

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Dissertação

**Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes
em arroz**

Raíssa Martins da Silva

Pelotas, 2016

Raíssa Martins da Silva

**Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes em
arroz**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de mestre em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientador: Antonio Costa de Oliveira, Ph.D. – FAEM/UFPeI

Co-orientadora: Camila Pegoraro, Dr^a. – FAEM/UFPeI

Pelotas, 2016

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

S586c Silva, Raíssa Martins da

Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes em arroz / Raíssa Martins da Silva ; Antonio Costa de Oliveira, Camila Pegoraro, orientadores. — Pelotas, 2016.

77 f. : il.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2016.

1. *Oryza sativa* L. . 2. Cruzamento recíproco. 3. Classes fenotípicas. 4. Componentes da variância. I. Oliveira, Antonio Costa de, orient. II. Pegoraro, Camila, orient. III. Título.

CDD : 633.18

Elaborada por Gabriela Machado Lopes CRB: 10/1842

Banca Examinadora:

Antonio Costa de Oliveira, Ph.D. - Dep. de Fitotecnia, FAEM/UFPeI

Ariano Martins de Magalhães Júnior, Dr. - Embrapa/CPACT

Maicon Nardino, Dr. - Pós-Doutorado - IFM/UFPeI

Maurício Marini Köpp, Dr. - Embrapa/CPPSUL

Dedico

A minha família, por acreditarem em sonhos

Por vezes sentimos que aquilo que fazemos não é senão uma gota de água no mar. Mas o mar seria menor se lhe faltasse uma gota”.

(Madre Teresa de Calcuta)

Agradecimentos

A Deus, pelo dom da vida, por dar-me saúde e força para a realização deste trabalho e iluminar o meu caminho.

Aos meus pais, pelo amor incondicional, apoio, força e esforço durante esta caminhada e incentivo para nunca desistir dos meus sonhos, meu eterno obrigado.

Aos meus queridos irmãos, que sempre me incentivaram, amaram, e acreditaram no meu esforço. Minha caminhada não seria a mesma sem vocês ao meu lado.

Aos meus amigos, pela amizade, carinho, e por me ampararem nas horas difíceis. Agradeço de coração à todas vocês.

Ao meu orientador Prof.Ph. D. EngºAgrºAntonio Costa de Oliveira, pela orientação e conhecimentos transmitidos.

Aos professores que contribuíram de alguma forma, incentivando meu desenvolvimento.

Meu muito obrigada.

Resumo

SILVA, Raíssa M. da. **Caracterização de linhagens endogâmicas recombinantes em arroz**. 2016. 76f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas – RS, 2016.

O arroz é uma cultura que apresenta grande importância econômica, principalmente no Rio Grande do Sul, por ser o responsável mais de 70% da produção nacional. Programas de melhoramento elevam esforços para identificar genótipos superiores com características agronômicas desejáveis, utilizando métodos como a hibridação, que objetiva formar populações segregantes e com variabilidade genética. A identificação de genótipos superiores é uma tarefa complicada, principalmente porque os caracteres de importância agronômica são quantitativos, controlados por um grande número de genes e altamente influenciados pelo ambiente. Com isso as estratégias para verificar a variabilidade genética de uma população, a predição da porção realmente herdável e o ganho por seleção do caráter de interesse tornam-se ferramentas promissoras e de grande valia para os programas de melhoramento genético de arroz. Este estudo propõe analisar a distribuição das progênes de arroz em relação aos genitores, verificando a possibilidade de identificar famílias transgressivas para planejar e direcionar futuras seleções com auxílio do ganho por seleção e a herdabilidade do caráter. Foram realizados cruzamentos recíprocos entre BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*), obteve-se 121 e 160 plantas híbridas F₁ de cada cruzamento e os avanços de geração conduzidos no campo experimental da estação Embrapa Clima Temperado (ETB), Capão do Leão – RS, até a geração F₆, juntamente com os genitores. O delineamento foi de blocos incompletos com testemunhas intercalares dispostos em quatro repetições. Com os cruzamentos é possível obter famílias segregantes transgressivas em ambas direções para todos os caracteres analisados, e o cruzamento utilizando Nipponbare como genitor materno possibilita maior segregação. A família F10 do cruzamento utilizando Nipponbare como genitor

materno e a família F36 do cruzamento utilizando BRS Querência como genitor materno, são promissoras e devem ser avaliadas em ensaios preliminares.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., cruzamento recíproco, classes fenotípicas, componentes da variância.

Abstract

SILVA, Raíssa M. da. 2016. 76f. **Characterization of inbred lines in rice.** Dissertation (Master of Science) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas – RS, 2016.

Rice is a crop that has great economic importance, especially in Rio Grande do Sul, being responsible for almost 70% of national production. Breeding programs increase efforts to identify superior genotypes with desirable agronomical traits, using methods such as hybridization, which aims to form segregating populations and increase genetic variability. The identification of superior genotypes is a complicated task, especially because the traits of agronomic importance are quantitative, controlled by a large number of genes and highly influenced by the environment. Thereby, the strategies to verify the population genetic variability, the prediction of the truly heritable fraction and the gain by selecting the target trait become promising and valuable tools for rice breeding programs. This study aims to analyze the distribution of rice progenies regarding genitors, to verify the possibility of identifying transgressive families to plan and direct future selections with the help of the gain by selection and trait heritability. Reciprocal crosses between BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) and Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*) were performed, generating 121 and 160 hybrid F₁ plants of each cross and the generation advances conducted in the experimental field of Embrapa Clima Temperado (ETB), Capão do Leão – RS, to the F₆ generation, together with parents. The design was incomplete blocks with intercalated checks in four replications. With the crosses, it was possible to get transgressive segregating families in both directions for all analyzed characters, and the cross using Nipponbare as female allows greater segregation. The F₁₀ family from the cross N x Q, and the F₃₆ family from the cross Q x N, were superior and should be further evaluated in trials.

Key-words: *Oryza sativa* L., reciprocal crosses, classes phenotypes classes, variance components.

Lista de Figuras

Capítulo 2: Classes fenotípicas e segregação de famílias na geração F₆ oriundas do cruzamento de *Oryza sativa* ssp. *indica* e *japonica*

Figura 2.1. Distribuição de frequências de 65 famílias na geração F₆ derivadas do cruzamento das cultivares Nipponbare e BRS Querência (N x Q) e de 59 famílias derivadas do cruzamento cultivares BRS Querência e Nipponbare (Q x N), para os caracteres dias para florescimento (A e B), altura de planta (C e D), número de panículas por planta (E e F) e comprimento da panícula (G e H). CGF-FAEM/UFPel, 2016..... 34

Figura 2.2. Distribuição de frequências de 65 famílias na geração F₆ derivadas do cruzamento das cultivares Nipponbare e BRS Querência (N x Q) e de 59 famílias derivadas do cruzamento cultivares BRS Querência e Nipponbare (Q x N), para os caracteres número de espiguetas estéreis por panícula (C e D), massa de cem grãos (E e F) e massa total de grãos por planta (G e H). CGF-FAEM/UFPel, 2016. 39

Figura 2.3. Dispersão gráfica de 121 famílias na geração F₆, para os caracteres dias para florescimento (A), altura de planta (B), número de panículas por planta (C) e comprimento de panícula (D), número de espiguetas férteis por panícula (E), número de espiguetas estéreis por panícula (F), massa de cem grãos (G) e massa total de grãos por planta (H). CGF-FAEM/UFPel, 2016. 40

Lista de Tabelas

Capítulo 2: Classes fenotípicas e segregação de famílias na geração F₆ oriundas do cruzamento de *Oryza sativa* ssp. *indica* e *japonica*

Tabela 2.1. Resultados da análise estatística descritiva e ANOVA dos caracteres agronômicos de arroz para as Famílias F₆, seus genitores e o conteúdo médio desses componentes. CGF-FAEM/UFPEL, 2016..... 32

Capítulo 3: Componentes de variância em famílias F₆ oriundas de cruzamento recíproco entre *Oryza sativa* sp. *indica* e *Oryza sativa* sp. *japonica*

Tabela 3.1. Estimativa de parâmetros e ganho por seleção para os caracteres de importância agronômica no cruzamento Nipponbare x BRS Querência e seu recíproco. CGF-FAEM/UFPEL, 2016. 61

Tabela 3.2. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para os caracteres dias para o florescimento (DF) e altura de planta (AP) em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016..... 64

Tabela 3.3. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para os caracteres comprimento da panícula (CP), e número de espiguetas férteis por panícula, em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016..... 67

Tabela 3.4. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para os caracteres número de espiguetas estéreis por panícula (NEE), e massa de cem grãos (MCG), em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016..... 70

Tabela 3.5. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para o caráter massa total de grãos produzidas por planta (MTG) em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016. 72

Sumário

| | |
|--|-----------|
| Resumo | 7 |
| Abstract | 9 |
| Lista de Figuras | 10 |
| Lista de Tabelas | 11 |
| Capítulo 1. Revisão Bibliográfica | 12 |
| 1.1. Classificação botânica, morfologia e origem..... | 15 |
| 1.2. Importância econômica..... | 16 |
| 1.3. Melhoramento genético do arroz | 17 |
| 1.4. Segregação em cruzamentos | 18 |
| 1.5. Componentes da variância | 19 |
| 1.6. Referências..... | 21 |
| Capítulo 2. Classes fenotípicas e segregação de famílias na geração F₆ oriundas do cruzamento de <i>Oryza sativa</i> ssp. <i>indica</i> e <i>japonica</i> | 28 |
| 2.1. Introdução..... | 27 |
| 2.2. Material e Métodos | 28 |
| 2.3. Resultados e Discussão | 30 |
| 2.4. Conclusões | 44 |
| 2.5. Referências..... | 44 |
| Capítulo 3. Componentes de variância em famílias F₆ oriundas de cruzamentos recíprocos entre <i>Oryza sativa</i> sp. <i>indica</i> e <i>Oryza sativa</i> sp. <i>japonica</i> | 35 |
| 3.1. Introdução..... | 51 |
| 3.2. Material e Métodos | 52 |
| 3.3. Resultados e discussão | 58 |
| 3.4. Conclusões | 73 |
| 3.5. Referências bibliográficas..... | 73 |
| Considerações finais | 76 |
| Referências Bibliográficas (Introdução geral) | 77 |
| Vitae | 78 |

Introdução geral

Um dos cereais mais consumidos do mundo é o arroz, sendo a maior taxa de consumo observada nos países em desenvolvimento. Cultivado em mais de 148 milhões de hectares, nos mais variados ecossistemas, fato este permitido pelo processo evolutivo que auxiliou sua adaptação às diferentes condições edafoclimáticas (Terra et al., 2013). Pela sua importância agrônômica, econômica e social, programas de melhoramento buscam o desenvolvimento de genótipos superiores com caracteres agrônômicos, industriais e culinários de interesse, e ainda elevada performance produtiva, que atendam as necessidades e preferência dos consumidores (Terres et al., 2004).

O arroz foi o segundo cereal mais produzido no Brasil na safra 2014/2015, com uma produção de 12 milhões de toneladas numa área de 2.295,1 mil ha. Na safra 2015/2016, a produção do arroz decresceu, ficando em torno de 10 milhões de toneladas, isso ocorreu devido a redução da área plantada e às condições climáticas, porém, a produtividade aumentou em 1,5% em relação a safra passada (CONAB, 2016). Esse progresso positivo na produtividade é consequência da recomendação de cultivares com elevado potencial produtivo (Magalhães Júnior et al., 2015), que graças aos esforços de programas de melhoramento em introduzir alelos favoráveis na cultura, conseguem cada vez mais respostas positivas.

A produtividade de grãos, uma das características mais almejadas para o incremento é considerada complexa, controlada por um grande número de genes, apresentando herança quantitativa, por depender da interação de vários componentes de produção e ser altamente influenciada pelo ambiente (Boldieri et al., 2010). Os componentes de produção também são enquadrados como quantitativos, com isso, a identificação de genótipos superiores, que se adequam ao ideótipo agrônômico torna-se uma tarefa complicada (Carvalho et al., 2001).

A hibridação mostra-se como ferramenta estratégica para auxiliar na ampliação da variabilidade genética, formando populações segregantes que apresentam maior frequência de recombinantes por ter variação contínua e isto contribui para sucessos com a seleção e progresso genético (Reis et al., 2004). Além disso, a identificação de transgressivos nessas populações segregantes

ajuda a nortear as decisões e o planejamento de futuras seleções, em busca de genótipos superiores.

Conhecer os componentes que estão envolvidos na manifestação do fenótipo é outra estratégia utilizada em programas de melhoramento buscando otimizá-lo, pois através da predição dos componentes da variância torna-se possível verificar a porção realmente herdável de cada caráter, o que favorece a identificação de genótipos promissores, além de prever os ganhos por seleção (Leite et al., 2015), que só é possível se for introduzida variabilidade genética adicional às populações em processo de melhoramento (Cordeiro et al., 2011).

Analisando a necessidade de ampliar o conhecimento em relação à influência da variabilidade genética de uma população formada por hibridação artificial, a predição da porção realmente herdável e o ganho por seleção do caráter de interesse nessas populações, o presente trabalho teve por objetivo:

- 1) verificar a possibilidade de famílias transgressivas provenientes de cruzamentos recíprocos entre BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*) comporem a próxima geração, norteadando futuras seleções
- 2) estimar os componentes da variância que atuam na populações formadas a partir de cruzamentos recíprocos;
- 3) identificar e indicar famílias na geração F₆ mais promissoras para o programa de melhoramento genético de arroz.

Capítulo 1. Revisão Bibliográfica

1.1. Classificação botânica, morfologia e origem

O arroz pertence à Família Poaceae, subfamília Pooideae, tribo Oryzae e gênero *Oryza*, classificado como gramínea monocotiledônea (NCBI taxonomy, 2016). O gênero *Oryza* é composto por aproximadamente 23 espécies (Vaughan e Chang, 1995; Zhao et al., 2009) e destas, somente duas espécies são cultivadas: *Oryza glaberrima* Steud. e *Oryza sativa* L., arroz cultivado africano e asiático, respectivamente (Buso et al., 1998; Pereira e Morais, 2014).

Oryza sativa L. é uma espécie semi-aquática, adaptada a uma variedade de condições climáticas (Hemamalini et al., 2000; Terra et al., 2013). A planta é caracterizada por apresentar colmos ocos, flores reduzidas e aquênios especializados como frutos. Morfologicamente, a planta se caracteriza por apresentar raízes do tipo adventícias e fibrosas, as folhas variam entre os genótipos, sendo que última folha do colmo é denominada como folha bandeira, o caule é composto por um colmo principal e afilhos, e a panícula é uma inflorescência característica desta planta, onde se formam os grãos (Souza et al., 2015).

O centro de origem e diversidade das duas espécies cultivadas pode ser evidenciado através da diversidade genética, relatos históricos, arqueológicos e distribuição geográfica. Com base nisso, aponta-se como o centro de origem do *Oryza glaberrima* o Delta do Rio Níger na África e o centro de diversidade o Delta do Rio Níger interior e algumas áreas ao redor da Costa Guineense da África. Para *Oryza sativa*, relatos mencionam como centro de origem os Vales dos Rios Yangtze e Mekong no continente asiático e os centros de diversidade no sopé dos Himalaias, Chhattisgarh, Jeypore trato de Odisha, nordeste da Índia, partes do norte de Mianmar e Tailândia e Província de Yunnan da China (Singh e Upadhyaya, 2016).

Devido ao processo evolutivo e de domesticação do arroz, surgiram inúmeros tipos geneticamente divergentes, dividindo-se nas subespécies *indica* e *japonica*, com características morfológicas distintas, como por exemplo tamanho das sementes e cor de folha, e também diferença nas reações à diversos estresses abióticos (Kato et al., 1928; Oka, 1988; Sweeney e Mccouch, 2006), como tolerância à seca, baixas temperaturas, acamamento

em resposta à fertilizantes, habilidade competitiva e germinação (Mackill et al., 1996; OKA e Morishima, 1997). Uma terceira subespécie também foi identificada com base na morfologia e foi referida como *javanica* ou *japonica tropical* (Matsuo, 1952; Sweeney e Mccouch, 2006).

O arroz cultivado foi introduzido no Novo Mundo pelos primeiros colonizadores europeus. Na América do Norte o primeiro registro da cultura data de 1685, quando esta começou a ser cultivada nas planícies costeiras e ilhas, onde hoje é a Carolina do Sul, que pode ter sido levado à essa área por escravos trazidos de Madagáscar. No século XVIII se espalhou para a Louisiana e pelo século XX para a Califórnia (Singh e Upadhyaya, 2016).

Os espanhóis introduziram o arroz em vários locais na América do Sul e Central e os portugueses levaram-no para o Brasil. No ano de 1587, na Bahia já havia lavouras arrozeiras, e em torno de 1745 o arroz chegou ao Maranhão. No Rio Grande do Sul, atualmente o maior produtor de arroz, responsável por mais de 70% da produção nacional (CONAB, 2016), Auguste de Saint Hilaire, em viagens ao estado em 1820/21, relatou a ocorrência de lavouras desse cereal. Em 1904, surgiu a primeira lavoura comercial de arroz, já irrigada, no município de Pelotas, depois chegou à Cachoeira do Sul, considerada atualmente a Capital do Arroz (CONAB, 2015).

1.2. Importância econômica

O arroz é o terceiro cereal na escala de produção mundial, sendo a China (145,7 milhões de toneladas) maior produtor no ano de 2015, seguido pela Índia (103,5 milhões de toneladas). No mesmo ano, o Brasil foi o nono país em produção no ranking mundial, e o maior produtor na América do Sul, considerado como principal produtor entre os países ocidentais (USDA, 2016). No mercado interno e externo, o Brasil tem importante participação no fornecimento de arroz (IRGA, 2016).

No mundo, os países asiáticos são os maiores consumidores de arroz, apresentam médias elevadas de 100 e 150 kg⁻¹ pessoa⁻¹ ano⁻¹, produzindo 90% desse cereal. Na América Latina, o Brasil se destaca como grande consumidor de arroz (45 kg⁻¹ pessoa⁻¹ ano⁻¹), sendo que em média são consumidos 30 kg/pessoa/ano (SOSBAI, 2014).

Atualmente, o arroz, passa a desempenhar papel estratégico quando se trata de segurança alimentar, pois apresenta grande importância social e econômica, respondendo pelo suprimento de 20% das calorias consumidas na alimentação mundial, o que acarreta no aumento da necessidade de incrementos na produção (SOSBAI, 2014).

Na safra de 2014/2015, a produção brasileira de arroz atingiu 12,4 milhões de toneladas, numa área de 2.295,1 mil hectares cultivados. O estado do Rio Grande do Sul, com 8,6 milhões de toneladas, obteve a maior produtividade dentre os estados brasileiros. Este resultado está relacionado principalmente com o sistema de produção adotado em toda área cultivada, o irrigado por inundação (CONAB, 2016).

1.3. Melhoramento genético do arroz

Os programas oficiais de melhoramento genético da cultura do arroz iniciaram no Brasil em 1937, no Instituto Agrônomo de Campinas, IAC (SP), e, em 1938, no Instituto Rio Grandense do Arroz, IRGA (RS). O primeiro priorizou suas atividades no arroz de terras altas (sequeiro), enquanto o segundo se dedicou exclusivamente ao arroz irrigado por inundação (Morais et al., 2006).

O melhoramento genético tem sido muito importante para a agricultura, por promover avanços significativos através do desenvolvimento de cultivares superiores, por meio de várias formas, sendo elas a introdução de alelos de resistência à doenças e pragas, às condições adversas de clima e solo e também modificações para o incremento de caracteres de importância econômica, que auxiliam no aumento de produtividade (Ramalho et al., 2012).

No panorama mundial, o melhoramento genético de arroz deu grande salto na década de 1960, com a Revolução Verde, pelo lançamento de uma cultivar de porte intermediário e muito produtiva (cultivar IR8) resultante do cruzamento de uma cultivar alta (variedade da Indonésia) que possuía problemas por acamar devido à elevadas doses de nitrogênio (N) para aumentar a produtividade, com uma cultivar baixa e pouco produtiva (variedade chinesa) (Henriques, 2009; Ramalho et al., 2012).

A partir da década de 80 no Brasil, ganhos reduzidos de produtividade nos programas de melhoramento de arroz começaram a ser visualizados com

a substituição das variedades tradicionais de porte alto, pelas modernas de porte baixo e elevado rendimento (Breseghello et al., 1999; Borges et al., 2009). Esses reduzidos ganhos de produtividade tem como principal causa o estreitamento da base genética das populações pela reduzida distância genética dos genitores utilizados em cruzamentos (Rangel et al., 2000; Magalhães Júnior et al., 2015), o que pode resultar em cultivares mais suscetíveis à doenças e pragas. Por isso, a ampliação da variabilidade genética se torna fundamental nos programas de melhoramento de arroz para a segurança alimentar da população.

1.4. Segregação em cruzamentos

Espécies autógamas são caracterizadas por apresentarem elevada taxa de autofecundação (Carvalho et al., 2008), e atualmente grande parte delas desempenham papel importante na economia do país, como é o caso do arroz. Para a obtenção de genótipos superiores que atendam as necessidades das indústrias e dos melhoristas, a utilização de cruzamentos controlados em programas de melhoramento torna-se um importante recurso. Os resultados destes cruzamentos são híbridos heterozigotos que originam sucessivas gerações segregantes (F_2 , F_3 em diante) até apresentar um maior número de alelos em homozigose (Baldissera et al., 2014).

Programas de melhoramento que utilizam a hibridação como ferramenta para ampliar a variabilidade existente, necessitam direcionar esforços na escolha das populações segregantes, estas interessantes aos melhoristas, por revelar variabilidade genética, muito expressiva quando os genitores utilizados no processo apresentarem constituições genéticas distantes (Santos et al., 2001; Benitez et al., 2011) e serem dissimilares geneticamente. A partir disto, a possibilidade de seleção de transgressivos para o caráter de interesse é maior (Vieira et al., 2005).

A segregação transgressiva para um caráter quantitativo ou até mesmo qualitativo surge quando se tem como resultado de um cruzamento indivíduos com valores maiores do que ambos os genitores para o caráter de interesse, proporcionado pela recombinação e rearranjo gênico (Carvalho et al., 2008). Essa segregação é observada nas gerações posteriores a partir da geração F_2 .

Caracteres quantitativos, ou métricos, representam a maioria dos caracteres de valor agrônomo, tanto para plantas, quanto para animais. Apresentam variação contínua, e a segregação dos genes envolvidos nesse tipo de herança não pode ser seguida de forma individual, já que é controlada por muitos genes (Falconer, 1981), que condicionam a manifestação de um genótipo através do fenótipo. Estes caracteres, por sua importância agrônoma, contribuem para o melhoramento genético por possibilitar a obtenção da estimativa de componentes da variância e permitir a análise da estrutura e do potencial genético da população segregante (Ramalho e Vencovsky, 1978).

Muitos caracteres de genótipos superiores são controlados por genes nucleares que segregam conforme o comportamento dos cromossomos na meiose. Porém, um pequeno grupo de caracteres é herdado por genes ou produtos gênicos presentes no citoplasma do gameta. Para constatar esse tipo de herança é necessário observar se há diferença entre os resultados de um cruzamento e seu recíproco (o genitor é usado ora como fêmea, ora como macho), caso o fenótipo das progênes seja o mesmo do que o do genitor materno, significa que o caráter possui herança materna (Ramalho et al., 2012), tornando-se uma ferramenta para o melhoramento genético de arroz, saber o tipo de herança, para a escolha dos genitores e possível incremento do caráter de interesse.

A variação contínua pode ser visualizada em muitos caracteres agronomicamente importantes. Os meios de analisar esta variação e descobrir o papel do material genético na sua determinação se dá principalmente pela distribuição de frequência, ao observar um número de indivíduos, e é caracterizada por parâmetros estatísticos como a média e variância (Mather e Jinks, 1984). Com essa distribuição é possível verificar a formação de classes fenotípicas, a amplitude e as classes superiores para cada caráter em estudo.

1.5. Componentes da variância

O melhoramento antes das pesquisas realizadas por Mendel e Fisher era realizado somente por meio visual, considerado como arte, que consistia em selecionar plantas através do fenótipo, para compor os próximos plantios, realizados por nossos ancestrais (Ramalho et al., 2004). Com o surgimento da

genética quantitativa ou biométrica, começaram a visualizar a herança quantitativa e definiram um novo conceito: o fenótipo de um caráter é influenciado pelo genótipo conjuntamente com a intervenção dos fatores ambientais.

A partir deste novo conceito, observou-se que a genética de um caráter quantitativo ou métrico é centralizado em torno de sua variação, e no seu parcelamento em componentes atribuídos à causas diferentes (Falconer, 1981). Estimar os componentes da variância torna-se importante para o conhecimento da estrutura genética da população. O estudo através de populações segregantes auxiliará no fornecimento de informações de parâmetros genéticos essenciais, como a herdabilidade com sentido amplo e restrito, números de genes envolvidos na herança do caráter, aditividade, e desvios da dominância (Baldissera et al., 2014).

A variância fenotípica é composta pela variância genotípica e por aquela atribuída aos desvios propiciados pelo ambiente, revelando que o valor do fenótipo é expresso através do genótipo mais o ambiente. A variância genotípica, por sua vez, é determinada por meio da variância aditiva, aquela parte realmente herdável e pela variância atribuída aos desvios de dominância, considerada como o resultado de toda e qualquer interação intra-alélica (Cruz et al., 2014).

Os componentes da variância auxiliam na compreensão da herdabilidade do caráter de interesse, pois essa expressa a porção da variância total atribuída ao efeito médio dos genes, que determina o grau de semelhança entre parentes (Falconer, 1981). A herdabilidade tem importante papel na decisão de estratégia de seleção de um caráter (Jayasudha e Sharma, 2010), por permitir a seleção com base no fenótipo da planta, ao saber o quanto deste será transmitido para a próxima geração, existindo dois tipos, a herdabilidade com sentido amplo e com sentido restrito.

A herdabilidade com sentido amplo é o coeficiente de determinação da variação entre o valor genotípico e o valor fenotípico, apresentando importância em espécies de propagação vegetativa (Azevedo et al., 2015) e em alógamas já que esta leva em conta os desvios atribuídos a dominância. A herdabilidade no sentido restrito representa a relação entre a variância aditiva (a parte realmente herdável) e a variância fenotípica, revelando destaque para as

autógamas, pois a variância genética aditiva é fixada com o avanço de geração, onde a cada ciclo de autofecundação, ocorre aumento da variância aditiva e diminuição da variância atribuídas aos desvios da dominância (Baldissera et al., 2014).

O grau de semelhança entre parentes baseia-se na observação da variância aditiva, sendo determinante para a resposta da população à seleção. Caso haja uma população em que os indivíduos estejam agrupados em famílias (meio irmãos ou irmãos completos), e se tem as medidas de cada indivíduo e as médias de cada família, é possível escolher o método de seleção de acordo com o uso que se faz com as médias das famílias, podendo rejeitar ou selecionar os indivíduos ou as famílias, dependendo de seus valores, inferindo sobre os efeitos genéticos e ambientais que contribuíram para a formação do fenótipo. Neste contexto, os métodos de seleção se dividem em seleção de família e seleção dentro da família (Falconer, 1981).

O estudo do controle genético e a herança dos caracteres agrônômicos através de estimativas de parâmetros genéticos de uma população permitem inferir sobre a variabilidade genética e o que se espera com o ganho e com a seleção (Abreu et al., 2016), e com isto, retratar a importância aos programas de melhoramento genético de arroz.

1.6. Referências

- ABREU, H. K. A.; TEODORO, P. E.; PANTALEÃO, A. A.; CORREA, A. M. Genetic parameters, correlations and path analysis in upland rice genotypes. **Bioscienci Journal**, v.32, n.2, p.354-360, 2016.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Desempenho agrônômico e parâmetros genéticos em genótipos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, vol.33, n.1, p. 84-90, 2015.
- BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I.C . S.; ARGE, L.W.P; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Multivariate analysis of genetic divergence of genotypes of rice under salt stress during the vegetative phase. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.2, p.409-416, 2011.
- BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I.C . S.; ARGE, L.W.P; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Multivariate analysis of genetic divergence of genotypes of rice

under salt stress during the vegetative phase. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.2, p.409-416, 2011.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M. D. V.; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, v.27, n.3, p.478-490, 2009.

BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. de. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no nordeste do Brasil. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.34, n.3, p.399-407, 1999.

BUSO, G. S. C.; RANGEL, P. H.; FERREIRA, M. E. Analysis of genetic variability of South American wild rice populations (*Oryza glumaepatula*) with isozymes and RAPD markers. **Molecular Ecology**, v.7, n.1, p.107-117, 1998.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V. S.; SILVA, S. A. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. Pelotas, Rio Grande do Sul, 2ª edição, (editora Universitária), 2008.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **A cultura do arroz**, Brasília: Conab, p.180, 2015.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Produção de Arroz**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em 06 de janeiro de 2016.

FALCONER, D. S. Introdução a genética quantitativa. Tradução de SILVA, M. de A. e; SILVA, J. C. 1 ed. Viçosa, MG, Imprensa Universitária, 1981. 279 p.

HEMAMALINI, G. S.; SHASHIDHAR, H. E.; HITTALMANI, S. Molecular marker assisted tagging of morphological and physiological traits under two contrasting moisture regimes at peak vegetative stage in rice (*Oryza sativa* L.). **Euphytica**, v.112, p.69-78, 2000.

HENRIQUES, F. S. A. Revolução Verde e a biologia molecular. **Revista de Ciências Agrárias**, v.32, n.2, 2009.

IRRI. **Increase food security**. Disponível em: <<http://irri.org/our-impact/increase-food-security>>. Acesso em 06 de janeiro de 2016.

JAYASUDHA, S.; SHARMA, D. Genetic parameters of variability, correlation and path-coefficient for grain yield and physiological traits in rice (*Oryza sativa* L.) under shallow lowland situation. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v.5, p.1332-1338, 2010.

KATO,S.; KOSAKA, H. HARA. S. On the affinity of rice varieties as shown by the fertility of rice plants. **Central Agricultural Institute of Kyushu Imperial University**, v.2, p.241-276, 1928.

MACKILL, D. J.; COFFMAN, W. R.; GARRITY, D. P. **Rainfed lowland rice improvement**. Los Baños, Laguna. 242 p. 1996.

MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; MORAES, O. P.; FAGUNDES, P.; FRANCO, D. F.; NUNES, C. D. M.; NEVES, P.; RAMGEL, P. H.; COLOMBARI, J. M.; CASTRO, A.; MOURA, F.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. Desenvolvimento de Cultivares de Arroz Irrigado Subtropical do Programa de Melhoramento Genético da Embrapa - Ensaios de VCU no RS, Safras 2010/11 a 2013/14. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento** / Embrapa Clima Temperado, 227. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2015, 29p.

MATHER, K. JINKS, J.L. **Introdução à Genética Biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, p.242, 1984.

MATSUO,T. Genecological studies on cultivated rice. **Bulletin of the National Institute for Agricultural Science**, p.1-111, 1952.

MORAIS, O. P. dos.; RANGEL, P. H. N.; FAGUNDES, P. R. R.; CASTRO, E. M.; NEVES, P. C. F.; CUTRIM, V. A.; PRABHU, A. S.; BRONDANI, C.; JUNIOR, A. M. M.; Melhoramento genético. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. **A cultura do arroz no Brasil**. Santo Antonio do Goiás: Embrapa Arroz e Feijão,. cap 9, p.321-397, 2006.

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION. **Database resourches taxonomy rice information**. Disponível em: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Acesso em 11 de julho de 2016.

OKA, H.; MORISHIMA, H. Wild and cultivated rice. In: Matsuo T, Futsuhara Y, Kikushi F, Yamaguchi H (eds) **Science of the rice plant** (vol 3: Genetics). Nobunkyo, Tokyo, p 88-111, 1997.

OKA, H. Origin of cultivated rice.Tokyo/Amsterdam:Japan Science Society Press/Elsevier. **Indica-japonica differentiation of rice cultivars**, p.141-179, 1988.

PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P. As Variedades de Arroz Vermelho Brasileiras. (**Documentos 229**/ Embrapa Meio-Norte) Teresina : Embrapa Meio-Norte, 2014, 39 p.

- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. Lavras, Minas Gerais, 5ª edição, 2012, (editora UFLA).
- RAMALHO, M. A. P.; VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética. **Ciência e Prática**, Lavras, v.2, p.117-140, 1978.
- RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.8, p.1595-1604, 2000.
- SANTOS, P. G.; SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. Predição do potencial genético de populações segregantes de arroz de terras altas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.4, 2001.
- SINGH, M.; UPADHYAYA, H. **Genetic and Genomic Resources for Grain Cereals Improvement**, Academic Press, p. 384, 2016.
- SOSBAI – **Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado**. Arroz irrigado: Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil. Santa Maria: SOSBAI, 2014.
- SOUZA, J. M. O.; CARNEIRO, M. F. H.; PAULELLI, A. C. C.; GROTTTO, D.; MAGALHÕES JÚNIOR, A. M.; JÚNIOR, F. B.; BATISTA, B. L. Arsenic and rice: toxicity, metabolism, and food safety. **Química Nova**, v.38 n.1, 2015.
- SWEENEY, M.; MCCOUCH, S. The Complex History of the Domestication of Rice. **Oxford journals**, v.100, p.951-957, 2006.
- TERRA, T. G. R.; LEAL, T. C. A. B.; BORÉM, A.; RANGEL, P. H. N. Tolerância de linhagens de arroz de terras altas à seca. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.43, n.2, p.201-208, 2013.
- UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Publications rice**. Disponível em: <http://www.ers.usda.gov>. Acesso em 06 de janeiro 2016.
- VAUGHAN, D. A.; CHANG, T. T. Collecting the rice gene pool. In: GUARINO, L.; RAMANATHA RAO, V.; REID, R. Collecting plant genetic diversity: technical guidelines. **Wallingford: CAB International**, p.659-675, 1995.
- VIREIRA, E. A.; ZIMMER, P. D.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; MALONE, G.; BENIN, G. Emprego de modelos gráficos na seleção de genitores de milho para hibridização e mapeamento genético. **Ciência Rural**, v.35, n.5, p.986-994, 2005.

ZHAO, X.; YANG, L.; ZHENG, Y.; XU, Z. Subspecies-specific intron length polymorphism markers reveal clear genetic differentiation in common wild rice (*Oryza rufipogon* L.) in relation to the domestication of cultivated rice (*O. sativa* L.). **Journal of Genetics and Genomics**, v.36, p.435-442, 2009.

Capítulo 2. Classes fenotípicas e segregação de famílias na geração F₆ oriundas do cruzamento de *Oryza sativa* ssp. *indica* e *japonica*

Classes fenotípicas e segregação de famílias na geração F₆ oriundas do cruzamento de *Oryza sativa* ssp. *indica* e *japonica*

2.1. Introdução

Um dos alimentos mais importantes destinados à dieta humana é o arroz, sendo cultivado em várias regiões do mundo e consumido por mais da metade da população mundial (IRRI, 2015). Atualmente, este cereal passa a desempenhar papel estratégico com evidência à segurança alimentar, pois apresenta grande importância social e econômica, respondendo pelo suprimento de 20% da fonte de carboidratos na alimentação mundial, o que acarreta na necessidade de incrementos na produção e produtividade por área (SOSBAI, 2014).

Na safra agrícola 2014/2015, a produção brasileira de arroz atingiu 12,4 milhões de toneladas em 2.295,1 mil hectares cultivados. O Rio Grande do Sul foi o maior produtor, representando mais de 70% da produção orizícola nacional nesta safra. As maiores produtividades são alcançadas devido ao cultivo ser baseado no sistema de produção irrigado por inundação (CONAB, 2015). Dentre os objetivos dos programas de melhoramento genético de arroz, a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados à determinadas regiões são os mais visados, com isso, a eficiência em incrementar a variabilidade genética torna-se uma ferramenta crucial ao melhoramento, sendo possível através da seleção dos melhores genitores, hibridações e estratégias eficazes de seleção (Jalata et al., 2011).

Os cruzamentos de genitores geneticamente distantes e com características contrastantes representam uma importante estratégia para a busca por genótipos superiores (Bertan et al., 2009; Benitez et al., 2011), através destes cruzamentos é possível obter populações segregantes que associam maior variabilidade genética e ainda possuem genótipos que resultam no incremento de caracteres de interesse, possibilitando a seleção de genótipos superiores com características agrônômicas, industriais e culinárias (Borel et al., 2013). Ao quantificar e revelar a direção da variabilidade genética de famílias segregantes de arroz, pode-se obter através de análises estatísticas descritivas, as estimativas de curtose (K) e assimetria (S), que

permitem inferir certo grau de variabilidade e o sentido da distribuição das classes fenotípicas de um denominado caráter (Misra et al., 2008; Silveira et al., 2016). Com a distribuição de frequência é possível identificar as classes fenotípicas, a amplitude e as classes que apresentam maior número de genótipos para cada caráter de interesse.

Ao relacionar a distribuição das progênes de arroz em relação aos genitores, torna-se possível identificar famílias transgressivas, planejar e direcionar futuras seleções a serem realizadas. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi identificar as classes fenotípicas de importância, o sentido de segregação em relação aos genitores utilizando cruzamentos recíprocos entre *Oryza sativa* ssp. *indica* e *japonica*.

2.2. Material e Métodos

Este trabalho teve início em 2010 através dos cruzamentos entre os genótipos de arroz BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*), realizados de forma recíproca. Efetuou-se em torno de 10 cruzamentos utilizando-se ora o genótipo BRS Querência como genitor materno (*cruzamento I*) "Q x N", ora o genótipo Nipponbare como genitor materno (*cruzamento II*) "N x Q", obtendo-se 121 e 160 plantas híbridas F₁, respectivamente. O avanço da geração ocorreu (F₁ → F₂) na safra agrícola 2011/2012 e a população F₂ foi conduzida pelo método SSD (*Single Seed Descendent*), no campo experimental da estação Embrapa Clima Temperado (ETB), Capão do Leão – RS.

As plantas F₃ foram conduzidas em casa de vegetação da Embrapa Terras Baixas e transferidas para o campo ETB na segunda quinzena de janeiro de 2014, compondo 84 famílias no cruzamento I e 88 famílias no cruzamento II. A geração F₄ foi colhida em junho de 2014 e enviada para a Embrapa Arroz e Feijão (Goiânia - GO) para o avanço de geração até dezembro de 2014, e obteve-se 76 famílias para o cruzamento I e 67 famílias para o cruzamento II. A geração F₅ foi semeada em dezembro de 2014 na estação ETB, compondo 68 famílias do cruzamento I e 66 famílias do cruzamento II. Em dezembro de 2015, a geração F₆ foi implantada na estação ETB, em delineamento de blocos incompletos com testemunhas intercalares, onde os tratamentos comuns compreenderam os genitores BRS Querência e

Nipponbare, sendo dispostos em quatro repetições (Ramalho et al., 2012). As Famílias F₆ foram dispostas intercaladamente aos genitores, para o cruzamento I utilizou-se 68 famílias e o cruzamento II foram 66 famílias.

A unidade experimental foi constituída por uma linha de 1,5 metros (m) de comprimento, e espaçadas por 0,30 m, sendo cada família foi constituída por 15 plantas, em contrapartida, apenas 10 plantas foram selecionadas aleatoriamente para colheita e mensuração dos caracteres de interesse. A densidade empregada para todas as famílias foi de 50 sementes aptas por m². Empregou-se o sistema de semeadura manual e a adubação de base foi de 300 kg ha⁻¹ de NPK (05-20-20), e 60 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de uréia, aplicado em cobertura no início do afilhamento. A altura de lâmina de água variou entre 7,5 e 10 cm, sendo o início da submersão do solo 30 dias após a emergência das plântulas. Os tratos culturais, assim como o controle de plantas daninhas, doenças e insetos-praga foram realizados de acordo com a SOSBAI (2014).

Os caracteres mensurados foram:

Dias para o florescimento (DF), número de dias ocorridos da semeadura até o florescimento de 50% das panículas, resultados em dias.

Altura de planta (AP), medida da superfície do solo até a extremidade da panícula, obtida através de uma régua graduada no período de enchimento dos grãos, resultados em centímetros (cm).

Comprimento da panícula (CP), obtida através da distância da base da panícula à ponta da última espiguetas, obtida através de uma régua graduada, resultados em centímetros (cm).

Número de panículas por planta (NP), obtido através da contagem do número de panículas viáveis por planta, resultados em unidades (uni).

Número de espiguetas férteis por panícula (NEF), mensurou-se o número de espiguetas férteis contidas em cada panícula, resultados em unidades (uni).

Número de espiguetas estéreis por panícula (NEE), obtido através da contagem do número de espiguetas estéreis em cada panícula, resultados em unidades (uni).

Massa de cem grãos (MCG), obtido a partir da contagem do número de grãos por planta onde mensurou-se sua massa, posteriormente ajustou-se para massa de cem grãos, resultados em gramas (g).

Massa total de grãos produzidos por planta (MTG), obtida através da aferição da massa dos grãos contidos nas espiguetas férteis da planta, resultados em gramas (g).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância pelo teste F ($p \leq 0.05$), com intuito de verificar suas pressuposições, testou-se a normalidade através do teste de Shapiro-Wilk (Shapiro-Wilk, 1965) e homogeneidade das variâncias por Bartlett (Steel et al., 1997), para cada cruzamento. Posteriormente efetuou-se uma análise descritiva e obteve-se a distribuição de frequência para cada caráter, média dos genitores (MG), média das famílias F_6 ($MF_{(F_6)}$), ganho relativo do caráter (GRC%), valor mínimo (V.min), valor máximo (V.máx), coeficiente de variação (CV%), variância dos dados (σ^2), coeficiente de assimetria (S), coeficiente de curtose (K).

Os valores de referência adotados para o coeficiente de assimetria foram $S < 0$, (distribuição assimétrica à esquerda) e $S > 0$ (distribuição assimétrica à direita). Quanto ao coeficiente de curtose, os valores de referência foram: $K = 0$ (distribuição mesocúrtica), $K > 0$ (distribuição leptocúrtica) e $K < 0$ (distribuição platicúrtica), segundo metodologia proposta por Cruz (2006). As análises foram realizadas através do software *Statistical Analysis System*, versão 9.3, e Sigma Plot® 10.0 (SigmaPlot, 2007).

2.3. Resultados e Discussão

Em ambos os cruzamentos diferenças significativas entre as famílias F_6 foram verificadas na análise de variância a 5% de probabilidade para os caracteres dias para o florescimento (DF), altura de planta (AP), número de panículas por planta (NP), comprimento da panícula (CP), número de espiguetas férteis por panícula (NEF), número de espiguetas estéreis por panícula (NEE), massa de cem grãos (MCG), massa total de grãos produzidos por planta (MTG) (Tabela 2.1).

O caráter dias para o florescimento (DF) enquadra-se como quantitativo (Verma e Srivastava, 2003; Wei et al., 2010), altamente influenciado pelo

ambiente, e apresenta relação direta com a produtividade de grãos (Lago et al., 2009; Lack et al., 2012), sendo utilizado no melhoramento genético para definir a duração do período vegetativo e determinar o período de enchimento de grãos e ciclo total (Streck et al., 2006). Com relação ao cruzamento N x Q, o caráter DF (Figura 2.1A) demonstrou a formação de sete classes com amplitude compreendendo de 75 a 111 dias, sendo que a classe de 87 dias compreendeu 35 famílias. De forma relativa 4,61% das famílias foram superiores ao genitor mais tardio (Nipponbare) e 72,30% ficaram abaixo do genitor mais precoce (BRS Querência). Os coeficientes de curtose ($K=2,10$) e assimetria ($S=0,72$) (Tabela 2.1) indicaram uma distribuição leptocúrtica e assimétrica positiva, estando as famílias mais precoces situadas à esquerda da média geral das famílias neste cruzamento.

Para o cruzamento Q x N, o caráter DF (Figura 2.1B) evidenciou a formação de seis classes fenotípicas, sendo que a classe de 88 dias compreendeu 24 famílias com amplitude de 72 a 112 dias. Neste cruzamento, houve 1,69% de famílias mais tardias que o genitor de maior média (Nipponbare), e 59,32% das famílias foram mais precoces que o genitor mais de ciclo mais curto (BRS Querência). A distribuição foi simétrica e leptocúrtica de acordo com os coeficientes de assimetria ($S=0,00$) e curtose ($K=0,78$) (Tabela 3.1), revelando a maior concentração das famílias em torno da média geral.

A dispersão gráfica é utilizada para auxiliar na identificação de famílias transgressivas em relação à média dos genitores. Na Figura 2.3A é possível observar três situações: (I), famílias superiores à média dos genitores (transgressivos positivos); (II), famílias intermediárias às médias dos genitores; e (III), famílias abaixo da média do genitor de menor média (transgressivos negativos). Na situação III foram representadas 34,42% das famílias oriundas do cruzamento Q x N, em contrapartida, 65,58% das famílias do cruzamento N x Q, sendo mais precoces que o genitor (BRS Querência) de menor média para este caráter. Estas famílias mais precoces são indicadas para obtenção de genótipos destinados à semeadura tardia, reduzindo as chances da floração ser afetada por períodos de baixas temperaturas como aos ocorridos no estado do Rio Grande do Sul (Streck et al., 2006).

Tabela 2 1. Resultados da análise estatística descritiva e ANOVA dos caracteres agrônômicos de arroz para as Famílias F₆, seus genitores e o conteúdo médio desses componentes. CGF-FAEM/UFPEL, 2016.

| Cruzamento Nipponbare (N) x BRS Querência (Q) | | | | | | | | | | | | |
|---|--------|--------|--------|--------------------|--------|--------|--------|-------|------------|-------|-------|----------------------------|
| Caracteres | Q | N | MG | MF _(F6) | GRC | V.mín. | V.máx. | CV(%) | σ^2 | K | S | ANOVA QM (F ₆) |
| DF | 88,37 | 104,65 | 96,51 | 88,07 | 8,81 | 75,00 | 111,00 | 7,83 | 47,67 | 2,10 | 0,72 | 448,61* |
| AP | 96,10 | 88,00 | 92,05 | 90,48 | 1,70 | 65,00 | 125,00 | 16,24 | 216,00 | -0,42 | 0,52 | 1802,64* |
| NP | 14,57 | 12,85 | 13,71 | 14,27 | -4,08 | 8,00 | 29,00 | 28,97 | 17,11 | 1,31 | 1,01 | 112,51* |
| CP | 27,62 | 20,88 | 24,25 | 20,19 | 16,74 | 15,00 | 29,00 | 16,65 | 11,31 | -0,7 | 0,64 | 111,91* |
| NEF | 112,00 | 149,36 | 130,68 | 86,52 | 33,79 | 38,00 | 158,00 | 28,61 | 613,18 | 0,27 | 0,78 | 5521,89* |
| NEE | 32,36 | 40,64 | 36,50 | 18,48 | 49,37 | 0,00 | 12,00 | 83,91 | 240,53 | 6,06 | 2,12 | 1525,33* |
| MCG | 2,83 | 2,45 | 2,64 | 2,76 | -4,55 | 2,40 | 3,30 | 8,62 | 2,37 | -0,05 | 0,55 | 0,47* |
| MTG | 46,19 | 40,06 | 43,12 | 26,73 | 38,01 | 12,50 | 42,50 | 34,01 | 82,69 | -0,90 | 0,41 | 727,88* |
| Cruzamento BRS Querência(Q) x Nipponbare (N) | | | | | | | | | | | | |
| Caracteres | Q | N | MG | MF _(F6) | GRC | V.mín. | V.máx. | CV(%) | σ^2 | K | S | ANOVA QM (F ₆) |
| DF | 88,37 | 104,65 | 96,51 | 89,55 | 7,21 | 72,00 | 112,00 | 8,61 | 59,50 | 0,78 | 0,00 | 560,60* |
| AP | 96,10 | 88,00 | 92,05 | 102,20 | -11,02 | 60,00 | 135,00 | 14,76 | 227,79 | 0,18 | -0,26 | 1742,53* |
| NP | 14,57 | 12,85 | 13,71 | 13,92 | -1,53 | 8,00 | 28,00 | 28,12 | 15,33 | 0,28 | 0,57 | 156,91* |
| CP | 27,62 | 20,88 | 24,25 | 22,66 | 6,55 | 17,00 | 29,00 | 4,89 | 29,06 | 0,28 | 0,28 | 54,99* |
| NEF | 112,00 | 149,36 | 130,68 | 97,88 | 25,09 | 50,00 | 175,00 | 28,57 | 782,05 | 0,22 | 0,57 | 6884,65* |
| NEE | 32,36 | 40,64 | 36,50 | 32,23 | 11,70 | 15,00 | 65,00 | 41,24 | 176,81 | -0,03 | 0,46 | 1415,02* |
| MCG | 2,83 | 2,45 | 2,64 | 2,79 | -5,68 | 1,95 | 3,45 | 12,55 | 0,12 | -0,19 | -0,33 | 1,08* |
| MTG | 46,19 | 40,06 | 43,12 | 32,15 | 25,44 | 12,00 | 72,00 | 40,53 | 169,95 | 1,57 | 0,96 | 1251,69* |

* Diferença significativa ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F; DF= Dias para o florescimento (dias); AP= Altura de planta (cm); NP= Número de panículas por planta (uni); CP= Comprimento da panícula (cm); NEF= Número de espiguetas férteis por panícula (uni); NEE= Número de espiguetas estéreis por panícula (uni); MCG= Massa de cem grãos (g); MTG= Massa total de grãos por planta (g); MG= Média dos genitores; MF_(F6)= média das famílias F₆; GRC%= Ganho relativo do caráter (%); V.min.= Valor mínimo; V.máx.= Valor máximo; CV(%)= coeficiente de variação (%); σ^2 = Variância dos dados; S= Coeficiente de assimetria; K= Coeficiente de curtose.

O cruzamento N x Q possibilitou maior segregação onde formou mais classes fenotípicas para o caráter DF, e apresentou maior ganho relativo para a redução do caráter, no entanto, o cruzamento Q x N obteve maior variação fenotípica, de acordo com os resultados do coeficiente de variação ($CV\%=8,61$) e da variância ($\sigma^2=59,50$) quando comparado ao cruzamento N x Q (Tabela 2.1). Nota-se que independente dos cruzamentos as famílias tendem a apresentar médias com magnitude próxima ao genitor (BRS Querência) sendo este o mais precoce.

A altura da planta (AP) é um dos caracteres controlados por genes de herança quantitativa e pode estar relacionada ao rendimento de grãos, desta forma, plantas mais altas possuem maior acúmulo de biomassa sendo mais competitivas por luz, e mais eficientes na síntese de fotoassimilados, que serão translocados para o enchimento dos grãos produzidos, potencializando o rendimento do genótipo (Shen et al., 2014). Porém, a altura de planta quando excessiva pode levar ao incremento do acamamento no final do ciclo da cultura (Vaubam et al., 2010). A partir disto, esse caráter de importância agrônômica apresenta-se visado por programas de melhoramento, principalmente na redução de estatura e conjuntamente obter um genótipo competitivo por luz e ainda possuir elevada produtividade.

Para o caráter AP, no cruzamento N x Q (Figura 2.1C), houve a formação de sete classes fenotípicas com amplitude de 65 a 125 cm, na classe de 85 cm observou-se a presença de 20 famílias. Neste cruzamento, obteve-se 29,23% das famílias superiores ao genitor mais alto (BRS Querência), e 56,92% das famílias foram inferiores ao genitor (Nipponbare) de menor estatura. As medidas de curtose ($K=-0,42$) e assimetria ($S=0,52$) (Tabela 2.1) classificaram a distribuição como platicúrtica e assimétrica positiva, concentrando as famílias à esquerda da média geral das famílias.

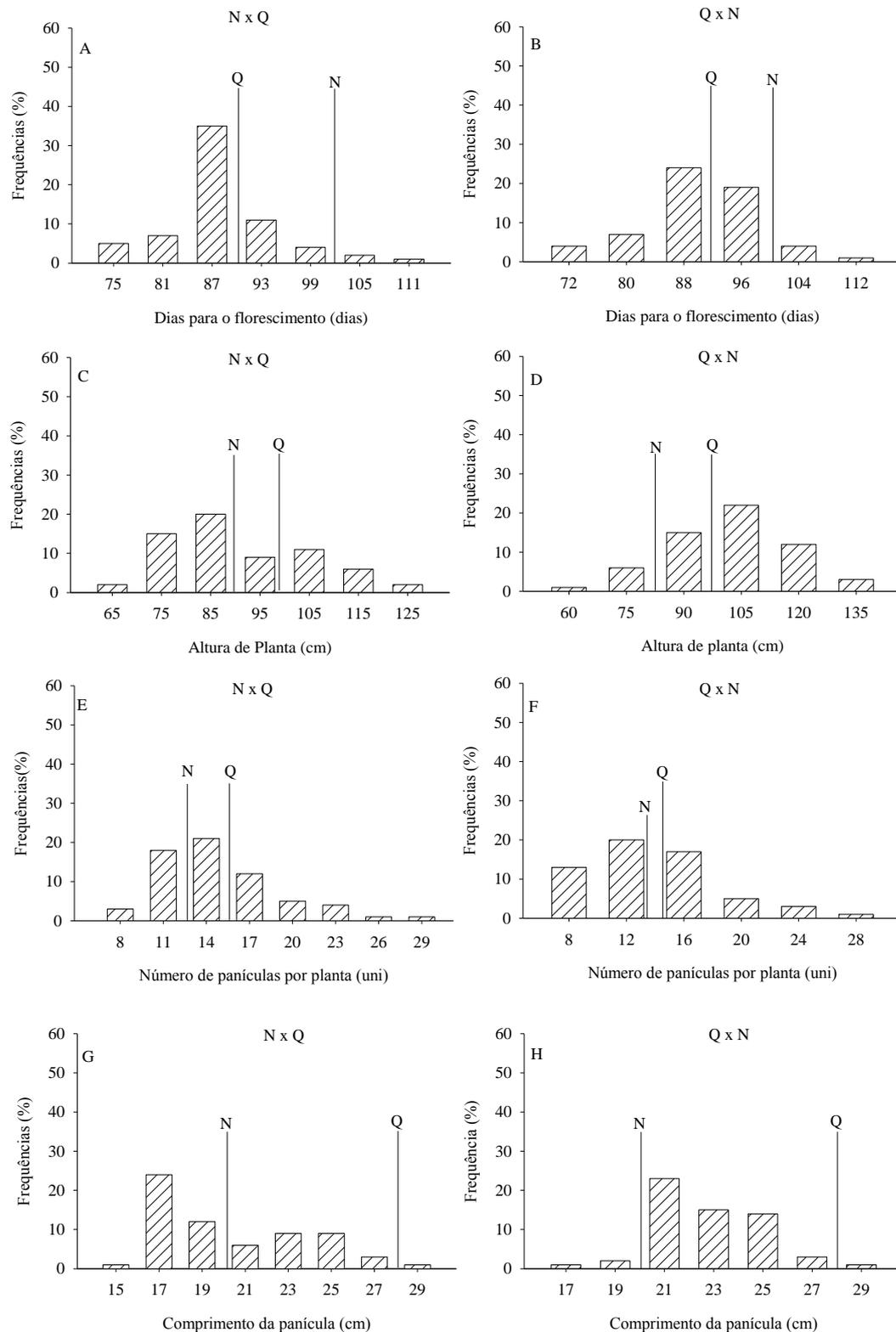


Figura 2.1. Distribuição de frequências de 65 famílias na geração F_6 derivadas do cruzamento das cultivares Nipponbare e BRS Querência (N x Q) e de 59 famílias derivadas do cruzamento cultivares BRS Querência e Nipponbare (Q x N), para os caracteres dias para florescimento (A e B), altura de planta (C e D), número de panículas por planta (E e F) e comprimento da panícula (G e H). FAEM/UFPel, 2016.

Para o cruzamento Q x N o caráter AP (Figura 2.1D) evidenciou a formação de 22 famílias. Sendo que 62,71% das famílias foram mais altas que o genitor (BRS Querência) e 11,86% das famílias obtiveram plantas inferiores ao genitor (Nipponbare). A distribuição foi classificada como assimétrica negativa ($S = -0,26$) e leptocúrtica ($K = 0,18$), sendo que maior concentração das famílias estão contidas à direita da média obtendo às maiores estaturas das plantas.

Na dispersão gráfica (Figura 2.3B), pode-se observar para o caráter AP na situação (III) que 36,66% das famílias foram oriundas do cruzamento N x Q, e 63,34% provenientes do cruzamento Q x N, sendo estas mais baixas que o genitor (Nipponbare) de menor altura de planta. Plantas altas podem favorecer o acamamento, tornando-se indesejável principalmente por incrementar a perda dos grãos devido ao acamamento, e ainda dificultar a colheita mecanizada (Nascimento et al., 2009), além disso, outros estudos evidenciaram que a altura ideal para maximizar a produtividade da cultura do arroz é entre 90 e 100 cm (Khush et al., 1995).

O cruzamento N x Q possibilitou maior segregação devido a formação de mais classes fenotípicas para o caráter AP, e apresentou maior ganho relativo para a redução do caráter. Já o cruzamento Q x N apresentou maior variação fenotípica ($\sigma^2 = 227,79$) (Tabela 2.1). As famílias do cruzamento N x Q tenderam ao genitor mais baixo (Nipponbare) e as famílias do cruzamento Q x N tenderam ao genitor mais alto (BRS Querência).

O número de panículas por planta (NP) é intimamente relacionado à produtividade de grãos no arroz (Fageria et al., 2000; Dalchiavon et al., 2012), e pode ser utilizado como estratégia para a seleção de genótipos superiores (Abreu et al., 2016). O caráter NP, revela para o cruzamento N x Q (Figura 2.1E) a formação de oito classes fenotípicas, e amplitude de oito a 29 unidades, sendo que a classe de 14 unidades compreendeu 21 famílias. Neste cruzamento, 35,38% das famílias foram superiores ao genitor BRS Querência e 32,30% das famílias foram inferiores ao genitor Nipponbare, de menor NP. A distribuição como sendo leptocúrtica ($K = 1,31$) e assimétrica positiva ($S = 1,01$) (Tabela 2.1), tendo a maior concentração das famílias presentes à esquerda da média geral das famílias, estas com menor número de panículas por planta.

O cruzamento Q x N (Figura 2.1F), evidenciou seis classes fenotípicas onde a classe de 12 unidades compreendeu 20 famílias, e amplitude de oito a 28 unidades por planta. Assim, 44,07% das famílias foram superiores ao genitor (Nipponbare), em contrapartida, 55,93% destas foram inferiores ao genitor (BRS Querência) de menor magnitude para este caráter. A distribuição foi classificada como leptocúrtica ($K= 0,28$) e assimétrica positiva ($S= 0,57$), onde o maior número de famílias concentrou-se à esquerda da média das famílias. O menor número de panículas por planta nem sempre afeta a produtividade do arroz (Soratto et al., 2010), pois a energia utilizada para produção de panículas na planta pode ser direcionada na formação de maior número de espiguetas por panícula e para o enchimento de grãos.

A dispersão gráfica demonstrou para o caráter NP famílias segregantes em ambas direções (Figura 2.3C). Na situação (I) 52,17% das famílias provenientes do Q x N, e 47,82% das famílias oriundas do cruzamento N x Q estiveram acima da média dos genitores. O número de panículas é um indicador indireto da produtividade do arroz desde que estas panículas apresentem espiguetas férteis (Duan et al., 2015), sendo dependente da adubação (Hernandes et al., 2010), e correlacionada positivamente com o número de espiguetas por panícula (Freitas et al., 2007). A partir destes cruzamentos existe a possibilidade do uso destas famílias em programas de melhoramento do arroz para a obtenção de genótipos superiores. O cruzamento N x Q possibilitou maior segregação e formou mais classes fenotípicas para o caráter NP, e variância ($\sigma^2=17,11$). O cruzamento Q x N revelou maior ganho relativo para a redução do caráter, neste caso (Tabela 2.1). Observa-se que em ambos os cruzamentos a média das famílias foi intermediária aos genitores, revelando tendência de efeitos aditivos para o caráter.

O comprimento da panícula do arroz (CP) determina o número de espiguetas que podem ser formadas e mantidas na panícula durante o período reprodutivo. Este caráter está intimamente relacionando com o rendimento de grãos (Huang et al., 2013; Duan et al., 2015), e apresenta-se interessante para os programas de melhoramento genético que visam o incremento de produtividade. Com relação ao cruzamento N x Q, o caráter CP (Figura 2.1G) revelou a formação de oito classes fenotípicas, com amplitude de 15 a 20 cm,

sendo a classe com 17 cm responsável por reunir 24 famílias. A distribuição foi classificada como assimétrica positiva ($S=0,64$) e platicúrtica ($K=-0,70$) (Tabela 2.1), podendo indicar menor variabilidade genética entre as famílias para esse caráter. Este cruzamento, obteve 1,53% das famílias superiores ao genitor (BRS Querência) de maior média para o caráter, e 56,92% das famílias foram inferiores do genitor Nipponbare.

Para o caráter CP o cruzamento Q x N evidenciou sete classes fenotípicas com amplitude de 17 a 29 cm. A classe com 21 cm conteve 23 famílias, onde o coeficiente de assimetria e curtose permitiram classificar a distribuição como assimétrica positiva ($S=0,28$) e leptocúrtica ($K=0,28$) (Tabela 2.1), indicando que há menor variabilidade para este caráter. Desta forma, 1,69% das famílias foram superiores à média do genitor (BRS Querência) de maior comprimento da panícula e 5,08% foram inferiores ao genitor Nipponbare.

A dispersão gráfica (Figura 2.3D) para o CP revelou na situação (I) que 50,0% das famílias foram provenientes do cruzamento Q x N, e 50,0% famílias oriundas do cruzamento N x Q, desta maneira, torna-se possível a seleção de famílias transgressivas positivas independente do genitor materno ou paterno utilizado, sendo este caráter de grande importância ao melhoramento por estar relacionado diretamente com a produtividade de grãos no arroz (Freitas et al., 2007).

O cruzamento N x Q possibilitou maior segregação devido a formação de mais classes fenotípicas para o caráter CP, e superioridade na variância fenotípica ($\sigma^2= 11,31$), e coeficiente de variação ($CV%= 16,65$). O cruzamento Q x N apresentou maior ganho relativo para incremento do caráter, diante disso, as famílias de ambos os cruzamentos tendem ao genitor (Nipponbare) com menor comprimento da panícula.

O número de espiguetas férteis e estéreis por panícula caracteriza-se por possuir controle genético quantitativo (Mendes et al., 2014), baixa herdabilidade e alto efeito do ambiente, sensível principalmente às condições adversas do clima, tais como às baixas e altas temperaturas ocorridas no desenvolvimento da cultura, vindo a prejudicar o desenvolvimento dos grãos de pólen, podendo resultar na esterilidade das espiguetas (Larrosa et al., 2009). Com relação ao cruzamento N x Q para o caráter NEF (Figura 2.2A), houve

formação de nove classes fenotípicas, com amplitude de 38 a 150 unidades. Obteve-se duas classes com 18 famílias em cada uma, contendo 68 e 83 unidades, respectivamente. A distribuição foi assimétrica positiva ($S= 0,78$) e leptocúrtica ($K= 0,27$) indicativo de menor variabilidade para este caráter. Onde, 1,54% das famílias foram superiores ao genitor Nipponbare de maior média, e 76,92% foram inferior ao genitor BRS Querência.

O Cruzamento Q x N revelou para NEF (Figura 2.2B) a formação de seis classes fenotípicas, com amplitude de 50 a 175 unidades, sendo a classe de 75 unidades responsável por agrupar 21 famílias. A distribuição foi classificada como assimétrica positiva ($S=0,57$) e leptocúrtica ($K=0,22$), indicando menor variabilidade fenotípica para o caráter em relação a média das famílias. Acima da média do genitor Nipponbare, observou a presença de 6,78% das famílias superiores ao genitor Nipponbare e 71,19% foram inferiores a média do genitor BRS Querência.

A dispersão gráfica (Figura 2.3E) para o caráter NEF revelou que há segregação transgressiva das famílias e verifica-se na situação (I) que 75% das famílias são oriundas do cruzamento Q x N, e 25% foram do cruzamento N x Q, essa percentagem pode ser devido a esterilidade das espiguetas causada devido ao cruzamento *Oryza sativa* sp. *indica* x *Oryza sativa* sp. *japonica* (Know et al., 2014), sendo o cruzamento Q x N mais eficiente para incrementar o caráter, e obter transgressivos positivos.

O cruzamento N x Q possibilitou maior segregação devido a formação de mais classes fenotípicas para o caráter NEF. O cruzamento Q x N apresentou maior variação fenotípica ($\sigma^2=782,05$) (Tabela 2.1) e maior ganho relativo para incremento do caráter. Observa-se que em ambos os cruzamentos a média das famílias foi inferior a média dos genitores, e os resultados obtidos tendem ao genitor (BRS Querência) com menor número de espiguetas férteis por panícula.

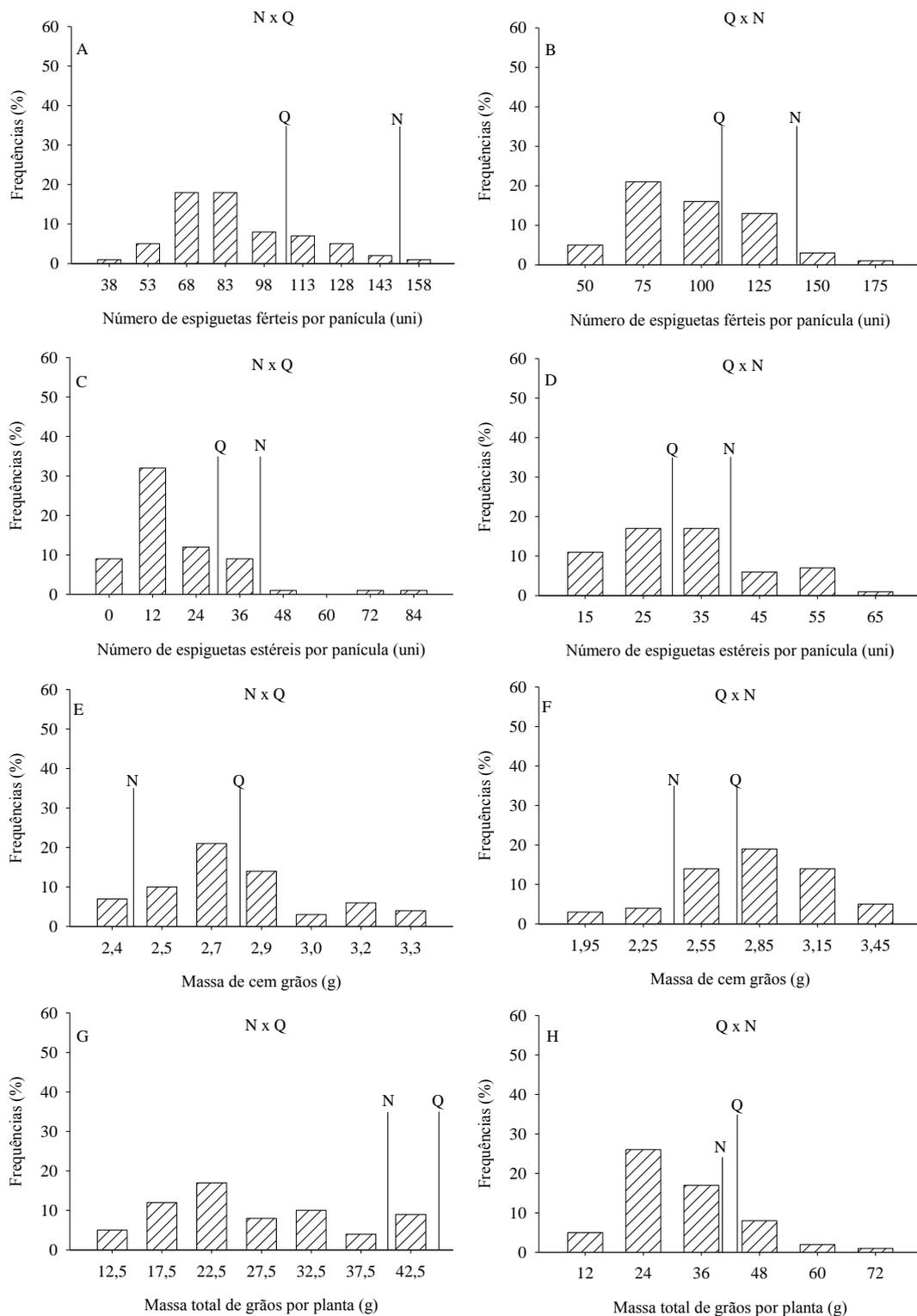


Figura 2.2. Distribuição de frequências de 65 famílias na geração F_6 derivadas do cruzamento das cultivares Nipponbare e BRS uerência (N x Q) e de 59 famílias derivadas do cruzamento cultivares BRS Querência e Nipponbare (Q x N), para os caracteres número de espiguetas estéreis por panícula (C e D), massa de cem grãos (E e F) e massa total de grãos por planta (G e H). FAEM/UFPel, 2016.

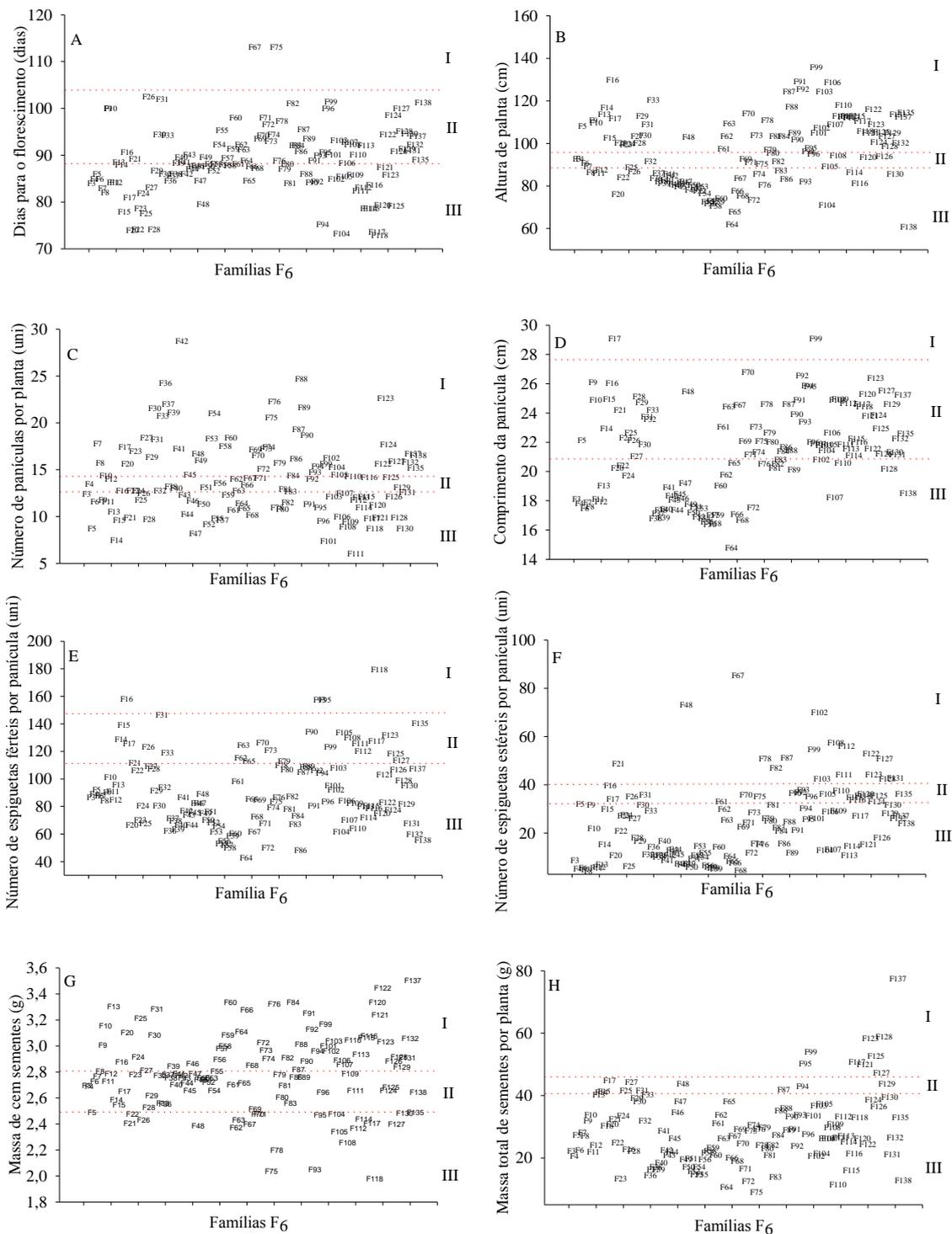


Figura 2.3. Dispersão gráfica de 121 famílias na geração F₆, para os caracteres dias para florescimento (A), altura de planta (B), número de panículas por planta (C) e comprimento de panícula (D), número de espiguetas férteis por panícula (E), número de espiguetas estéreis por panícula (F), massa de cem grãos (G) e massa total de grãos por planta (H). FAEM/UFPel, 2016.

Para o caráter NEE, o cruzamento N x Q (Figura 2.2C) formou oito classes fenotípicas, com amplitude de 0,00 a 84 unidades, sendo que a classe de 12 unidades compreendeu 32 famílias. Assim, superior a média do genitor (Nipponbare) com maior magnitude para este caráter, apresentaram-se 4,62% das famílias e 81,54% das famílias foram inferiores ao genitor BRS Querência. A distribuição foi classificada como leptocúrtica ($K=6,06$) e assimétrica positiva ($S=2,12$), tendo-se maior concentração das famílias à esquerda da média geral das famílias com menor NEE.

Para o cruzamento Q x N (Figura 2.2D), evidenciou-se seis classes fenotípicas para o caráter NEE, com amplitude de 15 a 65 unidades e duas classes proeminentes sendo 25 e 35 unidades, onde reuniu-se 17 famílias cada classe. Acima da média do genitor (Nipponbare) de maior número de espiguetas estéreis apresentaram-se 23,73% das famílias, em contrapartida, inferior ao genitor BRS Querência evidenciaram-se 47,46% das famílias. A distribuição de acordo com o coeficiente de assimetria e curtose foi classificada como assimétrica positiva ($S=0,46$) e platicúrtica ($K=-0,03$), que pode indicar maior variabilidade para o caráter NEE, e as famílias situam-se próximas da média geral das famílias.

Identificou-se as famílias segregantes abaixo da média do genitor (BRS Querência) com menor número de espiguetas estéreis através da dispersão gráfica (Figura 2.3F), sendo a situação (III) de maior interesse para o melhoramento do arroz, já que busca-se o número de espiguetas estéreis por panícula menor, por influenciar negativamente na produtividade de grãos (Dalchiavon et al., 2012), como demonstrada na situação (I). Para a situação (III) foram representadas 32,55% das famílias oriundas do cruzamento Q x N e 67,45% das famílias do cruzamento N x Q.

O cruzamento N x Q possibilitou a maior segregação devido a formação de mais classes fenotípicas para o caráter NEE, e apresentou maior ganho relativo para a redução deste caráter, mas revelou maior variação fenotípica ($\sigma^2=240,53$) e coeficiente de variação ($CV\%=83,91$). Independente do cruzamento as famílias tendem ao genitor (BRS Querência) de menor média para o caráter, portanto, as famílias inferiores à esse genitor apresentam-se interessantes para o melhoramento do arroz e obtenção de genótipos mais produtivos.

Um dos componentes do rendimento de grãos que mais influenciam a produtividade do arroz é a massa de cem grãos (Alvarez et al., 2012), pois esta apresenta-se como o caráter mais estável fenotipicamente entre os genótipos, e intimamente relacionado com as dimensões dos grãos (Buzetti et al., 2006). Para o cruzamento N x Q, o caráter MCG (Figura 2.2E) apresentou sete classes fenotípicas, e amplitude de 2,4 a 3,3g, onde 21 famílias ficaram contidas na classe de 2,7g. A distribuição teve comportamento platicúrtico ($K=-0,05$) e classificada como assimétrica positiva ($S=0,55$), com mais famílias à esquerda da média geral. Assim, 41,54% das famílias encontraram-se acima da média do genitor BRS Querência sendo esse superior para a MCG, e 10,77% situaram-se abaixo da média do genitor Nipponbare.

Com relação ao cruzamento Q x N para o caráter MCG (Figura 2.2F), verificou-se a formação de seis classes fenotípicas, com amplitude de 1,95 a 3,45g, sendo a classe de 2,85g responsável por agrupar 19 famílias. Obteve-se com esse cruzamento 64,41% das famílias superiores ao genitor BRS Querência de maior média da MCG, e 11,86% das famílias foram inferiores a média do genitor Nipponbare. A distribuição foi classificada como assimétrica negativa ($S=-0,33$) e platicúrtica ($K=-0,19$), concentrando as famílias de maior MCG à direita da média.

A dispersão gráfica (Figura 2.2F) permitiu identificar os transgressivos positivos para o caráter MCG, na situação (I) estão situadas 63,26% das famílias oriundas do cruzamento Q x N e 36,74% das famílias provenientes do cruzamento N x Q. Nota-se que com esses cruzamentos é possível a seleção de famílias com maior massa de MCG, e assim obter genótipo mais produtivos através da seleção destas famílias.

O cruzamento N x Q possibilitou maior segregação devido a formação de mais classes fenotípicas para o caráter MCG. O cruzamento Q x N obteve maior variação fenotípica ($\sigma^2= 0,12$) e coeficiente de variação ($CV\%= 12,55$), indicativo de adequada condução do experimento, e maior ganho relativo para o incremento deste caráter. Nota-se que independente do cruzamento as famílias tendem ao genitor (BRS Querência) de maior média para o caráter MCG, as médias das famílias foram intermediárias aos genitores, e pode ser indicativo de efeitos aditivos, onde cada genitor contribui geneticamente de igual forma à constituição da progênie.

A produtividade de grãos apresenta-se como um caráter de herança quantitativa controlada por grande número de genes (Boldieri et al., 2010), sendo determinada por vários componentes de rendimento agindo conjuntamente, apresenta influência de vários atributos da planta, tais como o maior comprimento de panícula (Peng et al., 1999), maior número de espiguetas férteis por panícula, menor número de espiguetas estéreis e maior massa de cem grãos (Costa et al., 2000; Marchezan et al., 2005; Filho e Fornasieri, 2006; Dalchiavon et al., 2012; Tang et al., 2013).

O cruzamento N x Q para MTG, (Figura 2G), evidenciou a formação de sete classes fenotípicas para o caráter massa total de grãos por planta, com amplitude de 12,5 a 42,5g, onde a classe mais proeminente foi a de 22,5g contendo 17 famílias. Para este cruzamento não houve nenhuma família superior ao genitor BRS Querência, porém 86,15% das famílias foram inferiores ao genitor Nipponbare. A distribuição foi platicúrtica ($K=-0,90$) e assimétrica positiva ($S=0,41$), concentrando as famílias de menor produtividade por planta à direita da média.

Com relação ao cruzamento Q x N, (Figura 2.2H) para o caráter MTG, observa-se que houve formação de seis classes, com amplitude de 12 a 72g, onde a classe mais proeminente (24g) continha 26 famílias. Neste cruzamento, 8,64% das famílias foram superiores ao genitor (BRS Querência) com maior média para este caráter, em contrapartida, 81,36% ficaram abaixo do genitor Nipponbare. A distribuição foi assimétrica positiva ($S= 0,96$) e leptocúrtica ($K= 1,57$).

A dispersão gráfica (Figura 2.3H) revelou transgressivos positivos na situação (I), apresentando oito famílias provenientes do cruzamento Q x N, sendo indicativo de que este cruzamento apresente combinações gênicas que possam influenciar no incremento do caráter. O cruzamento N x Q possibilitou maior segregação devido a formação de mais classes fenotípicas para o caráter MTG. O cruzamento Q x N obteve maior variação fenotípica ($\sigma^2=169,95$) e conseqüentemente maior coeficiente de variação ($CV\%=40,53$), em contrapartida, obteve maior ganho relativo para incremento do caráter. Independente do cruzamento as famílias tendem ao genitor (Nipponbare) de menor média para o caráter, e no o cruzamento Q x N obteve-se oito famílias

acima no genitor BRS Querência, sendo estas passíveis de serem selecionadas.

Nos cruzamentos N x Q e Q x N foram obtidas famílias segregantes transgressivas em ambas as direções para todos os caracteres. Independente dos cruzamentos as famílias tenderam ao genitor BRS Querência, para os caracteres DF, NEF, NEE, MCG, obtendo menores magnitudes para estes caracteres, revelando que o cruzamento entre estas subspécies também pode ser favorável.

2.4. Conclusões

O cruzamento entre Nipponbare e BRS Querência (N x Q) possibilitou maior segregação devido a formação de mais classes fenotípicas para todos os caracteres analisados.

Nos dois cruzamentos foram obtidas famílias segregantes transgressivas em ambas direções para todos os caracteres.

Independente dos cruzamentos as famílias tenderam ao genitor BRS Querência, para os caracteres dias para florescimento, número de espiguetas férteis por panícula, número de espiguetas estéreis por panícula, massa de cem grãos.

Para os caracteres comprimento de panícula e massa total de grãos produzidos por plantas as famílias tenderam ao genitor Nipponbare.

2.5. Referências

- ABREU, H. K. A.; TEODORO, P. E.; PANTALEÃO, A. A.; CORREA, A. M.; Genetic parameters, correlations and path analysis in upland rice genotypes. **Bioscience Journal**, v.32, n.2, p.354-360, 2016.
- ALVAREZ, R. C. F.; CRUSCIOL, C. A. C.; NASCENTE, A. S. Análise de crescimento e produtividade de cultivares de arroz de terras altas dos tipos tradicional, intermediário e moderno. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.42, n.4, p.397-406, 2012.
- BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. S.; ARGE, L.W.P; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Multivariate analysis of genetic divergence of genotypes of rice under salt stress during the vegetative phase. **Revista Ciência Agrônômica**, v.42, n.2, p.409-416, 2011.

BERTAN, I.; CARVALHO, R. I. F.; COSTA DE OLIVEIRA, A.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.44, n.2 2009.

BOLDIERI, F. M.; CAZETTA, D. A.; FILHO, D. F.; Adubação nitrogenada em cultivares de arroz de terras altas. **Revista Ceres**, v.57, n.3, p.421-428, 2010.

BOREL, J. C.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, V. R. F.; ABREU, A. F. B. Genetic and phenotypic parameters in common bean segregant populations 26 from intra and inter-gene pool crosses of elite lines. **Euphytica**, v.193, p.39-47, 2013.

BOREL, J. C.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, V. R. F.; ABREU, A. F. B. Genetic and phenotypic parameters in common bean segregant populations 26 from intra and inter-gene pool crosses of elite lines. **Euphytica**, v.193, p.39-47, 2013.

BUZETTI, S.; BAZANINI, G. C.; FREITAS, J. G.; ANDREOTTI, M.; ARF, O.; SÁ, M. E.; MEIRA, F. A. Resposta de cultivares de arroz a doses de nitrogênio e do regulador de crescimento cloreto de cloromequat. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.41, n.12, p.1731-1737, 2006.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Produção de Arroz**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em 06 de janeiro de 2016.

COSTA, E.G.C.; SANTOS, A. B.; ZIMMERMANN, F. J. P. Características agrônômicas da cultura principal e da soca de arroz irrigado. **Ciência e Agrotecnologia**, v.24, n.05, p.15-24, 2000.

CRUZ, Comes Damião. **Programa GENES: Estatística experimental e matrizes**. Viçosa: UFV, 2006. 285 p.

CRUZ, R. P.; MILACH, S. C. K.; Melhoramento genético para tolerância ao frio em arroz irrigado. **Ciência Rural**, v.30, n.5, p.909-917, 2000.

DALCHIAVON, F. C.; CARVALHO, M. P.; COLETTI, A. J.; CAIONE, G.; SILVA, A. F.; ANDREOTTI, M. Linear correlation between components production and yield of rice upland in no-tillage. **Ciências Agrárias**, v.33, n.5, p. 1629-1642, 2012.

DUAN, L.; HUANG, C.; CHEN, G.; XIONG, L.; LIU, Q.; YANG, W.; Determination of rice panicle numbers during heading by multi-angle imaging. **The Crop Journal**, v.3, p.211-219.

- FAGERIA, K. F.; eficiência do uso de potássio pelos genótipos de arroz de terras altas. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.35, n.10, p.2115-2120, 2000.
- FILHO, D. F.; FORNASIERI, J. L. **Manual da Cultura do Arroz**. Jaboticabal: Funep, 2006. 589 p.
- FREITAS, J. G.; CANTARELLA, H.; SALOMON, M. V.; MALAVOLTA, V. M.; CASTRO, L. H. S. M.; GALLO, P. B.; AZZINI, L. E. Produtividade de cultivares de arroz irrigado resultante da aplicação de doses de nitrogênio. **Bragantia**, v.66, n.2, p.317-325, 2007.
- HERNANDES, A.; BUZETTI, S.; ANDREOTTI, M.; ARF, O.; SÁ, M. E.; Doses, sources and periods of nitrogen application in rice cultivars. **Ciência e Agrotecnologia**, v.34, n.2, p. 307-312, 2010.
- HUANG, C.; YANG, W.; DUAN, L.; JIANG, N.; CHEN, G.; XIONG, L.; LIU, Q. Rice panicle length measuring system based on dual-camera imaging. **Computers and Electronics in Agriculture**, v.98, p.158-165, 2013.
- IRRI. **Increase food security**. Disponível em: <<http://irri.org/our-impact/increase-food-security>>. Acesso em 06 de janeiro de 2016.
- JALATA, Z.; ANYANA, A.; ZELEKE, H. Variability, heretability and genetic advance for some yeild and yield related traits in ethiopian barley (*Hordeum vulgare* L.) landraces and crosses. **International Journal of Planta Breeding and Genetics**, v.5, p.44-52, 2011.
- KHUSH, G. S. Breaking the Yield Frontier of Rice. **GeoJournal** , P. 329-332, 1995.
- KWON, S. J.; HA, W. G.; HWANG, H. G.; YANG, S. J.; CHOI, H. C.; MOON, H. P.; AHN, S. N. Relationship between heterosis and genetic divergence in 'Tongil'-type rice. **Plant Breeding**, v.121, 487-492, 2002.
- LACK, S. et al. The effects of planting date on grain yield and yield components of rice cultivars. **Advances in Environmental Biology**, v.6, n.1, p.406-413, 2012.
- LAGO, I.; STRECK, N. A.; CARVALHO, M. P. C.; FAGUNDES, L. K.; PAULA, G. M. DE; LOPES, S. J. Estimativa da temperatura base do subperíodo emergência - diferenciação da panícula em arroz cultivado e arroz vermelho. **Revista Ceres**, v.56, p.288-295, 2009.

- MARCHEZAN, E.; MARTIN, T. N.; SANTOS, F. M.; CAMARGO, E. R. Path coefficient analysis of rice yield components. **Ciência Rural**, v.35 n.5, p. 1027-1033, 2005.
- MENDES, C. A.; BORBA, T. C. O.; BUENO, L. G.; CRUZEIRO, G. A. V.; MENDONÇA, J. A.; PANTALIÃO, G. F.; VIANELLO, R. P.; BRONDANI, C. Análise de associação quanto à produtividade e seus caracteres componentes em linhagens e cultivares de arroz de terras altas. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.49, n.10, p.771-782, 2014.
- MISRA, R. C.; SAHU, P. K.; JALI, C. R.; MISHRA, H. P.; MISRA, L. D. Studies on skewness , kurtosis and transgressive variation in M2 populations of rice bean (*Vigna umbelata*) varieties. **Legume Research**, 2008.
- NASCIMENTO, V.; ARF, O.; SILVA, M. G.; BINOTTI, F. F. S.; RODRIGUES, R. A. F.; ALVAREZ, R. C. F. Uso do regulador de crescimento etil-trinexapac em arroz de terras altas. **Bragantia**, v.68, n.4, p.921-929, 2009.
- PENG, S.; CASSMAN, K.G.; VIRMANI, S.S.; SHEEHY, J.; KHUSH G.S.; Yield Potential Trends of Tropical Rice since the release of IR8 and the Challenge of Increasing Rice Yield Potential. **Crop science** ,p.1552-1559, 1999.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. Lavras, Minas Gerais, 5ª edição, 2012, (editora UFLA).
- SAS. **SAS Software**. Version 9.3. Cary, North Carolina: SAS Institute Inc., 1999.
- SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). **Biometrika**, v.52, n.3/4, 1965.
- SHEN, G.; ZHAN, W.; CHEN, H.; XING, Y. Dominance and epistasis are the main contributors to heterosis for plant height in rice. **Plant Science**, p.215-216, 2014.
- SIGMAPLOT. **Scientific Graphing Software**. Version 10.0. 2007.
- SILVEIRA, S. F. S.; HAWERROTH, M. C.; OLIVEIRA, D. C. S.; WOYANN, L. G.; ALMEIDA, H. C. F.; LUZ, V. K.; THUROW, L.; SILVA, R. M.; GUTKOSKI, L. C.; MAIA, L. C.; COSTA DE OLIVEIRA, A. Heterosis and genetic parameters for grain quality in oat segregating populations. **Scientia Agricola**, v.73, n.5, 2016.

- SORATTO, R. P.; CRUSCIOL, C. A. C.; MELLO, F. F. C. Componentes da produção e produtividade de cultivares de arroz e feijão em função de calcário e gesso aplicados na superfície do solo. **Bragantia**, v.69, n.4, p.965-974, 2010.
- SOSBAI – **Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado**. Arroz irrigado: Recomendações Técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil. Santa Maria: SOSBAI, 2014.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H.; DICKEY, D.A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3ªed. New York: McGraw Hill Book, p.666, 1997.
- STRECK, N. A.; BOSCO, L. C.; MICHELON, S.; WALTER, L. C.; MARCOLIN, E. Duration of developmental cycle of rice cultivars as a function of main stem leaf appearance. **Ciência Rural**, v.36, n.4, p.1086-1093, 2006.
- TANG, S.; SHAO, G.; WEI, X.; CHEN, M.; SHENG, Z.; LUO, J.; JIAO, G.; XIE, L.; HU, P. QTL mapping of grain weight in rice and the validation of the QTL qTGW3.2. **Gene**, v.527, p.201-206, 2013.
- to heterosis for yield and associated traits using three diverse rice-growing ecosystems. **Field Crops Research**, v.88, p. 91-102, 2004.
- VAUBAM, A. C. da Silva.; SILVA, E. F.; TABOSA, J. N. Comportamento de genótipos de arroz de terras altas na Zona da Mata de Pernambuco. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.14, n.10, p.1030-1037, 2010.
- VERMA, O. P.; SRIVASTAVA, H. K. Genetic component and combining ability analyses in relation. **Field Crops Research**, v.88, p.91-102, 2004.
- WEI, X.; XU, J.; GUO, H.; JIANG, L.; CHEN, S.; YU, C.; ZHOU, Z.; HU, P.; ZHAI, H.; WAN, J. DTH8 Suppresses Flowering in Rice, Influencing Plant Height and Yield Potential Simultaneously. **Plant Physiology**, v.153, p. 1747-1758, 2010.

**Capítulo 3. Componentes de variância em famílias F_6
oriundas de cruzamentos recíprocos entre *Oryza sativa*
sp. *indica* e *Oryza sativa* sp. *japonica***

Componentes de variância em famílias F₆ oriundas de cruzamentos recíprocos entre *Oryza sativa* sp. *indica* e *Oryza sativa* sp. *japonica*

3.1. Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o terceiro cereal mais produzido no mundo, sendo o Brasil o maior produtor da América Latina (USDA, 2016). Por ser uma cultura com grande importância e revelar crescente necessidade de incrementos em produtividade, devido ao crescimento demográfico e a necessidade alimentar da população humana, um dos principais objetivos dos programas de melhoramento do arroz é a obtenção de genótipos mais produtivos. Diante disto, esse incremento da produtividade pode ser alcançado através de hibridações, seleções e multiplicação de genótipos que apresentam melhor desempenho agrônomico e industrial (Bárbaro et al., 2007).

Genótipos superiores são dificilmente identificados, pois vários são os caracteres que evidenciam herança quantitativa, sendo controlados por um grande número de genes, e podendo apresentar baixa herdabilidade, além de possuir efeitos não aditivos e revelar grande efeito do ambiente sobre o fenótipo (Carvalho et al., 2001). Estes caracteres de interesse agrônomico podem ser evidenciados pela existência de maior frequência de recombinação, expressar distribuição fenotípica com classes contínuas, revelando genótipos segregantes transgressivos, desta maneira, as chances de obter genótipos superiores através da seleção é incrementada (Reis et al., 2004).

Para compreender quais caracteres são passíveis de serem selecionados, e resultar em progresso ao melhoramento do arroz, torna-se necessário identificar a magnitude dos componentes de variância, estimar os valores genéticos envolvidos na manifestação do fenótipo, e revelar os efeitos aditivos e não aditivos presentes, e com isso, identificar quais caracteres apresentam maior fração herdável e definir qual a estratégia de seleção a ser procedida (Smith et al., 2001; Leite et al., 2015). Além disso, ao quantificar os componentes da variância é possível prever ganhos proporcionados pela seleção, avaliar a viabilidade do programa de melhoramento genético e obter genótipos superiores (Leite et al., 2015). Portanto, ao identificar a fração da

variação genética que é realmente fixada com os avanços de gerações, o melhoramento de autógamias torna-se eficiente, agregando ganhos em cada geração através dos efeitos aditivos e redução dos efeitos não aditivos (Baldissera et al., 2014).

O processo de seleção tem por objetivo acumular alelos favoráveis nas gerações de melhoramento, possibilitando a predição do ganho pela seleção, antes mesmo de que seja realizada, revelando-se uma das maiores contribuições para o estudo de caracteres quantitativos (Reis et al., 2004). Os métodos de seleção se baseiam nas magnitudes e sentidos dos ganhos genéticos, e pode ser direcionada entre e dentro das famílias, onde possibilitam interessante alternativa para selecionar as melhores famílias e ou indivíduos superiores dentro dessas (Martins et al., 2005; Martuscello et al., 2009).

A necessidade de revelar a contribuição dos parâmetros genéticos e componentes de variância no estudo do controle genético dos caracteres agrônômicos, e identificar qual a fração é realmente herdável, e quais são os padrões de seleção que podem ser procedidos revela notável importância, assim, o objetivo deste trabalho foi identificar famílias F_6 promissoras para a seleção no programa de melhoramento genético do arroz, através dos componentes de variância, herdabilidades e o ganho por seleção, entre e dentro as famílias oriundas dos cruzamentos recíprocos entre *Oryza sativa* sp. *indica* e *Oryza sativa* sp. *japonica*.

3.2. Material e Métodos

Este trabalho teve início em 2010 através dos cruzamentos entre os genótipos de arroz BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*), realizados reciprocamente. Efetuou-se em torno de 10 cruzamentos utilizando-se o genótipo BRS Querência como genitor materno (cruzamento I) "Q x N", da mesma forma, o genótipo Nipponbare apresentou-se como genitor materno (cruzamento II) "N x Q", e obteve-se 121 e 160 plantas híbridas F_1 , respectivamente. O avanço de geração ocorreu ($F_1 \rightarrow F_2$) na safra agrícola 2011/2012, e a população F_2 foi conduzida pelo método SSD (*Single Seed Descent*), no campo da Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado (ETB), Capão do Leão – RS.

As plantas F₃ foram conduzidas em casa de vegetação pertencente a Embrapa Terras Baixas, e transplantadas ao campo da ETB (Estação Terras Baixas - Capão do Leão/RS) na segunda quinzena de janeiro de 2014. A geração F₄ após colhida foi enviada à Embrapa Arroz e Feijão (Goiânia - GO) para o avanço de geração em 2014. A geração F₅ foi semeada em dezembro de 2014 na estação ETB. Em 2015 a geração F₆ foi implantada na estação ETB, utilizando um delineamento de blocos incompletos com testemunhas intercalares, sendo os tratamentos comuns (BRS Querência e Nipponbare) dispostos em três repetições, dentro de cada unidade experimental mensurou-se 10 plantas. As Famílias F₆ foram dispostas intercaladamente aos genitores, para o cruzamento (I) utilizou-se 43 famílias, e cruzamento (II) 45 famílias foram implantadas.

A unidade experimental foi constituída por linhas de 1,5 metros (m) de comprimento, espaçadas por 0,30 m, sendo utilizadas 15 plantas por família, em contrapartida, apenas 10 plantas foram selecionadas aleatoriamente para a colheita e mensuração dos caracteres de interesse. A densidade populacional empregada para todas as famílias foi de 50 sementes aptas por m². Implantou-se o experimento em sistema de semeadura manual com adubação de base de 300 kg ha⁻¹ na forma de NPK (05-20-20), e 60 kg ha⁻¹ de nitrogênio na forma de ureia, aplicado por cobertura no início do afilhamento. A altura de lâmina de água variou entre 7,5 e 10 cm, sendo o início da submersão do solo 30 dias após a emergência das plântulas. Os tratos culturais, assim como o controle de plantas daninhas, doenças e insetos-praga foram realizados de acordo as indicações da SOSBAI (2014).

Os caracteres mensurados foram:

Dias para o florescimento (DF), número de dias ocorridos da semeadura até o florescimento de 50% das panículas, resultados em dias.

Altura de planta (AP), medida da superfície do solo até a extremidade da panícula, obtida através de régua graduada no período de enchimento dos grãos, resultados em centímetros (cm).

Comprimento da panícula (CP), obtida através da distância da base da panícula à extremidade da última espiguetta, obtida através de uma régua graduada, resultados em centímetros (cm).

Número de espiguetas férteis por panícula (NEF), mensurou-se o número de espiguetas férteis contidas em cada panícula, resultados em unidades (uni).

Número de espiguetas estéreis por panícula (NEE), obtido através da contagem do número de espiguetas estéreis em cada panícula, resultados em unidades (uni).

Massa de cem grãos (MCG), obtida a partir da contagem do número de grãos por planta onde se mensurou a massa, posteriormente, ajustou-se para a massa de cem grãos, resultados em gramas (g).

Massa total de grãos produzidas por planta (MTG), obtida através da aferição da massa total dos grãos contidas nas espiguetas férteis das plantas, resultados em gramas (g).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para todos os caracteres estudados, com intuito de comprovar as diferenças significativas entre os genótipos testados a 5% de probabilidade. Posteriormente determinou-se as estimativas dos parâmetros: variância fenotípica entre as famílias F_6 (σ^2_{Fe}), variância fenotípica dentro das famílias F_6 (σ^2_{Fd}); variância ambiental entre as famílias F_6 (σ^2_{Ee}); variância ambiental dentro das famílias F_6 (σ^2_{Ed}); variância genotípica entre as famílias F_6 (σ^2_{Ge}); variância genotípica dentro das famílias F_6 (σ^2_{Gd}); variância aditiva (σ^2_A); variância de dominância (σ^2_D); herdabilidade com sentido amplo entre as famílias F_6 (h^2_{Ae}); herdabilidade com sentido amplo dentro das famílias F_6 (h^2_{Ad}); herdabilidade com sentido restrito entre as famílias F_6 (h^2_{re}); herdabilidade com sentido restrito dentro das famílias F_6 (h^2_{rd}); e herdabilidade total (H^2_T).

Sendo:

1: Variância fenotípica (σ^2_F):

$$1.1: \sigma^2_{Fe} = \frac{QM_{\text{entre } F_6}}{n}$$

1.1: σ^2_{Fe} : Variância fenotípica entre famílias F_6

$QM_{\text{entre } F_6}$: Quadrado médio entre famílias F_6

n: número de plantas

$$1.2: \sigma^2_{Fd} = QM_{dentro F_6}$$

1.2: σ^2_{Fd} : Variância fenotípica dentro de famílias F_6

$QM_{dentro F_6}$: Quadrado médio dentro de famílias F_6

2: Variância ambiental (σ^2_E):

$$2.1: \sigma^2_{Ee} = \frac{1}{2} \left(\frac{QM_{entre G_1}}{8} + \frac{QM_{entre G_2}}{8} \right)$$

2.1: σ^2_{Ee} : Variância ambiental entre famílias F_6

$QM_{entre G_1}$: Quadrado médio entre G_1

$QM_{entre G_2}$: Quadrado médio entre G_2

$$2.2: \sigma^2_{Ed} = \frac{QM_{dentro G_1} + QM_{dentro G_2}}{2}$$

2.2: σ^2_{Ed} : Variância ambiental dentro das famílias F_6

$QM_{dentro G_1}$: Quadrado médio dentro G_1

$QM_{dentro G_2}$: Quadrado médio dentro G_2

3: Variância genotípica (σ^2_G):

$$3.1: \sigma^2_{Ge} = \sigma^2_{Fe} - \sigma^2_{Ee}$$

3.1: σ^2_{Ge} : Variância genotípica entre famílias F_6

σ^2_{Fe} : Variância fenotípica entre famílias F_6

σ^2_{Ee} : Variância ambiental entre famílias F_6

$$3.2: \sigma^2_{Gd} = \sigma^2_{Fd} - \sigma^2_{Ed}$$

3.2: σ^2_{Gd} : Variância genotípica dentro famílias F_6

σ^2_{Fd} : Variância fenotípica dentro famílias F_6

σ^2_{Ed} : Variância ambiental dentro famílias F_6

4: Variância aditiva (σ^2_A):

$$\sigma^2_A = \frac{\sigma^2_{Ge} - F\sigma^2_{Gd}}{F(1+F)}$$

σ^2_{Ge} : Variância genotípica entre famílias F_6

σ^2_{Gd} : Variância genotípica dentro famílias F_6

F: Coeficiente de Wright (Falconer, 1987)

5: Variância de dominância (σ^2_D):

$$\sigma^2_D = \frac{4F\sigma^2_{Gd} - (1-F)\sigma^2_{Ge}}{F}$$

σ^2_{Gd} : Variância genotípica dentro famílias F_6

σ^2_{Ge} : Variância genotípica entre famílias F_6

F: coeficiente de Wright

6: Herdabilidade com sentido amplo (h^2_A):

$$6.1: h^2_{Ae} = \frac{\sigma^2_{Ge}}{\sigma^2_{Fe}}$$

6.1: h^2_{Ae} : Herdabilidade com sentido amplo entre as famílias F_6

σ^2_{Ge} : Variância genotípica entre famílias F_6

σ^2_{Fe} : Variância fenotípica entre famílias F_6

$$6.2: h^2_{Ad} = \frac{\sigma^2_{Gd}}{\sigma^2_{Fd}}$$

6.2: h^2_{Ad} : Herdabilidade com sentido amplo dentro das famílias F_6

σ^2_{Gd} : Variância genotípica dentro das famílias F_6

σ^2_{Fd} : Variância fenotípica dentro famílias F_6

7: Herdabilidade com sentido restrito (h^2_r):

$$7.1: h^2_{re} = \frac{\sigma^2_{Ae}}{\sigma^2_{Fe}} = \frac{2F\sigma^2_A}{\sigma^2_{Fe}}$$

7.1: h^2_{re} : Herdabilidade com sentido restrito entre as famílias F_6

σ^2_{Ae} : Variância aditiva entre famílias F_6

σ^2_A : Variância aditiva

σ^2_{Fe} : Variância fenotípica entre famílias F_6

F: coeficiente de Wright

$$7.2: h^2_{rd} = \frac{\sigma^2_{Ad}}{\sigma^2_{Fd}} = \frac{(1-F)\sigma^2_A}{\sigma^2_{Fd}}$$

7.2: h^2_{rd} : Herdabilidade com sentido restrito dentro das famílias F_6

σ^2_{Ad} : Variância aditiva dentro das famílias F_6

σ^2_A : Variância aditiva

σ^2_{Fd} : Variância fenotípica dentro das famílias F_6

F: coeficiente de Wright

8: Herdabilidade total (H^2_T):

$$H^2_T = \frac{\sigma^2_{A \text{ total}}}{\sigma^2_{F \text{ total}}} = \frac{(1 + F)\sigma^2_A}{\sigma^2_{Fe} + \sigma^2_{Fd}}$$

$\sigma^2_{A \text{ total}}$: Variância aditiva total

σ^2_A : Variância aditiva

$\sigma^2_{F \text{ total}}$: Variância fenotípica total

σ^2_{Fe} : Variância fenotípica entre famílias F_6

σ^2_{Fd} : Variância fenotípica dentro das famílias F_6

F: coeficiente de Wright

9: Ganho por seleção (GS):

$$9.1: GS_e = h^2_{re} \times (i) \times \sqrt{\sigma^2_{Fe}}$$

9.1: GSe: Ganho por seleção entre famílias F_6

h^2_{re} : Herdabilidade com sentido restrito entre famílias F_6

σ^2_{Fe} : Variância fenotípica entre famílias F_6

i: Intensidade de seleção

$$9.2: GS_d = h^2_{rd} \times (i) \times \sqrt{\sigma^2_{Fd}}$$

9.2:GSd: Ganho por seleção dentro das famílias F_6

h^2_{rd} : Herdabilidade com sentido restrito dentro das famílias F_6

σ^2_{Fd} : Variância fenotípica dentro das famílias F_6

i: Intensidade de seleção

Para determinação dos cálculos utilizou-se coeficiente de endogamia (F de Wright) de 0,9843 e intensidade de seleção ($i= 1,755$) representando uma pressão de 10% entre e dentro das famílias F_6 , as análises foram realizadas através do software estatístico Genes (Cruz, 2013).

3.3. Resultados e discussão

A análise de variância revelou significância a 5% de probabilidade e comprovou diferenças entre as famílias F_6 de arroz em ambos os cruzamentos para os caracteres dias para o florescimento (DF), altura de planta (AP),

comprimento da panícula (CP), número de espiguetas férteis por panícula (NEF), número de espiguetas estéreis por panícula (NEE), massa de cem grãos (MCG) e massa total de grãos produzidos por planta (MTG).

A variância fenotípica (σ^2_F) é composta por dois componentes, sendo o primeiro advindo dos efeitos ambientais totais e o segundo decorrente dos efeitos genéticos que permitem evidenciar a variabilidade genética (Ramalho et al., 2012). A inferência da variância genética (σ^2_G) é realizada com intuito de compreender a estrutura genética envolvida entre as progênes segregantes, sendo determinada por efeitos aditivos e não aditivos (Baldissera et al., 2014). Para o caráter dias para o florescimento (DF), as famílias do cruzamento N x Q revelaram que 88,19% da variação fenotípica foi decorrente da variância genética (σ^2_{Ge}), em contrapartida, o cruzamento Q x N evidenciou que 91,20% da magnitude do fenótipo foi resultante da fração genética entre as famílias F_6 de arroz. Dentro das famílias F_6 o cruzamento N x Q, demonstrou que 70,52% da variância fenotípica (σ^2_{Fd}) foi oriunda de efeitos genéticos (σ^2_{Gd}), no entanto, o cruzamento Q x N revelou que o fenótipo foi determinado por 81,82% de causas genéticas (Tabela 3.1). A contribuição genética para o fenótipo é maior entre as famílias F_6 para ambos os cruzamentos.

Uma fração da variância fenotípica (σ^2_F) apresenta causas ambientais, sendo expressa através da variância ambiental (σ^2_E), e manifesta natureza não herdável, podendo ser manipulada por técnicas experimentais (Ramalho et al., 2012). Entre as famílias, o caráter DF revelou para o cruzamento N x Q que 11,78% da variação fenotípica foi decorrente de efeitos ambientais. No entanto, no cruzamento Q x N, esta fração foi decorrente de 8,79% de efeitos não genéticos. Dentro das famílias para ambos os cruzamentos a variação ambiental foi maior entre as famílias F_6 , sendo o cruzamento N x Q acometido por 29,48% e o cruzamento Q x N por 18,18% dos efeitos residuais na manifestação do fenótipo (Tabela 3.1), esse resultado pode ser explicado devido à natureza do caráter, e pela dificuldade de mensuração do DF entre as plantas das famílias, causando o incremento da variância total desse caráter, devendo ser minuciosa.

Ao utilizar a cultivar BRS Querência como genitor materno, para o caráter DF obteve-se incremento de 3% da variância fenotípica entre e 11,3% dentro das famílias F_6 devido à variância genotípica, sendo esta composta por

frações aditivas (σ^2_A) e herdáveis, e por desvios de dominância (σ^2_D), não herdáveis (Cruz et al., 2014). O cruzamento N x Q apresentou maior efeito aditivo, enquanto o cruzamento Q x N revelou maior efeito não aditivo para o DF, esse resultado é decorrente da elevada variância fenotípica total de algumas famílias que contribuíram para inflar os desvios de dominância.

Tabela 3.1. Estimativa de parâmetros e ganho por seleção para os caracteres de importância agrônômica no cruzamento Nipponbare x BRS Querência e seu recíproco. CGF-FAEM/UFPEL, 2016.

| Parâmetros | Estimativa de parâmetros | | | | | | | |
|-----------------|--------------------------|--------|--------|--------|-------|-------|---------|---------|
| | DP | | AP | | CP | | NEF | |
| | N x Q | Q x N | N x Q | Q x N | N x Q | Q x N | N x Q | Q x N |
| σ^2_{Fe} | 42,15 | 56,53 | 173,98 | 175,63 | 9,17 | 4,09 | 339,58 | 610,62 |
| σ^2_{Fd} | 28,56 | 46,31 | 42,24 | 64,20 | 1,68 | 2,48 | 432,53 | 563,34 |
| σ^2_{Ee} | 4,97 | 4,97 | 25,66 | 25,66 | 0,37 | 0,37 | 67,02 | 67,02 |
| σ^2_{Ed} | 8,42 | 8,42 | 25,01 | 25,01 | 1,04 | 1,04 | 307,50 | 302,50 |
| σ^2_{Ge} | 37,17 | 51,55 | 148,32 | 149,97 | 8,79 | 3,71 | 272,56 | 543,60 |
| σ^2_{Gd} | 20,14 | 37,89 | 17,22 | 39,18 | 0,64 | 1,43 | 125,02 | 255,83 |
| σ^2_A | 10,19 | 8,97 | 73,33 | 62,88 | 4,54 | 1,31 | 86,45 | 169,06 |
| σ^2_D | 290,49 | 556,65 | 183,79 | 522,01 | 5,01 | 20,10 | 1779,61 | 3649,42 |
| h^2_{Ae} | 0,88 | 0,91 | 0,85 | 0,85 | 0,95 | 0,90 | 0,80 | 0,89 |
| h^2_{Ad} | 0,70 | 0,93 | 0,40 | 0,61 | 0,37 | 0,57 | 0,28 | 0,45 |
| h^2_{re} | 0,45 | 0,29 | 0,78 | 0,66 | 0,92 | 0,60 | 0,47 | 0,51 |
| h^2_{rd} | 0,02 | 0,01 | 0,11 | 0,06 | 0,18 | 0,03 | 0,01 | 0,02 |
| H^2 total | 0,27 | 0,16 | 0,65 | 0,50 | 0,80 | 0,38 | 0,21 | 0,27 |

| Parâmetros | Estimativa de parâmetros | | | | | |
|-----------------|--------------------------|---------|-------|-------|--------|---------|
| | NEE | | MCG | | MTG | |
| | N x Q | Q x N | N x Q | Q x N | N x Q | Q x N |
| σ^2_{Fe} | 116,00 | 162,14 | 0,03 | 0,11 | 78,74 | 97,70 |
| σ^2_{Fd} | 95,51 | 177,44 | 0,04 | 0,07 | 135,83 | 392,38 |
| σ^2_{Ee} | 12,29 | 12,29 | 0,00 | 0,00 | 12,85 | 12,85 |
| σ^2_{Ed} | 46,28 | 46,28 | 0,01 | 0,12 | 102,29 | 102,29 |
| σ^2_{Ge} | 103,70 | 149,85 | 0,03 | 0,11 | 65,88 | 84,85 |
| σ^2_{Gd} | 49,22 | 131,15 | 0,02 | 0,06 | 33,54 | 290,08 |
| σ^2_A | 32,03 | 15,23 | 0,00 | 0,32 | 19,17 | (NPE) |
| σ^2_D | 702,68 | 1942,35 | 0,42 | 0,89 | 481,48 | 4432,68 |
| h^2_{Ae} | 0,89 | 0,92 | 0,98 | 0,99 | 0,83 | 0,86 |
| h^2_{Ad} | 0,51 | 0,73 | 0,70 | 0,83 | 0,24 | 0,73 |
| h^2_{re} | 0,51 | 0,17 | 0,30 | 0,51 | 0,45 | (NPE) |
| h^2_{rd} | 0,02 | 0,00 | 0,01 | 0,02 | 0,00 | (NPE) |
| H^2 total | 0,29 | 0,08 | 0,15 | 0,32 | 0,17 | (NPE) |

| Caracteres | Ganho por seleção | | | |
|------------|-------------------|--------|-------|--------|
| | N x Q | | Q x N | |
| | entre | dentro | entre | dentro |
| DF | 5,12 | 0,18 | 3,82 | 0,11 |
| AP | 18,05 | 1,25 | 15,35 | 0,84 |
| CP | 4,88 | 0,40 | 2,12 | 0,08 |
| NEF | 15,20 | 0,36 | 22,11 | 0,83 |
| NEE | 9,63 | 0,34 | 3,79 | 0,00 |
| MCG | 0,09 | 0,00 | 0,29 | 0,00 |
| MTG | 7,00 | 0,00 | (NPE) | (NPE) |

Coeficiente de endogamia= 0,93

Nº repetição genitores= 4

Observação dentro da família= 10

DF= dias para o florescimento; AP= altura de planta; CP= comprimento da panícula; NEF= número de espiguetas férteis por panícula; NEE= número de espiguetas estéreis por panícula; MCG= massa de cem grãos; MTG= massa total de grãos produzidos por planta; σ^2_{Fe} = variância fenotípica entre; σ^2_{Fd} = variância fenotípica dentro; σ^2_{Ee} = variância ambiental entre; σ^2_{Ed} = variância ambiental dentro; σ^2_{Ge} = variância genotípica entre; σ^2_{Gd} = variância genotípica dentro; σ^2_A = variância aditiva; σ^2_D = variância de dominância; h^2_{Ae} = herdabilidade ampla entre; h^2_{Ad} = herdabilidade ampla dentro; h^2_{re} = herdabilidade restrita entre; h^2_{rd} = herdabilidade restrita dentro; H^2_T = herdabilidade total; NPE= não foi possível estimar.

A compreensão da magnitude de herdabilidade de um caráter é um dos parâmetros genéticos mais importantes para os programas de melhoramento genético, pois possibilitam estimar a fração herdável do caráter que será transmitida dos genitores às progênes. Este parâmetro pode definir quais estratégias devem ser abordadas para a seleção de famílias superiores, e ainda expressar a confiabilidade e representatividade do fenótipo em relação aos efeitos genéticos (Falconer, 1987; Baldissera et al., 2014). A herdabilidade pode ser estimada com sentido restrito (h^2_r), correspondendo à fração dos efeitos aditivos dos genes que podem ser conservados na geração seguinte, e com sentido amplo (h^2_A) que representa a variação genética envolvida em uma determinada situação, não representando a totalidade dos efeitos herdáveis (Carvalho et al., 2001).

O cruzamento Q x N apresentou maior herdabilidade com sentido amplo entre e dentro das famílias, indicando que a maior variação genética total para DF foi obtida quando utilizou-se o genótipo BRS Querência como genitor materno. A herdabilidade com sentido restrito apresentou-se superior no cruzamento N x Q entre e dentro das famílias, evidenciando maior efeito herdável e aditivo neste cruzamento. Para DF a maior eficiência de seleção ocorreu entre as famílias em ambos os cruzamentos, pois a herdabilidade com sentido restrito e o ganho de seleção apresentaram-se maiores entre famílias F₆ (Tabela 3.1), baseando-se em 94% de homozigose, restando 6% de heterozigotos que estão contidos nos efeitos não aditivos.

Dias para o florescimento é um caráter que define a duração do período vegetativo, determina o período para o enchimento de grãos e o ciclo total das plantas (Streck et al., 2006), além de apresentar relação direta com a produtividade de grãos (Lago et al., 2009; Lack et al., 2012). Frente ao exposto, no cruzamento N x Q observa-se possibilidade de selecionar famílias promissoras para redução do caráter (ciclo precoce), com baixa variação fenotípica dentro das famílias (F6, F12, F14, F15, F20). Em contrapartida, para a obtenção de genótipos com ciclo tardio, as famílias possíveis de serem selecionadas para compor a próxima geração seriam as F7, F8, F18, F24, F43, F45 (Tabela 3.2). No cruzamento Q x N as famílias mais promissoras para obter genótipos precoces reduzindo os dias para o florescimento seriam, F17,

F27, F30, F31, F32, F33, F34 e F38, e para o obter genótipos tardios a seleção deveria ser procedida nas famílias F1, F2, F4, F10, F13 e F37 (Tabela 3.2).

Em relação ao caráter altura de planta (AP), entre as famílias do cruzamento N x Q, 14,75% da porção fenotípica foi devido aos efeitos do ambiente, e 85,25% advindo de causas genéticas. Para o cruzamento Q x N a variância fenotípica foi composta por 85,38% de causas genéticas e 14,62% de efeitos ambientais (Tabela 3.1). Em ambos os cruzamentos as magnitudes das variâncias foram próximas.

Dentro das famílias para o caráter AP o cruzamento N x Q apresentou a maior participação da variância ambiental (59,24%) no fenótipo, sendo 40,76% devido a causas genéticas. No seu recíproco (Q x N), a variância genética apresentou maior contribuição à variância fenotípica (σ^2_{Fe}), com 61,02%, no entanto, 39,98% foram oriundos de efeitos ambientais (Tabela 3.1). A variância ambiental dentro das famílias (σ^2_{Ed}) contribuiu de forma superior à expressão do fenótipo, evidenciando que a variação residual apresenta-se mais acentuada dentro das famílias em ambos os cruzamentos. Para reduzir a variância fenotípica nesta situação, seria necessário incrementar o número de plantas mensuradas dentro da família, com intuito de minimizar os desvios e variância residual.

A contribuição genética para a expressão do fenótipo foi maior entre as famílias em ambos cruzamentos, o cruzamento Q x N possibilitou incrementar em 0,13% o caráter AP entre as famílias, e 20,26% dentro das famílias devido à variação genotípica. Neste cruzamento, os efeitos não aditivos revelaram-se maiores relacionados à alta variância genotípica, e variância fenotípica, devido aos desvios de dominância. O cruzamento N x Q revelou maiores efeitos aditivos (σ^2_A) e herdabilidade com sentido restrito (h^2_r) para o caráter AP, isso ocorre devido à dependência direta na obtenção matemática da estimativa destes parâmetros. A herdabilidade com sentido amplo (h^2_A) apresentou-se similar entre as famílias para ambos os cruzamentos, porém, entre as famílias do cruzamento Q x N a herdabilidade com sentido amplo (h^2_A) foi maior, nestas condições indica maior variação genética entre as famílias.

Tabela 3.2. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para os caracteres dias para o florescimento (DF) e altura de planta (AP) em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016.

| Famílias F ₆ | DP (dias) | | | | AP (cm) | | | |
|----------------------------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|------------|
| | N x Q | | Q x N | | N x Q | | Q x N | |
| | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 |
| F1 | 84,00 | 0,00 | 96,60 | 0,71 | 92,90 | 18,54 | 73,50 | 35,38 |
| F2 | 85,00 | 0,00 | 93,00 | 4,00 | 92,70 | 48,01 | 103,60 | 52,93 |
| F3 | 86,00 | 0,00 | 94,40 | 51,6 | 108,10 | 101,21 | 85,70 | 65,34 |
| F4 | 85,00 | 0,00 | 113,00 | 0,00 | 90,70 | 31,56 | 90,50 | 20,27 |
| F5 | 83,00 | 0,00 | 88,80 | 9,51 | 89,30 | 45,12 | 80,50 | 12,50 |
| F6 | 82,00 | 0,00 | 90,00 | 27,55 | 86,30 | 26,90 | 87,60 | 56,93 |
| F7 | 100,00 | 0,00 | 87,10 | 20,54 | 110,80 | 28,40 | 97,00 | 37,11 |
| F8 | 100,00 | 0,00 | 88,10 | 48,76 | 109,60 | 48,26 | 95,50 | 95,83 |
| F9 | 84,20 | 0,40 | 84,10 | 51,43 | 87,70 | 25,34 | 103,20 | 73,06 |
| F10 | 88,50 | 11,83 | 101,10 | 12,98 | 112,40 | 44,48 | 91,70 | 169,34 |
| F11 | 88,00 | 9,11 | 92,10 | 9,65 | 116,90 | 132,76 | 103,40 | 103,60 |
| F12 | 74,00 | 0,00 | 86,00 | 62,00 | 76,10 | 31,21 | 117,30 | 38,67 |
| F13 | 89,20 | 146,17 | 93,60 | 10,93 | 100,10 | 106,45 | 105,00 | 109,55 |
| F14 | 74,20 | 0,17 | 84,20 | 11,06 | 84,10 | 76,98 | 101,90 | 130,10 |
| F15 | 78,60 | 6,26 | 88,80 | 122,17 | 99,60 | 38,04 | 129,00 | 150,00 |
| F16 | 81,80 | 21,73 | 84,40 | 1,60 | 99,70 | 106,45 | 125,60 | 72,93 |
| F17 | 77,60 | 20,93 | 75,20 | 9,51 | 88,80 | 15,28 | 96,30 | 72,23 |
| F18 | 102,60 | 9,37 | 90,20 | 87,28 | 86,95 | 58,91 | 105,10 | 40,10 |
| F19 | 83,10 | 65,21 | 85,00 | 58,44 | 103,30 | 61,78 | 107,20 | 16,62 |
| F20 | 74,20 | 13,51 | 93,20 | 59,06 | 100,20 | 39,28 | 124,80 | 90,84 |
| F21 | 86,10 | 44,98 | 85,40 | 3,60 | 112,70 | 116,45 | 89,20 | 17,06 |
| F22 | 94,40 | 32,26 | 88,40 | 92,04 | 103,90 | 70,54 | 128,70 | 53,56 |
| F23 | 86,00 | 0,00 | 92,80 | 20,40 | 91,50 | 42,94 | 108,90 | 54,98 |
| F24 | 94,30 | 7,56 | 92,20 | 187,95 | 120,40 | 16,26 | 94,20 | 17,28 |
| F25 | 84,60 | 7,15 | 85,80 | 154,84 | 83,70 | 33,56 | 112,80 | 166,84 |
| F26 | 85,70 | 3,12 | 90,20 | 254,40 | 86,00 | 88,22 | 118,00 | 92,88 |
| F27 | 85,90 | 3,21 | 82,40 | 11,60 | 82,00 | 6,00 | 112,50 | 4,94 |
| F28 | 88,40 | 64,26 | 83,20 | 49,95 | 81,10 | 22,10 | 112,70 | 76,20 |
| F29 | 89,60 | 100,04 | 92,10 | 5,21 | 83,00 | 21,33 | 111,90 | 38,10 |
| F30 | 86,00 | 2,44 | 78,60 | 15,15 | 85,00 | 17,55 | 86,30 | 20,23 |
| F31 | 90,20 | 90,84 | 78,80 | 27,73 | 81,00 | 22,22 | 112,70 | 59,56 |
| F32 | 89,60 | 52,26 | 83,90 | 5,21 | 78,20 | 24,17 | 81,30 | 15,78 |
| F33 | 87,60 | 4,48 | 73,70 | 11,12 | 80,60 | 12,71 | 110,50 | 26,94 |
| F34 | 88,20 | 56,62 | 72,80 | 6,62 | 79,30 | 11,56 | 105,90 | 47,43 |
| F35 | 86,80 | 1,95 | 79,30 | 120,45 | 77,80 | 15,73 | 93,60 | 44,71 |
| F36 | 88,10 | 54,32 | 87,40 | 7,37 | 79,80 | 24,17 | 104,90 | 94,54 |
| F37 | 92,20 | 121,28 | 98,50 | 4,05 | 76,70 | 11,34 | 100,70 | 83,34 |
| F38 | 95,30 | 126,67 | 79,10 | 16,32 | 72,70 | 20,23 | 105,50 | 131,83 |
| F39 | 88,20 | 29,73 | 90,90 | 16,54 | 97,50 | 67,61 | 94,10 | 154,76 |
| F40 | 92,30 | 36,01 | 94,60 | 22,71 | 103,30 | 19,12 | 85,60 | 15,60 |
| F41 | 91,20 | 43,06 | 91,10 | 68,76 | 109,30 | 36,45 | 113,60 | 19,15 |
| F42 | 84,60 | 29,37 | 92,20 | 88,40 | 67,70 | 25,56 | 100,30 | 44,90 |
| F43 | 93,60 | 16,71 | 94,10 | 88,32 | 92,90 | 82,98 | 112,40 | 36,71 |
| F44 | 94,30 | 24,23 | . | . | 114,00 | 61,77 | . | . |
| F45 | 98,10 | 28,10 | . | . | 91,10 | 25,21 | . | . |
| \bar{x} | 87,61 | | 88,29 | | 92,61 | | 102,81 | |

N= genitor Nipponare; Q=genitor BRS Querência.

A estratégia de seleção para o caráter AP, em ambos os cruzamentos seria embasada na herdabilidade com sentido restrito (h^2_r), sendo esta superior entre às famílias F_6 , com menor variação dentro das famílias e ganho de seleção maior entre elas, desta maneira, a eficiência seria alcançada onde a seleção fosse procedida entre as famílias F_6 . Estudos realizados em arroz evidenciaram que a altura de planta ideal que proporcionaria maximizar a produtividade de grãos é quando as plantas mostram-se entre 90 e 100 cm (Khush et al., 1995), estas plantas apresentariam maior capacidade competitiva, eficiência na produção de fotoassimilados, menor acamamento no período de enchimento de grãos, e menores prejuízos quantitativos quando relacionados à produtividade. Diante disso, as famílias do cruzamento N x Q que atenderiam ao propósito da seleção de um ideótipo agrônômico, e tornar-se-iam aptas à compor a próxima geração, seriam a F1, F4, F15, F24 e F45, e para o cruzamento Q x N as famílias F4, F7, F24, F35 revelaram-se mais promissoras (Tabela 3.2) para este caráter.

Em relação ao caráter comprimento da panícula (CP) o cruzamento N x Q, revelou maior variância fenotípica (σ^2_{Fe}) entre as famílias, sendo composta por 95,95% de efeitos genéticos e 4,05% de efeitos ambientais. O cruzamento Q x N, 90,71% da variância fenotípica foi decorrente das causas genéticas, e 9,29% oriunda dos efeitos do ambiente. Dentro das famílias, o cruzamento N x Q determinou que a variação fenotípica foi composta por 38,10% de efeitos genéticos e 61,90% devido à variância ambiental. Em contrapartida, o cruzamento Q x N evidenciou que o fenótipo teve maior fração das causas genéticas (57,66%) (Tabela 3.1) e menos contribuições dos efeitos do ambiente. Para ambos os cruzamentos, a variação genotípica foi maior entre as famílias F_6 de arroz.

O cruzamento N x Q revelou maior variância aditiva (σ^2_A), e conseqüentemente maior herdabilidade com sentido amplo e restrito, entre e dentro das famílias F_6 (Tabela 3.1), sugerindo que ao utilizar o genótipo Nipponbare como genitor materno obtém-se maiores variações genética, efeitos aditivos e herdáveis para o caráter CP. O cruzamento Q x N demonstrou maiores efeitos não aditivos para este caráter. Em ambos os cruzamentos as herdabilidades com sentido restrito (h^2_r) foram superiores

entre as famílias F_6 , ao analisar conjuntamente com o ganho de seleção, a seleção para o incremento do CP apresenta-se mais eficiente entre as famílias.

A qualidade de grãos em uma panícula e a uniformidade do enchimento destes é decorrente da translocação de fotoassimilados produzidos pela planta até às estruturas reprodutivas, e apresentam relação direta com o comprimento da panícula (Wang e Cheng, 2004; Dong et al. 2008). Este caráter pode ser útil para a seleção com intuito de incrementar o rendimento de grãos, porém panículas muito grandes podem resultar em desuniformidade na qualidade dos grãos produzidos (Jongkaewwattana e Geng, 2002). O cruzamento N x Q revelou as famílias F1, F5, F6, F9, F12, F15, F24, F25, F26, F32, F34, F36 e F37, e o cruzamento Q x N evidenciou as famílias F5, F6, F12, F13, F14, F18, F21, F22, F29, F36, F37 e F41 (Tabela 3.3) como superiores e promissoras de serem selecionadas e compor a próxima geração.

O número de espiguetas férteis por panícula (NEF), expõe que para os cruzamentos, entre as famílias, o fenótipo foi determinado por 80,26% (N x Q) e 89,02% (Q x N) pela fração genética, entretanto, dentro das famílias a variação fenotípica revelou ser composta por 71,10% (N x Q) e 53,59% (Q x N) de efeitos ambientais. Este comportamento indica que devido a natureza do caráter houve maiores efeitos dos desvios e efeitos residuais dentro das famílias, por necessitar de mensuração minuciosa, influenciando no incremento da variância total. A seleção quando procedida em caracteres com altos valores fenotípicos pode promover a escolha de genótipos indesejáveis que sofreram benefício do ambiente, e não apresentam uma constituição genética superior. Ainda para este caráter, observa-se que o cruzamento Q x N, contribuiu com maiores efeitos aditivos (σ^2_A) para a expressão fenotípica do caráter, revelando da mesma forma maior herdabilidade com sentido restrito entre e dentro famílias F_6 (h^2_{re} e h^2_{rd}), herdabilidade com sentido amplo entre e dentro famílias F_6 (h^2_{Ae} e h^2_{Ad}) e variância devido aos desvios de dominância (σ^2_D) (Tabela 3.1). Portanto, ao utilizar o genótipo BRS Querência como genitor materno observa-se a possibilidade de incremento do caráter, devido aos efeitos aditivos e herdáveis. Em ambos os cruzamentos a herdabilidade com sentido restrito (h^2_r) apresentaram-se superiores entre as famílias, onde a seleção seria mais eficiente baseando-se na média da família do que dentro de família ao considerar similar intensidade de seleção.

Tabela 3.3. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para os caracteres comprimento da panícula (CP), e número de espiguetas férteis por panícula (NEF), em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016.

| Famílias F ₆ | CP (cm) | | | | NEF (uni) | | | |
|----------------------------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|------------|
| | N x Q | | Q x N | | N x Q | | Q x N | |
| | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 |
| F1 | 18,13 | 0,83 | 17,51 | 2,12 | 85,72 | 216,68 | 58,53 | 572,22 |
| F2 | 18,05 | 1,93 | 23,07 | 3,29 | 90,46 | 243,71 | 114,44 | 1028,18 |
| F3 | 22,11 | 1,71 | 21,34 | 2,73 | 93,80 | 270,48 | 85,72 | 538,11 |
| F4 | 17,46 | 1,43 | 22,099 | 4,67 | 87,34 | 176,19 | 81,39 | 530,74 |
| F5 | 17,87 | 0,58 | 20,55 | 0,38 | 85,08 | 147,01 | 89,72 | 168,33 |
| F6 | 17,60 | 0,84 | 26,79 | 1,55 | 86,74 | 177,09 | 119,44 | 335,11 |
| F7 | 26,10 | 3,35 | 22,66 | 1,79 | 93,28 | 953,73 | 104,09 | 340,41 |
| F8 | 25,05 | 2,62 | 22,00 | 1,78 | 97,36 | 811,67 | 106,19 | 447,28 |
| F9 | 18,03 | 0,82 | 20,24 | 2,32 | 80,12 | 156,02 | 78,56 | 862,10 |
| F10 | 18,11 | 3,18 | 20,50 | 11,33 | 108,72 | 674,92 | 81,64 | 516,13 |
| F11 | 22,96 | 2,79 | 21,41 | 4,91 | 118,16 | 847,60 | 81,28 | 337,16 |
| F12 | 20,26 | 0,98 | 21,45 | 1,46 | 80,06 | 1184,41 | 109,00 | 180,87 |
| F13 | 24,17 | 2,88 | 20,15 | 1,43 | 102,65 | 694,71 | 119,90 | 856,35 |
| F14 | 20,41 | 1,33 | 23,93 | 1,49 | 102,89 | 893,23 | 123,50 | 310,70 |
| F15 | 22,32 | 0,82 | 24,86 | 5,05 | 68,66 | 92,13 | 76,45 | 574,45 |
| F16 | 19,72 | 1,20 | 26,55 | 3,27 | 77,54 | 444,65 | 106,36 | 1129,63 |
| F17 | 22,68 | 1,69 | 25,88 | 2,73 | 74,68 | 404,12 | 104,50 | 1061,24 |
| F18 | 22,13 | 1,37 | 21,90 | 0,86 | 121,80 | 1319,69 | 95,02 | 1133,02 |
| F19 | 21,06 | 4,21 | 20,80 | 1,62 | 112,38 | 683,68 | 91,94 | 271,79 |
| F20 | 25,10 | 1,59 | 21,78 | 5,21 | 107,68 | 232,97 | 108,06 | 555,92 |
| F21 | 24,70 | 3,89 | 21,84 | 1,28 | 83,04 | 454,30 | 133,76 | 166,30 |
| F22 | 21,84 | 1,13 | 22,67 | 1,19 | 87,40 | 454,30 | 84,30 | 396,04 |
| F23 | 23,59 | 1,19 | 18,23 | 2,73 | 97,12 | 444,67 | 70,28 | 54,40 |
| F24 | 24,21 | 0,93 | 24,88 | 1,59 | 108,60 | 1025,03 | 129,92 | 434,41 |
| F25 | 16,78 | 0,59 | 24,95 | 0,45 | 66,94 | 127,92 | 82,55 | 1309,02 |
| F26 | 17,11 | 0,96 | 20,61 | 4,37 | 70,30 | 131,78 | 63,92 | 690,93 |
| F27 | 17,52 | 1,38 | 21,85 | 1,89 | 66,76 | 160,85 | 125,98 | 994,99 |
| F28 | 16,85 | 2,28 | 24,68 | 2,20 | 63,74 | 404,53 | 120,26 | 486,48 |
| F29 | 17,41 | 1,97 | 21,55 | 1,30 | 70,54 | 154,96 | 79,76 | 943,48 |
| F30 | 18,33 | 1,30 | 21,11 | 1,91 | 78,88 | 196,28 | 72,46 | 382,35 |
| F31 | 18,07 | 0,71 | 22,27 | 5,18 | 73,06 | 236,19 | 83,98 | 503,37 |
| F32 | 17,74 | 0,98 | 22,03 | 1,74 | 76,40 | 100,68 | 78,50 | 594,63 |
| F33 | 17,20 | 0,26 | 24,58 | 7,92 | 69,24 | 23,41 | 127,28 | 722,67 |
| F34 | 17,59 | 0,80 | 24,45 | 3,97 | 76,15 | 131,79 | 182,94 | 749,34 |
| F35 | 16,91 | 1,13 | 25,29 | 2,48 | 66,56 | 174,39 | 74,82 | 401,21 |
| F36 | 17,50 | 0,85 | 23,82 | 1,50 | 64,10 | 107,95 | 102,94 | 131,17 |
| F37 | 16,77 | 0,75 | 23,86 | 0,54 | 64,40 | 127,41 | 77,26 | 288,72 |
| F38 | 16,56 | 1,55 | 22,95 | 4,54 | 54,22 | 120,67 | 120,78 | 1121,97 |
| F39 | 23,04 | 5,44 | 21,20 | 1,64 | 103,06 | 789,22 | 107,02 | 350,67 |
| F40 | 19,78 | 2,04 | 21,34 | 3,46 | 155,10 | 155,67 | 95,36 | 426,29 |
| F41 | 24,43 | 1,29 | 21,16 | 0,73 | 121,28 | 555,04 | 67,51 | 522,84 |
| F42 | 20,57 | 2,82 | 22,23 | 2,70 | 113,36 | 773,39 | 59,56 | 118,77 |
| F43 | 22,10 | 2,43 | 22,48 | 1,97 | 88,06 | 531,77 | 107,7 | 684,40 |
| F44 | 26,76 | 1,97 | . | . | 118,96 | 1135,55 | . | . |
| F45 | 21,14 | 1,35 | . | . | 73,76 | 293,68 | . | . |
| \bar{x} | 20,28 | | 22,45 | | 88,58 | | 97,32 | |

N= genitor Nipponare; Q=genitor BRS Querência.

A maior quantidade de grãos produzidos na panícula contribui para incrementar o desempenho produtivo de um genótipo (Guimarães et al., 2008), e a fertilidade das espiguetas apresenta-se altamente influenciada pelo ambiente, principalmente em condições adversas do clima (Larrosa et al., 2009). Para ambos cruzamentos verificou-se a possibilidade de seleção de famílias promissoras, auxiliando o incremento deste caráter, podendo elevar o desempenho produtivo dos genótipos, superiores para número de espiguetas férteis. Com isso, as famílias F2, F3 e F20 oriundas do cruzamento N x Q, e F14, F24, F28, F33 e F35 do cruzamento Q x N seriam selecionadas como promissoras (Tabela 3.3), compondo a próxima geração por revelarem menores variações devido ao ambiente dentro das famílias.

O caráter número de espiguetas estéreis por panícula (NEE), revelou que entre as famílias para os dois cruzamentos houve uma maior contribuição genética para a expressão do fenótipo, sendo que 89,39% foi decorrente do cruzamento N x Q, em contrapartida, 92,42% foi oriundo do cruzamento Q x N. Dentro das famílias, o cruzamento Q x N apresentou 73,91% de efeitos genéticos ao fenótipo (Tabela 3.1). Entretanto, o cruzamento N x Q revelou frações da variância genotípica entre e dentro famílias F_6 (σ^2_{Gd} e σ^2_{Ed}) próximas entre si para a expressão do fenótipo.

A variância aditiva (σ^2_A) e a herdabilidade com sentido restrito (h^2_r) entre e dentro das famílias, apresentaram-se superiores quando o genótipo Nipponbare foi utilizado como genitor materno, os efeitos não aditivos (σ^2_D) foram mais expressivos para o cruzamento Q x N, e contribuiu para elevar a herdabilidade com sentido amplo entre (h^2_{Ae}) e dentro (h^2_{Ad}) das famílias F_6 , sendo decorrente das elevadas variâncias total de algumas famílias. Em ambos os cruzamentos a herdabilidade com sentido restrito (h^2_r) e o ganho por seleção (GS) (Tabela 3.1) foram superiores entre as famílias, e a seleção para reduzir o número de espiguetas estéreis por panícula (NEE) apresenta possibilidade de ser procedida de forma eficiente .

A grande quantidade de espiguetas estéreis na panícula do arroz pode influenciar negativamente a produtividade de grãos (Dalchiavon et al., 2012). Portanto, a redução deste caráter torna-se interessante aos programas de melhoramento genético. Diante disto, os cruzamentos N x Q e Q x N, evidenciaram que as famílias F2, F4, F5, F6, F9, F10, F17, F33 e F1, F3, F11,

F13, F29 e F36, respectivamente (Tabela 3.4), revelaram-se promissoras para serem selecionadas afim de compor a próxima geração de melhoramento.

A massa de cem grãos (MCG) revelou que para os cruzamentos entre as famílias, a expressão do fenótipo foi influenciada por quase uma totalidade devido aos efeitos genéticos, portanto, dentro das famílias, a variância fenotípica (σ^2_F) foi acometida por efeitos ambientais. O cruzamento Q x N revelou contribuição genética de 85,71%, no entanto, o cruzamento N x Q revelou participação de apenas 50% da variância genotípica (Tabela 3.1). Ao utilizar o genótipo BRS Querência como genitor materno, observou-se maior ação dos efeitos aditivos (σ^2_A), e herdabilidade com sentido restrito entre e dentro de famílias F_6 , supondo que o cruzamento Q x N quando realizado potencialize o caráter MCG através da obtenção de famílias transgressivas. Efeitos não aditivos (σ^2_D), herdabilidade com sentido amplo entre e dentro famílias (h^2_{Ae} e h^2_{Ad}) apresentaram-se superiores. Portanto, nestas condições, os desvios de dominância mostraram-se pronunciáveis, o que resulta em incremento da variação genética total exposta devido à superioridade da herdabilidade com sentido amplo. As seleções para incremento deste caráter revelam a possibilidade de ser procedida entre as famílias, devido à herdabilidade com sentido restrito e o ganho por seleção terem sido superiores.

O caráter massa de cem grãos é um dos componentes do rendimento determinantes para a produtividade do arroz (Alvarez et al., 2012), onde às dimensões das sementes podem influenciar positivamente na massa e consequentemente no desempenho da cultura. O incremento deste caráter torna-se relevante para obter genótipos superiores, desta forma, os cruzamentos N x Q e Q x N resultaram em famílias promissoras que podem ser selecionadas, sendo as famílias respectivamente de cada cruzamento, F6, F7, F8, F9, F10, F12, F17, F22 e F5, F11, F13, F29 e F36 (Tabela 3.4) superiores e com menor variação fenotípica dentro de cada família.

Tabela 3.4. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para os caracteres número de espiguetas estéreis por panícula (NEE), e massa de cem grãos (MCG), em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016.

| Famílias F ₆ | NEE (uni.) | | | | MCG (g) | | | |
|----------------------------|------------|------------|-----------|------------|-----------|------------|-----------|------------|
| | N x Q | | Q x N | | N x Q | | Q x N | |
| | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 |
| F1 | 8,90 | 55,97 | 11,78 | 11,11 | 2,70 | 0,01 | 3,02 | 0,11 |
| F2 | 5,26 | 5,65 | 28,53 | 24,93 | 2,68 | 0,00 | 2,96 | 0,01 |
| F3 | 32,82 | 233,74 | 15,83 | 48,79 | 2,53 | 0,08 | 2,90 | 0,01 |
| F4 | 5,68 | 11,35 | 35,08 | 69,28 | 2,65 | 0,02 | 2,03 | 0,19 |
| F5 | 4,80 | 1,15 | 15,38 | 19,31 | 2,79 | 0,00 | 3,32 | 0,13 |
| F6 | 4,16 | 1,87 | 29,34 | 117,44 | 2,85 | 0,02 | 3,10 | 0,05 |
| F7 | 31,78 | 123,93 | 26,08 | 160,06 | 3,01 | 0,06 | 2,77 | 0,02 |
| F8 | 22,02 | 63,25 | 25,08 | 264,87 | 3,08 | 0,05 | 2,60 | 0,06 |
| F9 | 5,86 | 1,31 | 32,39 | 86,72 | 3,85 | 0,05 | 2,69 | 0,07 |
| F10 | 6,95 | 6,54 | 47,04 | 192,67 | 3,20 | 0,12 | 2,90 | 0,03 |
| F11 | 15,30 | 45,67 | 20,90 | 48,19 | 2,67 | 0,07 | 3,33 | 0,06 |
| F12 | 10,88 | 9,18 | 24,92 | 75,36 | 3,02 | 0,06 | 3,01 | 0,11 |
| F13 | 48,95 | 163,07 | 11,74 | 31,59 | 2,43 | 0,0 | 2,75 | 0,03 |
| F14 | 20,92 | 85,62 | 36,52 | 98,57 | 2,49 | 0,04 | 2,93 | 0,11 |
| F15 | 27,29 | 119,98 | 21,54 | 60,45 | 2,75 | 0,02 | 3,25 | 0,15 |
| F16 | 27,70 | 406,10 | 36,94 | 318,95 | 2,95 | 0,11 | 3,12 | 0,11 |
| F17 | 6,26 | 8,95 | 30,48 | 159,71 | 3,10 | 0,09 | 2,92 | 0,03 |
| F18 | 33,26 | 160,89 | 24,85 | 302,19 | 2,43 | 0,03 | 2,99 | 0,13 |
| F19 | 26,21 | 73,60 | 69,96 | 682,56 | 2,80 | 0,08 | 2,95 | 0,03 |
| F20 | 18,26 | 28,26 | 42,37 | 687,64 | 2,54 | 0,02 | 3,03 | 0,08 |
| F21 | 16,84 | 120,37 | 36,34 | 111,45 | 2,66 | 0,14 | 2,34 | 0,01 |
| F22 | 31,58 | 196,99 | 28,96 | 440,76 | 3,09 | 0,03 | 2,88 | 0,07 |
| F23 | 11,22 | 4,39 | 13,14 | 103,73 | 2,73 | 0,02 | 2,85 | 0,12 |
| F24 | 29,22 | 136,57 | 57,60 | 85,79 | 2,52 | 0,06 | 2,25 | 0,00 |
| F25 | 14,14 | 83,09 | 29,40 | 120,07 | 2,59 | 0,01 | 2,78 | 0,06 |
| F26 | 10,78 | 74,24 | 37,56 | 497,70 | 2,79 | 0,01 | 3,04 | 0,08 |
| F27 | 10,24 | 58,84 | 44,28 | 244,40 | 2,76 | 0,00 | 2,65 | 0,08 |
| F28 | 10,86 | 44,81 | 55,92 | 48,50 | 2,82 | 0,02 | 2,36 | 0,03 |
| F29 | 16,58 | 119,08 | 10,92 | 20,02 | 2,73 | 0,02 | 2,93 | 0,02 |
| F30 | 10,76 | 43,10 | 14,56 | 39,19 | 2,75 | 0,01 | 2,43 | 0,03 |
| F31 | 12,76 | 49,10 | 34,80 | 100,29 | 2,74 | 0,11 | 3,06 | 0,06 |
| F32 | 7,46 | 8,14 | 33,88 | 300,17 | 2,76 | 0,01 | 3,07 | 0,04 |
| F33 | 6,00 | 17,35 | 27,08 | 158,55 | 2,74 | 0,01 | 2,40 | 0,05 |
| F34 | 9,42 | 28,74 | 36,01 | 154,36 | 2,73 | 0,00 | 1,97 | 0,01 |
| F35 | 10,88 | 92,07 | 36,26 | 311,70 | 2,70 | 0,01 | 3,33 | 0,08 |
| F36 | 14,54 | 44,11 | 15,36 | 26,69 | 2,75 | 0,01 | 3,23 | 0,16 |
| F37 | 9,96 | 16,88 | 33,16 | 44,63 | 2,67 | 0,00 | 2,65 | 0,04 |
| F38 | 11,75 | 86,91 | 35,44 | 205,26 | 2,81 | 0,00 | 2,67 | 0,17 |
| F39 | 33,06 | 214,76 | 18,00 | 80,48 | 2,65 | 0,02 | 2,88 | 0,03 |
| F40 | 29,92 | 404,54 | 31,78 | 425,51 | 2,37 | 0,03 | 2,48 | 0,10 |
| F41 | 25,36 | 198,44 | 42,76 | 212,47 | 2,43 | 0,01 | 2,90 | 0,04 |
| F42 | 8,53 | 17,46 | 26,14 | 116,55 | 2,75 | 0,05 | 3,05 | 0,10 |
| F43 | 22,72 | 167,87 | 27,24 | 321,40 | 2,47 | 0,03 | 3,50 | 0,07 |
| F44 | 35,99 | 341,38 | . | . | 2,47 | 0,01 | . | . |
| F45 | 24,48 | 122,70 | . | . | 2,50 | 0,02 | . | . |
| \bar{x} | 17,52 | | 30,54 | | 2,74 | | 2,84 | |

N= genitor Nipponare; Q=genitor BRS Querência.

A produtividade de grãos por planta (MTG), revelou que entre as famílias F₆, o cruzamento N x Q evidenciou 83,66% e Q x N apresentou 86,84% de contribuição genética para a expressão do fenótipo. Dentro das famílias, o valor fenotípico do cruzamento Q x N foi decorrente de 73,92% de causas genéticas, e no cruzamento N x Q foi determinado por 24,69% (Tabela 3.1). No cruzamento Q x N não foi possível estimar a variância aditiva (σ^2_A) devido às perturbações não controláveis dos efeitos residuais, através disso, a herdabilidade com sentido restrito (h^2_r) por consequência não foi estimada. No entanto, a herdabilidade com sentido amplo (h^2_{Ad}) dentro das famílias apresentou-se superior para o cruzamento Q x N, em contrapartida, o cruzamento N x Q revelou ser maior entre as famílias. Para o cruzamento N x Q, a herdabilidade com sentido restrito e o ganho por seleção apresentou-se superior entre as famílias F₆, e indicou que a seleção pode ser procedida eficientemente entre as famílias, com intuito de incrementar o caráter.

A produtividade de grãos é determinada por vários fatores ambientais e consequentemente por componentes do rendimento do arroz (Tang et al., 2013), apresenta-se como um caráter de herança complexa e altamente dependente do ambiente de cultivo. Assim sendo, buscando genótipos que evidenciem um ideótipo agrônomico e que sejam superiores aos componentes de rendimento de interesse, as famílias F8, F10, F11, F16, F19, F21, F22, F24, F40 e F42 oriundas do cruzamento N x Q revelam possibilidade de serem selecionadas para compor a próxima geração (Tabela 3.5), e possivelmente promover a obtenção de genótipos superiores e passíveis de serem utilizados em ensaios de valor de cultivo e uso, para demonstrar seu desempenho frente aos genótipos elite de arroz.

Tabela 3.5. Médias (\bar{x}) e variâncias (σ^2) para o caráter massa total de grãos produzidos por planta (MTG) em ambos cruzamentos. CGF-FAEM/UFPEL, 2016.

| Famílias F ₆ | MTG (g) | | | |
|-------------------------|-----------|------------|-----------|------------|
| | N x Q | | Q x N | |
| | \bar{x} | σ^2 | \bar{x} | σ^2 |
| F1 | 22,16 | 96,67 | 12,61 | 62,19 |
| F2 | 20,52 | 133,97 | 28,71 | 248,58 |
| F3 | 27,26 | 94,81 | 30,54 | 363,34 |
| F4 | 22,40 | 86,18 | 9,15 | 21,48 |
| F5 | 28,24 | 133,80 | 29,22 | 99,07 |
| F6 | 27,04 | 36,46 | 37,15 | 204,31 |
| F7 | 32,05 | 49,10 | 229,77 | 128,86 |
| F8 | 33,92 | 53,18 | 23,08 | 83,45 |
| F9 | 24,09 | 155,54 | 20,77 | 208,48 |
| F10 | 40,27 | 459,56 | 24,20 | 86,93 |
| F11 | 40,97 | 298,79 | 27,45 | 159,08 |
| F12 | 30,72 | 93,66 | 36,01 | 236,70 |
| F13 | 32,37 | 282,95 | 29,97 | 119,41 |
| F14 | 24,82 | 55,42 | 33,20 | 94,69 |
| F15 | 13,35 | 20,28 | 29,15 | 354,52 |
| F16 | 33,58 | 200,59 | 23,81 | 222,14 |
| F17 | 41,61 | 205,77 | 43,02 | 308,89 |
| F18 | 22,93 | 127,56 | 33,60 | 534,99 |
| F19 | 44,31 | 609,96 | 20,67 | 73,92 |
| F20 | 22,24 | 27,27 | 36,66 | 401,26 |
| F21 | 39,26 | 296,36 | 37,27 | 246,84 |
| F22 | 38,01 | 353,33 | 26,22 | 159,28 |
| F23 | 32,00 | 130,41 | 26,38 | 78,12 |
| F24 | 40,36 | 238,16 | 29,80 | 238,01 |
| F25 | 14,41 | 31,22 | 30,79 | 138,93 |
| F26 | 16,29 | 32,56 | 11,52 | 46,14 |
| F27 | 17,25 | 37,89 | 26,56 | 43,65 |
| F28 | 16,27 | 113,39 | 33,33 | 153,36 |
| F29 | 18,53 | 59,95 | 27,09 | 50,14 |
| F30 | 22,47 | 50,65 | 25,28 | 52,70 |
| F31 | 20,94 | 101,90 | 15,97 | 39,97 |
| F32 | 19,64 | 75,65 | 50,05 | 89,68 |
| F33 | 17,04 | 38,83 | 50,78 | 260,68 |
| F34 | 19,93 | 45,78 | 32,93 | 243,91 |
| F35 | 15,68 | 22,80 | 26,25 | 114,85 |
| F36 | 14,40 | 40,53 | 49,92 | 206,66 |
| F37 | 17,05 | 80,61 | 38,69 | 475,06 |
| F38 | 14,64 | 41,62 | 52,63 | 527,84 |
| F39 | 31,13 | 146,11 | 36,46 | 338,08 |
| F40 | 33,85 | 197,23 | 39,46 | 118,00 |
| F41 | 26,23 | 98,51 | 21,17 | 184,97 |
| F42 | 38,00 | 435,65 | 26,47 | 81,19 |
| F43 | 29,22 | 107,59 | 33,09 | 92,64 |
| F44 | 24,68 | 107,80 | . | . |
| F45 | 16,70 | 46,46 | . | . |
| \bar{x} | 26,19 | | 30,23 | |

N= genitor Nipponare; Q=genitor BRS Querência.

As famílias aptas para a seleção foram a F10 do cruzamento N x Q e a F36 do cruzamento Q x N, por se enquadrarem num ideótipo agrônômico desejável, em relação aos componentes do rendimento do arroz, apresentam possibilidade de serem utilizadas nos programas de melhoramento genético com o intuito de incrementar os caracteres de interesse, já que possivelmente revelam uma constituição genética com presença de alelos raros que possam vir auxiliar a atingir o objetivo.

3.4. Conclusões

A seleção entre as famílias em ambos os cruzamentos é mais promissora por apresentar valores superiores de herdabilidade com sentido restrito e ganho por seleção.

A família F10 do cruzamento N x Q apresenta-se como a mais promissora para compor a próxima geração, com comprimento da panícula ideal, maior número de espiguetas férteis por planta, menos espiguetas estéreis por planta, superior em relação a massa de cem grãos e produtividade.

O cruzamento Q x N evidencia que apenas a família F36 pode ser selecionada, devido a superioridade dos componentes de interesse agrônômico .

A estimativa dos componentes de variância mostram-se fundamentais para nortear estratégias de seleção de famílias promissoras e revelar quais caracteres devem ser considerados importantes em um programa de melhoramento genético do arroz.

3.5. Referências bibliográficas

ALVAREZ, R. C. F.; CRUSCIOL, C. A. C.; NASCENTE, A. S. Análise de crescimento e produtividade de cultivares de arroz de terras altas dos tipos tradicional, intermediário e moderno. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.42, n.4, p.397-406, 2012.

BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v.13, n.2, p.181-189, 2014.

- BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. C; DI MAURO, A. O; ÚNEDA-TREVISOLI; S. H; COSTA, M. M.; MUNIZ, F. R. S.; SILVEIRA, G. D.; SARTI, D. G. P. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agrônômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas de reforma de canalial. **Científica**, v.35, n.2, p.36-145, 2007.
- CARVALHO, F.I.F.; SILVA, S.A.; KUREK, A.J.; MARCHIORO, V.S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPEL, 2001. 99p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2014.
- DALCHIAVON, F. C.; CARVALHO, M. P.; COLETTI, A. J.; CAIONE, G.; SILVA, A. F.; ANDREOTTI, M. Linear correlation between components production and yield of rice upland in no-tillage. **Ciências Agrárias**, v.33, n.5, p.1629-1642, 2012.
- DONG, M.; BUHONG, Z.; XIAGZHOU, W. Difference in hormonal content and activities of key enzymes in the grains at different positions on a rice panicle during grain filling and their correlations with rice qualities. Scientia. **Agricultura Sinica**, v.41, n.2, p.370-380, 2008.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, MG: UFV-Imprensa Universitária, 1987.
- GUIMARÃES, C. M.; STONE, L. F.; NEVES, P. C. F. Eficiência produtiva de cultivares de arroz com divergência fenotípica. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.12, n.5, p.465-470, 2008.
- JONGKAEWWATTANA, S. GENG, S. Inter-relationships amongst grain characteristics, grain-filling parameters and rice (*Oryza sativa* L.) milling quality. **Journal of Agronomy & Crop Science**, v.187, n.4, p.223-229, 2001.
- LACK, S. et al. The effects of planting date on grain yield and yield components of rice cultivars. **Advances in Environmental Biology**, v.6, n.1, p.406-413, 2012.
- LAGO, I.; STRECK, N. A.; CARVALHO, M. P. C.; FAGUNDES, L. K.; PAULA, G. M. DE; LOPES, S. J. Estimativa da temperatura base do subperíodo emergência - diferenciação da panícula em arroz cultivado e arroz vermelho. **Revista Ceres**, v.56, p.288-295, 2009.

- LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, v.03, n.04, p.241-245, 2015.
- MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. G. B.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada, em progênies de *eucalyptus grandis*. **Cerne**, v.11, n.1, p.16-24, 2005.
- MARTUSCELLO, J. A.; JANK, L.; FONSECA, D. M.; CRUZ, C. D.; CUNHA, D. N. F. V. Among and within family selection and combined half-sib family selection in *Panicum maximum* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.10, p.1870-1877, 2009.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. Lavras, Mg: UFLA, 2012.
- REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, v.34, n.3, p.685-692, 2004.
- SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing Variety by Environment Data Using Multiplicative Mixed Models and Adjustments for Spatial Field Trend. **Biometrics**, v.57, p.1138-1147, 2001.
- STRECK, N. A.; BOSCO, L. C.; MICHELON, S.; WALTER, L. C.; MARCOLIN, E. Duration of developmental cycle of rice cultivars as a function of main stem leaf appearance. **Ciência Rural**, v.36, n.4, p.1086-1093, 2006.
- TANG, S.; SHAO, G.; WEI, X.; CHEN, M.; SHENG, Z.; LUO, J.; JIAO, G.; XIE, L.; HU, P. QTL mapping of grain weight in rice and the validation of the QTL qTGW3.2. **Gene**, v.527, p.201-206, 2013.
- UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Publications rice**. Disponível em: <http://www.ers.usda.gov>. Acesso em 06 de janeiro 2016.
- WANG, F. CHENG, F. M. Research advances in the relationships between ABA and rice grain filling. **Seed**, v.23, n.1, p.31-35, 2004.

Considerações finais

A identificação de genótipos superiores no melhoramento genético de plantas é uma tarefa que revela dificuldades, devido a maioria dos caracteres de importância agronômica serem enquadrados como quantitativos, ou seja, controlados por um grande número de genes, podendo apresentar baixa herdabilidade, o que dificulta o trabalho dos melhoristas. A produtividade de grãos, um dos objetivos do melhoramento genético de arroz, também é considerada uma característica complexa, pois depende da interação de vários componentes de produção.

A partir do exposto, este trabalho utilizou a hibridação artificial como ferramenta de modo a ampliar a variabilidade genética, formando uma população segregante que apresenta maior frequência de recombinantes, auxiliando com a seleção e progresso genético de genótipos superiores.

O cruzamento entre as cultivares BRS Querência (*Oryza sativa* sp. *indica*) e Nipponbare (*Oryza sativa* sp. *japonica*) indica que há a possibilidade de seleção de genótipos transgressivos, sendo estes superiores aos caracteres de seus genitores, para os caracteres de produção como também para ciclo. Dentre as estratégias de seleção utilizadas na população formada através da hibridação desses genótipos, a que se revela mais interessante é a seleção entre as famílias, por ser uma população que já se encontra na geração F₆.

A formação de uma população através de hibridação artificial amplia a variabilidade genética, podendo também auxiliar na formação de uma população que pode ser utilizada para o mapeamento de *QTLs*, que possibilita a identificação de genótipos superiores para os caracteres de interesse como também encontrar regiões específicas que controlam esses caracteres de importância agronômica.

Referências Bibliográficas (Introdução geral)

- BOLDIERI, F. M.; CAZETTA, D. A.; FILHO, D. F.; Adubação nitrogenada em cultivares de arroz de terras altas. **Revista Ceres**, v.57, n.3, p.421-428, 2010.
- CARVALHO, F. I. F.; SILVA, S. A.; KUREK, A. J.; MARCHIORO, V. S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPEL, 2001. 99p.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. v.3 n.5. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acessado em 10 de julho de 2016.
- CORDEIRO, A. C. C.; RANGEL, P. N. H. Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima. **Revista Agroambiente**, v.5, n.3, p.182-187, 2011.
- LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, v.03, n.04, p.241-245, 2015.
- MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; MORAES, O. P.; FAGUNDES, P.; FRANCO, D. F.; NUNES, C. D. M.; NEVES, P.; RANGEL, P. H.; COLOMBARI, J. M.; CASTRO, A.; MOURA, F.; STRECK, E. A.; AGUIAR, G. Desenvolvimento de Cultivares de Arroz Irrigado Subtropical do Programa de Melhoramento Genético da Embrapa - Ensaios de VCU no RS, Safras 2010/11 a 2013/14. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento** / Embrapa Clima Temperado, 227. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2015, 29p.
- REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, v.34, n.3, p.685-692, 2004.
- TERRA, T. G. R.; LEAL, T. C. A. B.; BORÉM, A.; RANGEL, P. H. N. Tolerância de linhagens de arroz de terras altas à seca. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.43, n.2, p.201-208, 2013.
- TERRES, A. L. S.; FAGUNDES, P. R. R.; MACHADO, M. O.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. M.; NUNES, C. D. M. Melhoramento genético e cultivares de arroz irrigado. In: GOMES, A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. **Arroz irrigado**, Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2004, 899p.

Vitae

Raíssa Martins da Silva nasceu em 29 de dezembro de 1991, filha de Alfredo Carlos Pereira da Silva e Wilma Martins do Reis, natural de São Gonçalo, Rio de Janeiro. cursou ensino fundamental e médio como bolsista em escola particular. Em março de 2010 ingressou na Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM/UFPel), e em agosto de 2012 iniciou estágio no Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF), permanecendo até julho de 2014. Realizou trabalhos com aveia, trigo e arroz. Tornou-se bolsista do CNPq de outubro de 2012 até 2014. Em julho de 2014 iniciou o estágio curricular obrigatório do curso de Agronomia na Embrapa Arroz e Feijão, localizada em Santo Antônio de Goiás em Goiânia com término das atividades em novembro de 2014. Obteve o título de Engenheira Agrônoma em dezembro de 2014, em fevereiro de 2015 foi selecionada em segundo lugar para ingressar no curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Fitomelhoramento.