which shows that most of the genotypes presented high average for the character.

The ultimate goal of any breeding program is to obtain cultivars that exceed the pre-existing ones. Having additional advantages is only possible if the new cultivar simultaneously gather a number of favorable phenotypes for characters of interest (RAMALHO *et al.*, 2012). Thus, in relation to the other characters evaluated in the Observation Trial, the UFLA-P1 genotypes average did not differ from the $F_{4:6}$ genotypes average in the Observation Trial (TABLE 9). Demonstrating that even though the main purpose of the recurrent selection cycle 0 was the selection of superior genotypes DTF and GY, for later recombination, it was possible to obtain early flowering and high grain yield genotypes that presented good performance for all traits desirable in an upland rice cultivar.

The choice of elite cultivars such as BRSMG Relâmpago, BRSMG Caçula, BRSMG Caravera, as parents of the UFLA-P1 population, may be the reason for the good performance of the genotypes, since the superior performance of these cultivars indicates a high amount of alleles favorable for the desirable traits in rice, being possible to obtain progenies with favorable alleles and superior genotypes in the selection cycle 0.

Based on the performance of the genotypes, it was found that, of the 26 $F_{2:5}$ progenies selected from the UFLA-P1 population, 11 progenies stood out for DTF, GY and other favorable phenotypic characteristics and were selected to be part of the elite lines trial, Preliminary Trial, from the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras. Demonstrating that in the selection cycle 0 it was possible to obtain superior lines that fit the program structure and depending on their performance, some of these genotypes will advance to the Cultivation Value and Use (VCU) trial for a possible launch of early flowering lines.

5 CONCLUSIONS

Eleven progenies from the UFLA-P1 population presented superior performance and were selected to be part of the elite lines trial, Preliminary Trial, from the Upland Rice Breeding Program from the Federal University of Lavras, demonstrating that it was possible to obtain early flowering and high grain yield lines in the cycle 0 of UFLA-P1 recurrent selection population.

REFERENCES

- ANSARI, A.; WANG, C.; WANG, J.; WANG, F.; LIU, P.; GAO, Y. *et al.* Engineered dwarf male-sterile rice: a promising genetic tool for facilitating recurrent selection in rice. **Frontiers in Plant Science**, [s.l.], v. 8, p. 2132, 2017.
- BRESEGHELLO, F.; COELHO A. S. G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural Food Chemistry**, [s.l.], v. 61, p. 8277-8286, 2013.
- BRESEGHELLO, F.; O. P. MORAIS; PINHEIRO, P. V.; SILVA, A. C. S.; CASTRO, E. M. *et al.* Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, [s.l.], v.5 1, 914-923, 2011.
- CARGNIN, A. **Melhoramento de plantas: Progresso genético e ambiental**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007.
- COCHRAN, W.G, COX, G.M. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Wiley, 1966.
- CORDEIRO, A. C. C.; RANGEL, P. H. N. Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima. **Agroambiente On-line**, v. 5, n. 3, p. 182-187, 2011.
- COSTA, N. H. A. D.; SERAPHIN, J. C.; ZIMMERMANN, F. J. P. Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 243-249, 2002.
- GARCIA C.; LIMA B.; ALMEIDA A.; MARQUES W.; RESENDE M.; VENCOVSKY R.; GRITTAPAGLIA, D. Genome-wide selection for Eucalyptus improvement at international paper in Brazil. **BMC Proceedings**, [s.l.], v. 5, p. 44, 2011.
- GOSAL, S. S.; WANI, S. H.; KANG, M. S. Biotechnology and drought tolerance. **Journal of Crop Improvement**, [s.l.], v. 23, p. 19-54, 2009.
- MORAIS JÚNIOR, O. P.; PEREIRA J. A.; MELO P. G. S.; GUIMARÃES, P. H. R.; MORAIS O. P. Gene action and combining ability for certain agronomic traits in red rice lines and commercial cultivars. **Crop Science**, [s.l.], v. 57, p. 1295-1307, 2017.
- MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; MORAIS, A. P.; CASTRO, F.; BRESEGUELLO, M. M. *et al.* Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, [s.l.], v. 72, p. 297-305, 2015.
- MORAIS, O. P. de; SOARES, A. A.; CASTRO, A. P. de; REIS, M. de S.; UTUMI, M. M.; CORDEIRO, A. C. C. BRSMG 355: **Primeira Cultivar Brasileira Superprecoce de Arroz de Terras Altas Obtida por Seleção Recorrente**, 2014. (Comunicado Técnico).
- RSTUDIO Team **RStudio: Integrated Development for R**. Boston, MA: RStudio, Inc, 2016.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. p. 522.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, [s.l.], v. 37, n. 3, p.182-194, 2007.

SOARES, A. A.; REIS M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; SOARES, P. C.; SANTOS, V. B.; TEIXEIRA, A. B.; REIS, W. P. BRSMG Caçula: very early upland rice cultivar for Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v.13, n. 3, p. 208-211, 2013.

SOARES, A. A.; REIS M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C.; SANTOS, P. G.; SOUZA, M. A BRSMG-Conai: cultivar de arroz superprecoce para terras altas. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 52 p. 721-727, 2005.

YANG, X.; WANG, B.; CHEN, L. *et al.* The different influences of drought stress at the flowering stage on rice physiological traits, grain yield, and quality. **Scientific Reports**, [s.l.], v. 9, p. 3742, 2019.

APÊNDICE A

Apêndice A1 – Resumo da análise de variância dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias).

		QUADRADO MÉDIO			
		LAVRAS		SAG	
FV	GL	PROD (kg/ha)	FLOR (Dias)	PROD (kg/ha)	FLOR (Dias)
REP	2	15325988.1**	201.997**	46060767.99**	54012293*
BLOCO(REP)	33	1109151.3	6315651**	1563651.03**	9.464.354
TRAT(TIPO)	133	1379279.4**	20119904**	600304.97**	21452563**
TIPO	22	3882915.6**	222585315**	1955620.55**	97555198**
ERRO	275	562044	3.112.094	344028.7	7.065.142
CV(%)		16.1	2.04	19.2	3.11
MÉDIA		5469.65	86.3	3043.89	85.2

Fonte: Da autora (2021)

Apêndice A2 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) das 152 progênies mais testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos (Kg/há) e número de dias para o florescimento (Dias). (continua)

TRAT	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
BRS Esmeralda	5269.88	92	2884.04	93	4076.96	92
BRSMG Caçula	6226.62	80	2951.36	82	4588.99	81
BRSMG Relâmpago	6104.72	87	3270.26	86	4687.49	86
CMG 1509	5886.55	89	2497.52	91	4192.04	90
CNAx20650-B-17-B	5402.31	79	3263.29	82	4332.8	81
CNAx20650-B-19-B	5824.72	78	2694.45	80	4259.59	79
CNAx20650-B-21-B	5150.86	82	2602.27	83	3876.57	83
CNAx20650-B-22-B	5353.13	77	2237.65	79	3795.39	78
CNAx20650-B-26-B	5176.27	80	2257.38	81	3716.83	81
CNAx20650-B-32-B	5942.85	80	2700.72	80	4321.78	80
CNAx20650-B-33-B	6035.12	83	3312.57	85	4673.85	84
CNAx20650-B-46-B	5520.07	83	3244.61	82	4382.34	83
CNAx20651-B-1-B	7522.46	85	3106.26	83	5314.36	84
CNAx20651-B-21-B	5217.45	81	3033.57	81	4125.51	81
CNAx20651-B-24-B	6500.66	79	2798.51	83	4649.58	81
CNAx20651-B-29-B	6406.97	79	3079.74	83	4743.36	81
CNAx20651-B-39-B	5171.17	80	2385.62	84	3778.39	82
CNAx20651-B-5-B	6037.37	81	2785.65	85	4411.51	83
CNAx20651-B-6-B	6865.99	79	2746.21	80	4806.1	80
CNAx20651-B-7-B	6363.9	79	2589.69	83	4476.8	81
CNAx20652-B-19-B	5678.85	81	2490.41	82	4084.63	81
CNAx20652-B-1-B	3308.28	79	2299.00	86	2803.64	83
CNAx20652-B-22-B	5071.8	80	3078.08	82	4074.94	81
CNAx20652-B-24-B	5613.13	78	2585.44	80	4099.29	79

Apêndice A2 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) das 152 progênies mais testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos (Kg/há) e número de dias para o florescimento (Dias). (continua)

TRAT	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
CNAx20652-B-2-B	5749.48	84	2564.15	86	4156.82	85
CNAx20652-B-30-B	5467.93	82	1880.85	86	3674.39	84
CNAx20652-B-4-B	4993.	85	3123.76	87	4058.38	86
CNAx20652-B-5-B	4758.09	87	1829.94	87	3294.02	87
CNAx20653-B-2-B	5771.26	87	3212.39	84	4491.82	85
CNAx20653-B-3-B	4936.89	91	2772.58	91	3854.74	91
CNAx20653-B-4-B	5600.35	87	4146.41	82	4873.38	85
CNAx20653-B-5-B	4772.88	88	3507.47	85	4140.17	87
CNAx20653-B-6-B	4563.67	87	3993.23	83	4278.45	85
CNAx20653-B-7-B	4796.73	92	3815.92	90	4306.32	91
CNAx20653-B-8-B	3588.2	93	2940.61	91	3264.41	92
CNAx20653-B-9-B	5524.43	87	3132.82	84	4328.62	85
CNAx20654-B-10-B	4994.97	83	3778.24	83	4386.61	83
CNAx20654-B-12-B	6142.78	87	3994.06	85	5068.42	86
CNAx20654-B-13-B	5744.3	85	2711.89	83	4228.09	84
CNAx20654-B-14-B	4897.84	92	3553.9	91	4225.87	92
CNAx20654-B-15-B	5296.97	91	3050.	84	4173.49	88
CNAx20654-B-7-B	5258.76	89	2294.88	87	3776.82	88
CNAx20654-B-8-B	4543.77	92	3318.2	93	3930.99	93
CNAx20654-B-9-B	6244.86	86	3292.55	83	4768.7	84
CNAx20655-B-12-B	5465.98	88	2458.59	86	3962.28	87
CNAx20655-B-13-B	5175.7	91	3347.43	86	4261.56	89
CNAx20655-B-2-B	6113.7	87	3328.63	85	4721.17	86
CNAx20655-B-4-B	6134.8	87	2502.75	84	4318.78	86

Apêndice A2 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) das 152 progênies mais testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos (Kg/há) e número de dias para o florescimento (Dias). (continua)

TRAT	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
CNAx20655-B-5-B	4493.79	87	2395.39	86	3444.59	87
CNAx20655-B-6-B	5888.35	86	2602.75	81	4245.55	83
CNAx20655-B-8-B	4850.13	88	3650.02	86	4250.08	87
CNAx20655-B-9-B	4039.44	85	2400.28	85	3219.86	85
CNAx20656-B-10-B	4478.75	91	3662.19	88	4070.47	90
CNAx20656-B-14-B	4528.27	90	3436.47	88	3982.37	89
CNAx20656-B-15-B	5262.6	89	3392.91	87	4327.76	88
CNAx20656-B-1-B	3674.27	92	3069.16	90	3371.72	91
CNAx20656-B-3-B	5224.24	91	3016.7	87	4120.47	89
CNAx20656-B-4-B	4931.38	94	3313.45	88	4122.42	91
CNAx20656-B-5-B	4889.42	90	2465.43	89	3677.42	90
CNAx20656-B-7-B	4913.71	90	3598.64	89	4256.17	90
CNAx20657-B-1-B	6378.46	76	3764.35	86	5071.41	81
CNAx20657-B-2-B	6459.15	85	3794.93	83	5127.04	84
CNAx20657-B-3-B	5101.06	81	2917.67	80	4009.37	81
CNAx20657-B-4-B	5040.19	86	3319.34	84	4179.76	85
CNAx20657-B-5-B	4286.04	76	2906.18	86	3596.11	81
CNAx20657-B-6-B	5293.06	84	2897.46	83	4095.26	84
CNAx20657-B-7-B	4883.79	84	2255.36	85	3569.58	84
CNAx20657-B-8-B	5526.74	82	3393.02	80	4459.88	81
CNAx20658-B-10-B	4647.28	84	3153.39	81	3900.33	82
CNAx20658-B-11-B	4024.21	88	3038.32	88	3531.27	88
CNAx20658-B-12-B	5416.59	81	2844.81	80	4130.7	81

Apêndice A2 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) das 152 progênies mais testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos (Kg/há) e número de dias para o florescimento (Dias). (continua)

TRAT	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
CNAx20658-B-13-B	5032.98	87	3895.43	87	4464.2	87
CNAx20658-B-14-B	5480.78	89	3504.64	88	4492.71	88
CNAx20658-B-15-B	4993.02	88	2795.71	88	3894.36	88
CNAx20658-B-4-B	5923.53	83	3484.07	84	4703.8	84
CNAx20659-B-15-B	5569.73	84	2689.22	84	4129.48	84
CNAx20659-B-16-B	4809.92	92	2968.14	92	3889.03	92
CNAx20659-B-2-B	6101.34	86	2619.08	86	4360.21	86
CNAx20659-B-3-B	4970.86	93	3304.12	91	4137.49	92
CNAx20659-B-4-B	6127.33	86	2985.19	87	4556.26	86
CNAx20659-B-6-B	5389.42	88	2653.44	85	4021.43	87
CNAx20660-B-10-B	4464.57	90	2845.2	89	3654.88	90
CNAx20660-B-11-B	4198.36	93	3116.23	88	3657.29	90
CNAx20660-B-12-B	5964.07	91	3355.77	87	4659.92	89
CNAx20660-B-14-B	4972.36	91	3306.66	92	4139.51	91
CNAx20660-B-16-B	5363.68	90	3536.82	90	4450.25	90
CNAx20660-B-3-B	4399.66	89	3734.67	86	4067.17	88
CNAx20660-B-5-B	4670.11	89	3025.63	86	3847.87	87
CNAx20660-B-9-B	5003.92	90	2292.61	87	3648.26	88
CNAx20661-B-10-B	5611.47	89	2867.42	87	4239.44	88
CNAx20661-B-12-B	5607.09	87	3409.12	82	4508.11	84
CNAx20661-B-14-B	6253.24	89	4178.4	86	5215.82	87
CNAx20661-B-1-B	5886.66	90	3437.79	87	4662.23	88
CNAx20661-B-2-B	6116.69	76	3810.08	82	4963.39	79

Apêndice A2 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) das 152 progênies mais testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos (Kg/há) e número de dias para o florescimento (Dias). (continua)

TRAT	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
CNAx20661-B-4-B	5203.38	84	2814.46	80	4008.92	82
CNAx20661-B-8-B	5237.67	92	2480.27	91	3858.97	92
CNAx20661-B-9-B	6651.52	85	3113.63	85	4882.58	85
CNAx20662-B-11-B	5422.27	89	3984.27	87	4703.27	88
CNAx20662-B-12-B	4722.51	89	3002.88	82	3862.7	86
CNAx20662-B-3-B	5535.4	90	3190.23	89	4362.81	90
CNAx20662-B-5-B	6403.28	86	2790.48	83	4596.88	85
CNAx20662-B-7-B	4383.4	91	3770.92	91	4077.16	91
CNAx20663-B-10-B	5808.13	89	3017.88	88	4413.	88
CNAx20663-B-13-B	3943.79	89	3029.86	88	3486.83	88
CNAx20663-B-14-B	6687.21	81	2314.34	80	4500.78	81
CNAx20663-B-15-B	4256.68	88	3381.58	86	3819.13	87
CNAx20663-B-3-B	4161.4	88	3736.22	85	3948.81	87
CNAx20663-B-4-B	5295.5	89	2379.49	90	3837.49	90
CNAx20663-B-5-B	6229.66	80	3025.11	81	4627.38	80
CNAx20663-B-9-B	4738.03	90	2760.67	87	3749.35	89
CNAx20664-B-14-B	5553.86	92	3244.06	90	4398.96	91
CNAx20664-B-15-B	4762.22	92	3454.73	88	4108.48	90
CNAx20664-B-1-B	5712.98	91	3500.68	92	4606.83	92
CNAx20664-B-3-B	5765.58	93	3875.98	90	4820.78	92
CNAx20664-B-4-B	5534.04	93	3488.92	90	4511.48	91
CNAx20664-B-5-B	6370.99	96	3740.15	89	5055.57	92
CNAx20664-B-7-B	4282.54	90	2494.74	88	3388.64	89

Apêndice A2 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) das 152 progênies mais testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos (Kg/há) e número de dias para o florescimento (Dias). (continua)

TRAT	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
CNAx20664-B-9-B	5133.89	92	3281.86	90	4207.87	91
CNAx20665-B-10-B	7631.81	81	3211.27	80	5421.54	81
CNAx20665-B-15-B	6125.67	83	2950.02	83	4537.85	83
CNAx20665-B-1-B	6404.86	82	3328.58	82	4866.72	82
CNAx20665-B-2-B	6259.69	83	3519.17	85	4889.43	84
CNAx20665-B-3-B	5142.72	83	3566.64	82	4354.68	83
CNAx20665-B-4-B	4678.06	85	3947.6	83	4312.83	84
CNAx20665-B-5-B	7473.94	82	3377.85	80	5425.89	81
CNAx20665-B-6-B	6912.93	82	3713.41	81	5313.17	81
CNAx20666-B-10-B	5466.5	77	3239.32	84	4352.91	81
CNAx20666-B-11-B	6809.09	81	3422.4	80	5115.75	81
CNAx20666-B-13-B	6389.07	82	3372.82	83	4880.95	83
CNAx20666-B-15-B	5707.64	82	2232.25	83	3969.94	83
CNAx20666-B-16-B	7101.88	88	2776.81	86	4939.34	87
CNAx20666-B-1-B	5664.04	80	4123.21	81	4893.63	80
CNAx20666-B-5-B	6301.22	84	3066.48	83	4683.85	84
CNAx20666-B-8-B	5019.81	81	3100.56	80	4060.19	81
CNAx20667-B-11-B	6334.47	89	1487.4	89	3910.94	89
CNAx20667-B-13-B	5816.22	84	2311.19	82	4063.7	83
CNAx20667-B-16-B	5013.22	86	2323.76	85	3668.49	86
CNAx20667-B-1-B	6611.64	81	2934.67	83	4773.16	82
CNAx20667-B-3-B	6056.75	88	1912.52	86	3984.64	87
CNAx20667-B-4-B	6452.2	85	2758.25	86	4605.22	85

Apêndice A2 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) das 152 progênies mais testemunhas, para os caracteres produtividade de grãos (Kg/há) e número de dias para o florescimento (Dias). (conclusão)

TRAT	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
CNAx20667-B-6-B	5155.55	82	2498.27	89	3826.91	86
CNAx20667-B-8-B	7127.43	81	2144.63	83	4636.03	82
CNAx20668-B-15-B	6062.88	85	2883.56	85	4473.22	85
CNAx20668-B-16-B	5489.96	79	2815.66	82	4152.81	81
CNAx20668-B-17-B	4939.05	88	3519.27	85	4229.16	86
CNAx20668-B-4-B	5700.54	84	2681.78	82	4191.16	83
CNAx20668-B-5-B	5669.33	91	1952.39	88	3810.86	90
CNAx20668-B-6-B	6541.81	91	2244.61	88	4393.21	90
CNAx20668-B-7-B	4475.79	79	3406.15	80	3940.97	79
CNAx20668-B-9-B	5306.79	82	2884.78	82	4095.78	82

Fonte: Da autora (2021).

Apêndice A3 – Média conjunta e dos ambientes de Lavras e Santo Antônio do Goiás (SAG) dos 19 cruzamentos, para os caracteres produtividade de grãos (kg/ha) e número de dias para o florescimento (Dias).

CRUZAMENTO	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
	PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)	(kg/ha)	(Dias)
CNAx20650	5550.7	80	2789.1	82	4169.9	81
CNAx20651	6260.7	81	2815.7	83	4538.2	82
CNAx20652	5080.1	82	2481.5	85	3780.8	83
CNAx20653	4944.3	89	3440.2	86	4192.2	88
CNAx20654	5390.5	88	3249.2	86	4319.9	87
CNAx20655	5270.2	88	2835.7	85	4053.0	86
CNAx20656	4737.8	91	3244.4	88	3991.1	90
CNAx20657	5371.1	85	3156.0	83	4263.5	84
CNAx20658	5075.9	86	3264.2	86	4170.0	86
CNAx20659	5538.6	88	2768.5	86	4153.5	87
CNAx20660	4879.6	91	3151.7	88	4015.6	89
CNAx20661	5821.0	88	3263.9	85	4542.4	87
CNAx20662	5319.0	90	3421.3	86	4370.2	88
CNAx20663	5140.0	87	2955.6	86	4047.8	86
CNAx20664	5389.5	92	3385.1	90	4387.3	91
CNAx20665	6328.7	83	3451.8	82	4890.3	83
CNAx20666	6057.4	82	3166.7	83	4612.1	83
CNAx20667	6070.9	85	2296.3	85	4183.6	85
CNAx20668	5523.3	85	2798.5	84	4160.9	85

Fonte: Da autora (2021).

Apêndice A4 – Genótipos selecionados de 13 subpopulações, para recombinação para o ciclo I de seleção recorrente para precocidade e produtividade de grãos em arroz e suas médias conjunta, do ambiente de Lavras e Santo Antônio do Goiás para produtividade de grãos (kg/ha) e número de dias para o florescimento (dias).

CRUZ	SUBPOPULAÇÃO	LAVRAS		SAG		MÉDIA	
		PROD	FLOR	PROD	FLOR	PROD	FLOR
		Kg/ha	Dias	kg/ha	Dias	Kg/ha	Dias
1X2	CNAx20650	5348.31	79	3260.29	82	4332.80	81
2X6	CNAx20653	5600.35	87	4146.41	82	4873.38	85
3X6	CNAx20657	6378.46	76	3764.35	86	5071.41	81
4X6	CNAx20661	6116.69	76	3810.08	82	4963.39	79
5X6	CNAx20665	7473.94	82	3377.85	80	5425.89	81
5X6	CNAx20665	6912.93	82	3713.41	81	5313.17	81
1X7	CNAx20651	6406.97	79	3079.74	83	4806.10	81
2X7	CNAx20654	6244.86	86	3292.55	83	4768.7	84
3X7	CNAx20658	5416.59	81	2844.81	80	4130.7	81
5X7	CNAx20666	5664.04	80	4123.21	81	4893.63	80
5X9	CNAx20668	4475.79	79	3406.15	80	3940.97	79
1X8	CNAx20652	5071.8	80	3078.08	82	3674.39	81
4X8	CNAx20663	6229.66	80	3025.11	81	4627.38	80
5X8	CNAx20667	6611.64	81	2934.67	83	4773.16	82

Fonte: Da autora (2021).

APÊNDICE B

Apêndice B1 – Resumo da análise de variância do ambientes de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone de pescoço (notas) e mancha de grãos (notas) das progênes F_{2:4} do ciclo 0 de seleção recorrente para precocidade e produtividade de grãos em arroz.

		QUADRADO MÉDIO						
FV	GL	PROD (kg/ha)	FLOR (Dias)	ALTURA (cm)	MP (Notas)	ESC (Notas)	BP (Notas)	MG (Notas)
TRAT	155	1774773.4 **	49.11**	152.56**	1.79**	3.07**	8.12**	2.73**
REP	2	15325988.1**	201.99**	1355.59**	19.84**	120.39**	0.10 ^{NS}	14.30**
BLOCO(REP)	33	1109151.3 ^{ns}	6.31**	111.84**	3.44**	1.86**	2.93**	2.81**
ERRO	277	779269.5	3.11	29.82	1.04	0.89	1.27	1.02
CV(%)		16.13	2.04	5.64	41.8	43.3	44.4	49.4
ACURÁCIA(%)		74.89	96.77	89.69	64.78	84.16	91.71	79.16
MÉDIA		5469.65	86	96.74	2.44	2.18	2.54	2.04

ns- não significativo; *- significativo a 5%; **- significativo a 1%

¹ PROD: Produtividade de grãos; FLOR: Número de dias para o florescimento; MP: mancha parda; ESC: escaldadura; BP: brusone de pescoço; MG: mancha de grão

Fonte: Da autora (2021).

Apêndice B2 – Resumo da análise de variância do ambientes de Santo Antônio do Goiás para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone de pescoço (notas) e mancha de grãos (notas) das progênes F_{2:4} do ciclo 0 de seleção recorrente para precocidade e produtividade de grãos em arroz.

		QUADRADO MÉDIO						
FV	GL	PROD	FLOR	ALTURA	MP	ESC	BP	MG
		(kg/ha)	(Dias)	(cm)	(Notas)	(Notas)	(Notas)	(Notas)
TRAT	155	802525.3**	32.50**	123.84**	3.09**	2.18**	1.70**	1.09**
REP	2	46060768.0**	54.01**	108.48 ^{ns}	14.46**	30.48**	10.36**	18.24**
BLOCO(REP)	33	1563651.0**	9.46 ^{ns}	48.04**	2.96**	2.13**	1.57*	1.87**
ERRO	277	344028.7	7.06	24.32	1.38	1.00	1.01	0.48
CV(%)		19.26	3.11	6.14	34.1	26.4	74.3	23.2
ACURÁCIA(%)		75.58	88.46	89.42	74.26	73.58	63.74	74.38
MÉDIA		3043.891	85	80.29	3.44	3.79	1.35	3.01

ns- não significativo; *- significativo a 5%; **- significativo a 1%

¹ PROD: Produtividade de grãos; FLOR: Número de dias para o florescimento; MP: mancha parda; ESC: escaldadura; BP: brusone de pescoço; MG: mancha de grãos

Fonte: Da autora (2021).

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (continua)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
1	Caçula	78 a1	5004 a1	103.9 a2	3 a1	4 a1	4 a1	70.6 a2	46.2 a2	6.65 a3	2.00 a2	3.33 a1
2	Esmeralda	94 a4	5251 a1	104.6 a2	5 a1	8 a1	5 a1	70.7 a2	54.2 a2	6.85 a4	2.00 a2	3.43 a2
3	GEN F _{2.5}	81 a1	3964 a1	99.0 a2	2 a1	4 a1	2 a1	69.4 a1	52.2 a2	6.50 a2	1.95 a2	3.33 a1
4	GEN F _{2.5}	82 a2	4836 a1	97.1 a2	4 a1	5 a1	5 a1	70.9 a2	23.9 a1	6.75 a3	1.95 a2	3.48 a2
5	GEN F _{2.5}	84 a2	3498 a1	99.9 a2	3 a1	4 a1	3 a1	69.7 a2	34.9 a1	6.70 a3	2.05 a2	3.27 a1
6	GEN F _{2.5}	83 a2	5575 a1	108.5 a2	4 a1	4 a1	3 a1	72.3 a2	45.8 a1	6.90 a4	1.85 a1	3.73 a3
7	GEN F _{2.5}	72 a1	3855 a1	104.6 a2	5 a1	6 a1	4 a1	69.9 a1	38.7 a1	6.85 a4	1.90 a2	3.61 a3
8	GEN F _{2.5}	78 a1	4136 a1	110.1 a2	2 a1	4 a1	2 a1	70.6 a2	47.4 a1	6.70 a3	1.90 a2	3.53 a2
9	GEN F _{2.5}	77 a1	5856 a1	111.1 a2	5 a1	5 a1	5 a1	72.1 a2	40.5 a1	6.70 a3	1.85 a1	3.63 a3
10	GEN F _{2.5}	92 a3	5259 a1	108.1 a2	2 a1	4 a1	3 a1	68.4 a1	33.1 a1	6.60 a3	1.90 a2	3.47 a2
11	GEN F _{2.5}	84 a2	3902 a1	82.7 a1	3 a1	5 a1	5 a1	72.5 a2	47.2 a2	6.50 a2	1.90 a2	3.42 a2
12	GEN F _{2.5}	90 a3	5602 a1	94.6 a1	2 a1	5 a1	3 a1	72.9 a2	31.4 a1	6.85 a4	1.90 a2	3.61 a3
13	GEN F _{2.5}	76 a1	2760 a1	86.7 a1	4 a1	4 a1	2 a1	72.3 a2	49.1 a2	7.20 a5	1.90 a2	3.79 a4
14	GEN F _{2.5}	87 a2	5573 a1	102.7 a2	4 a1	7 a1	6 a1	70.7 a2	45.2 a2	6.50 a2	2.00 a2	3.25 a1

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (continua)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
15	GEN F _{2:5}	92 a3	4890 a1	92.7 a1	4 a1	6 a1	5 a1	70.4 a1	50.5 a2	6.90 a4	1.90 a2	3.63 a3
16	GEN F _{2:5}	91 a3	5838 a1	98.7 a2	3 a1	5 a1	5 a1	68.0 a1	34.5 a1	6.55 a3	1.80 a1	3.64 a3
17	GEN F _{2:5}	85 a2	5366 a1	117.2 a2	3 a1	6 a1	3 a1	71.7 a2	55.6 a2	6.45 a2	1.90 a2	3.39 a2
18	GEN F _{2:5}	86 a2	5281 a1	101.9 a2	2 a1	3 a1	2 a1	68.9 a1	35.0 a1	6.55 a3	1.90 a2	3.45 a2
19	GEN F _{2:5}	80 a2	7100 a1	105.5 a2	2 a1	5 a1	4 a1	68.4 a1	41.1 a1	6.40 a2	2.00 a2	3.20 a1
20	GEN F _{2:5}	81 a2	5645 a1	96.3 a1	2 a1	7 a1	4 a1	69.2 a1	48.2 a2	6.40 a2	2.00 a2	3.20 a1
21	GEN F _{2:5}	84 a2	4370 a1	93.7 a1	6 a1	5 a1	5 a1	70.5 a2	45.1 a2	6.75 a3	1.90 a2	3.55 a3
22	GEN F _{2:5}	82 a2	5011 a1	112.6 a2	3 a1	5 a1	3 a1	69.0 a1	32.2 a1	6.65 a3	1.95 a2	3.41 a2
23	GEN F _{2:5}	78 a1	6122 a1	106.0 a2	3 a1	6 a1	4 a1	70.3 a2	45.8 a1	6.25 a1	2.00 a2	3.13 a1
24	GEN F _{2:5}	80 a1	3579 a1	103.3 a2	5 a1	5 a1	5 a1	70.2 a2	39.6 a1	6.75 a3	1.95 a2	3.46 a2
25	GEN F _{2:5}	92 a4	4565 a1	98.9 a2	4 a1	5 a1	4 a1	71.0 a2	46.0 a2	6.75 a3	1.95 a2	3.47 a2
26	GEN F _{2:5}	86 a2	4421 a1	99.1 a2	4 a1	5 a1	5 a1	73.7 a2	42.2 a1	6.55 a3	2.00 a2	3.28 a1
27	GEN F _{2:5}	94 a3	4982 a1	105.2 a2	6 a1	6 a1	6 a1	71.8 a2	37.8 a1	7.35 a5	1.90 a2	3.87 a4
28	GEN F _{2:5}	78 a1	5370 a1	109.0 a2	5 a1	7 a1	7 a1	72.4 a2	47.2 a2	6.10 a1	1.90 a2	3.21 a1

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (continua)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
29	GEN F _{4:6}	92 a3	4662 a1	99.5 a2	2 a1	4 a1	4 a1	70.6 a2	45.2 a2	6.40 a2	1.85 a1	3.46 a2
30	GEN F _{4:6}	95 a4	5600 a1	92.8 a1	3 a1	4 a1	3 a1	69.9 a2	42.9 a2	6.55 a3	1.70 a1	3.85 a4
31	GEN F _{4:6}	97 a5	5841 a1	103.7 a2	3 a1	3 a1	2 a1	70.4 a2	44.1 a2	6.20 a1	1.90 a2	3.26 a1
32	GEN F _{4:6}	98 a5	5202 a1	109.1 a2	4 a1	6 a1	2 a1	70.9 a2	42.5 a1	6.40 a2	1.80 a1	3.56 a3
33	GEN F _{4:6}	97 a5	4555 a1	105.1 a2	3 a1	4 a1	3 a1	71.9 a2	47.9 a2	6.10 a1	1.75 a1	3.49 a2
34	GEN F _{4:6}	101 a6	4816 a1	89.2 a1	1 a1	3 a1	2 a1	69.6 a1	51.1 a2	6.35 a2	1.80 a1	3.53 a2
35	GEN F _{4:6}	92 a3	4125 a1	97.1 a1	4 a1	4 a1	3 a1	71.4 a2	40.0 a1	6.55 a3	1.85 a1	3.55 a3
36	GEN F _{4:6}	93 a4	4195 a1	89.2 a1	4 a1	4 a1	3 a1	69.9 a1	40.3 a1	6.80 a4	1.95 a2	3.49 a2
37	GEN F _{4:6}	92 a3	6679 a1	91.5 a2	4 a1	5 a1	4 a1	73.9 a2	48.9 a2	6.40 a2	2.00 a2	3.20 a1
38	GEN F _{4:6}	92 a3	6033 a1	99.5 a2	3 a1	4 a1	3 a1	73.3 a2	32.4 a1	6.60 a3	1.80 a1	3.67 a3
39	GEN F _{4:6}	92 a3	5620 a1	94.7 a2	3 a1	3 a1	2 a1	71.8 a2	39.1 a1	6.45 a2	1.70 a1	3.79 a4
40	GEN F _{4:6}	100 a4	4612 a1	83.4 a1	3 a1	4 a1	3 a1	70.9 a2	58.2 a2	6.50 a2	2.00 a2	3.25 a1
41	GEN F _{4:6}	96 a4	5285 a1	82.4 a1	2 a1	4 a1	3 a1	73.4 a2	48.3 a2	6.50 a2	1.85 a1	3.51 a2
42	GEN F _{4:6}	98 a4	4180 a1	76.3 a1	3 a1	3 a1	2 a1	68.5 a1	43.2 a1	6.60 a3	2.00 a2	3.30 a1

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (continua)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
43	GEN F _{4:6}	97 a4	5199 a1	99.2 a2	2 a1	3 a1	3 a1	72.7 a2	61.8 a2	6.40 a2	1.85 a1	3.46 a2
44	GEN F _{4:6}	91 a3	5439 a1	94.0 a1	3 a1	5 a1	4 a1	72.5 a2	48.9 a2	6.35 a2	1.85 a1	3.43 a2
45	GEN F _{4:6}	90 a3	6104 a1	94.8 a2	3 a1	4 a1	4 a1	70.7 a2	54.3 a2	6.30 a2	1.90 a2	3.32 a1
46	GEN F _{4:6}	92 a4	4118 a1	82.9 a1	2 a1	4 a1	2 a1	70.6 a2	23.6 a1	6.05 a1	1.80 a1	3.36 a2
47	GEN F _{4:6}	86 a2	5759 a1	82.0 a1	2 a1	3 a1	2 a1	70.9 a2	52.7 a2	6.10 a1	1.95 a2	3.13 a1
48	GEN F _{4:6}	82 a2	4886 a1	80.5 a1	3 a1	7 a1	5 a1	73.3 a2	48.2 a2	6.20 a1	1.90 a2	3.26 a1
49	GEN F _{4:6}	94 a3	5470 a1	85.0 a1	2 a1	4 a1	2 a1	69.1 a1	37.6 a1	6.25 a1	1.85 a1	3.38 a2
50	GEN F _{4:6}	94 a3	5543 a1	77.1 a1	2 a1	3 a1	2 a1	68.3 a1	30.6 a1	6.80 a4	1.85 a1	3.69 a3
51	GEN F _{4:6}	101 a5	5734 a1	96.8 a1	2 a1	4 a1	3 a1	68.8 a1	40.1 a1	6.50 a2	1.80 a1	3.61 a3
52	GEN F _{4:6}	98 a5	6175 a1	95.3 a1	3 a1	5 a1	3 a1	67.8 a1	44.1 a2	6.65 a3	1.80 a1	3.69 a3
53	GEN F _{4:6}	93 a3	4643 a1	88.7 a1	3 a1	6 a1	5 a1	68.7 a1	37.1 a1	6.85 a4	1.70 a1	4.03 a5
54	GEN F _{4:6}	96 a3	5045 a1	95.3 a1	2 a1	2 a1	2 a1	70.9 a2	45.6 a2	6.45 a2	1.85 a1	3.49 a2
55	GEN F _{4:6}	93 a3	5951 a1	102.9 a2	4 a1	3 a1	3 a1	71.1 a2	48.9 a2	7.05 a5	1.95 a2	3.62 a3
56	GEN F _{4:6}	98 a4	4646 a1	91.9 a1	5 a1	5 a1	4 a1	68.9 a1	44.3 a2	6.15 a1	1.90 a2	3.24 a1

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (continua)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
57	GEN F _{4:6}	89 a3	5676 a1	96.3 a1	3 a1	4 a1	3 a1	71.5 a2	41.3 a1	6.15 a1	1.80 a1	3.42 a2
58	GEN F _{4:6}	89 a2	4998 a1	85.4 a1	5 a1	4 a1	3 a1	69.9 a2	45.2 a2	6.35 a2	1.90 a2	3.34 a2
59	GEN F _{4:6}	91 a3	6314 a1	103.1 a2	1 a1	4 a1	3 a1	70.4 a1	43.0 a1	6.60 a3	1.80 a1	3.67 a3
60	GEN F _{4:6}	92 a3	5681 a1	89.7 a1	2 a1	3 a1	2 a1	73.7 a2	57.9 a2	6.25 a1	1.80 a1	3.47 a2
61	GEN F _{4:6}	98 a4	6028 a1	91.2 a1	3 a1	4 a1	4 a1	74.9 a2	55.2 a2	6.35 a2	1.85 a1	3.43 a2
62	GEN F _{4:6}	90 a3	3994 a1	92.0 a1	3 a1	4 a1	3 a1	70.8 a2	44.2 a1	5.90 a1	1.90 a2	3.11 a1
63	GEN F _{4:6}	76 a1	4927 a1	93.3 a1	7 a1	5 a1	4 a1	72.1 a2	52.9 a2	5.90 a1	1.85 a1	3.19 a1
64	GEN F _{4:6}	97 a4	6052 a1	97.4 a2	2 a1	3 a1	2 a1	69.7 a2	51.6 a2	6.40 a2	1.90 a2	3.37 a2
65	GEN F _{4:6}	98 a5	5452 a1	99.8 a2	1 a1	3 a1	1 a1	71.6 a2	46.2 a2	6.20 a1	1.80 a1	3.44 a2
66	GEN F _{4:6}	95 a3	5694 a1	102.4 a2	4 a1	5 a1	5 a1	68.5 a1	47.2 a2	6.40 a2	1.75 a1	3.66 a3
67	GEN F _{4:6}	98 a5	4378 a1	87.7 a1	5 a1	3 a1	3 a1	70.1 a2	48.2 a2	6.50 a2	1.85 a1	3.51 a2
68	GEN F _{4:6}	97 a4	4800 a1	86.6 a1	1 a1	2 a1	1 a1	68.1 a1	41.6 a1	6.55 a3	1.70 a1	3.85 a4
69	GEN F _{4:6}	98 a5	4968 a1	93.4 a1	2 a1	3 a1	3 a1	69.9 a2	58.0 a2	6.55 a3	1.90 a2	3.45 a2
70	GEN F _{4:6}	80 a1	4776 a1	92.7 a1	3 a1	4 a1	4 a1	69.6 a1	53.9 a2	6.60 a3	1.75 a1	3.78 a4

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (continua)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
71	GEN F _{4:6}	95 a4	5873 a1	98.0 a2	4 a1	4 a1	4 a1	71.5 a2	54.6 a2	6.75 a3	1.90 a2	3.55 a3
72	GEN F _{4:6}	96 a3	5855 a1	85.2 a1	3 a1	4 a1	4 a1	71.1 a2	40.7 a1	6.40 a2	1.90 a2	3.37 a2
73	GEN F _{4:6}	96 a3	5554 a1	86.2 a1	3 a1	3 a1	3 a1	68.1 a1	39.4 a1	6.90 a4	1.70 a1	4.06 a5
74	GEN F _{4:6}	91 a3	5020 a1	93.4 a1	4 a1	3 a1	3 a1	64.0 a1	39.4 a1	6.95 a4	1.75 a1	3.97 a5
75	GEN F _{4:6}	92 a3	5974 a1	90.7 a1	2 a1	4 a1	3 a1	68.2 a1	42.6 a1	6.80 a4	1.70 a1	4.00 a5
76	GEN F _{4:6}	95 a4	4687 a1	88.6 a1	2 a1	3 a1	2 a1	70.6 a2	45.1 a2	6.50 a2	1.90 a2	3.42 a2
77	GEN F _{4:6}	100 a4	4878 a1	100.2 a2	2 a1	4 a1	3 a1	68.3 a1	31.9 a1	6.10 a1	1.75 a1	3.49 a2
78	GEN F _{4:6}	96 a5	6416 a1	96.2 a1	3 a1	4 a1	4 a1	69.3 a2	43.5 a2	6.45 a2	1.90 a2	3.39 a2
79	GEN F _{4:6}	84 a2	5682 a1	96.0 a2	4 a1	5 a1	5 a1	69.7 a2	44.9 a2	6.30 a2	1.80 a1	3.51 a2
80	GEN F _{4:6}	90 a3	5333 a1	99.1 a2	1 a1	3 a1	3 a1	66.4 a1	38.0 a1	6.25 a1	1.80 a1	3.47 a2
81	GEN F _{4:6}	78 a1	5557 a1	96.8 a2	4 a1	4 a1	3 a1	70.4 a1	35.7 a1	6.20 a1	1.75 a1	3.57 a3
82	GEN F _{4:6}	93 a3	3886 a1	82.8 a1	6 a1	5 a1	5 a1	70.1 a2	55.2 a2	6.80 a4	1.80 a1	3.78 a4
83	GEN F _{4:6}	91 a3	5858 a1	89.4 a1	2 a1	3 a1	1 a1	69.5 a1	44.1 a2	6.65 a3	1.85 a1	3.60 a3
84	GEN F _{4:6}	96 a4	4582 a1	80.7 a1	6 a1	5 a1	5 a1	64.0 a1	33.0 a1	6.35 a2	1.95 a2	3.25 a1

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (continua)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
85	GEN F _{4:6}	99 a4	6520 a1	104.2 a2	3 a1	3 a1	3 a1	70.9 a2	48.8 a2	6.30 a2	1.80 a1	3.50 a2
86	GEN F _{4:6}	90 a3	4699 a1	86.7 a1	3 a1	3 a1	2 a1	67.3 a1	38.4 a1	6.25 a1	1.90 a2	3.29 a1
87	GEN F _{4:6}	98 a4	4257 a1	76.4 a1	3 a1	4 a1	3 a1	69.7 a2	44.1 a2	6.50 a2	1.85 a1	3.54 a2
88	GEN F _{4:6}	85 a2	6102 a1	83.3 a1	3 a1	4 a1	3 a1	68.4 a1	29.0 a1	6.35 a2	1.95 a2	3.26 a1
89	GEN F _{4:6}	102 a6	5989 a1	97.2 a2	3 a1	4 a1	2 a1	72.4 a2	51.1 a2	6.50 a2	1.80 a1	3.61 a3
90	GEN F _{4:6}	85 a2	6488 a1	102.0 a2	7 a1	6 a1	5 a1	72.0 a2	45.4 a2	6.75 a3	1.90 a2	3.56 a3
91	GEN F _{4:6}	95 a3	4532 a1	90.1 a1	4 a1	6 a1	5 a1	73.4 a2	36.4 a1	6.60 a3	1.75 a1	3.77 a4
92	GEN F _{4:6}	98 a4	4965 a1	97.0 a2	0.5 a1	3 a1	3 a1	72.3 a2	42.0 a2	6.75 a3	1.80 a1	3.75 a4
93	GEN F _{4:6}	92 a3	4297 a1	95.4 a2	3 a1	4 a1	3 a1	71.1 a2	41.1 a1	6.45 a2	1.85 a1	3.49 a2
94	GEN F _{4:6}	103 a6	4263 a1	97.1 a1	3 a1	2 a1	2 a1	72.7 a2	51.7 a2	5.95 a1	1.75 a1	3.42 a2
95	GEN F _{4:6}	95 a3	7788 a1	114.4 a2	5 a1	4 a1	4 a1	72.5 a2	48.1 a2	6.65 a3	1.85 a1	3.60 a3
96	GEN F _{4:6}	96 a3	4415 a1	85.7 a1	2 a1	3 a1	2 a1	69.2 a1	46.4 a2	6.60 a3	1.80 a1	3.67 a3
97	GEN F _{4:6}	97 a5	4066 a1	101.4 a2	3 a1	5 a1	4 a1	69.1 a1	36.8 a1	6.05 a1	1.90 a2	3.18 a1
98	GEN F _{4:6}	105 a6	5027 a1	92.6 a1	2 a1	3 a1	2 a1	69.1 a1	57.4 a2	6.30 a2	2.00 a2	3.15 a1

Apêndice B3 – Agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ($p \leq 0,05$) das progênies do Ensaio de Observação do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras para os caracteres: produtividade de grãos (kg/ha), número de dias para o florescimento (dias), altura (cm), mancha parda (notas), escaldadura (notas), brusone foliar (notas), renda (g), rendimento (g), comprimento (cm), largura (cm) e relação comprimento/largura (cm). (conclusão)

TRAT	Origem ¹	FLOR ¹	PROD ¹	ALTURA	ESC ¹	MP ¹	BF ¹	RENDA	RENDI ¹	COMP ¹	LARGURA	C/L ¹
99	GEN F _{4:6}	97 a4	5481 a1	108.9 a2	1 a1	4 a1	3 a1	68.0 a1	56.2 a2	6.35 a2	1.85 a1	3.43 a2
100	GEN F _{4:6}	97 a4	5237 a1	98.5 a2	1 a1	3 a1	2 a1	64.8 a1	44.1 a2	6.60 a3	1.80 a1	3.67 a3

¹ PROD: Produtividade de grãos; FLOR: Número de dias para o florescimento; MP: Mancha parda; ESC: Escaldadura; BF: Brusone foliar; Rendi: Rendimento; COMP: Comprimento; C/L: Relação comprimento/largura. GEN F_{2:5}: Genótipos selecionados da população base de seleção recorrente UFLA-P1; GEN F_{4:6}: Genótipos F_{4:6} oriundos do Ensaio de Observação

Fonte: Da autora (2021).