



CAMILA SOARES CARDOSO DA SILVA REIS

**STUDIES AND ADVANCES IN RECURRENT SELECTION
STRATEGY TO MAXIMIZE THE GENETIC GAIN IN RICE**

**LAVRAS - MG
2023**

CAMILA SOARES CARDOSO DA SILVA REIS

**STUDIES AND ADVANCES IN RECURRENT SELECTION STRATEGY TO
MAXIMIZE THE GENETIC GAIN IN RICE**

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

Prof. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

Dr. José Manoel Colombari Filho
Coorientador

**LAVRAS-MG
2023**

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

Reis, Camila Soares Cardoso da Silva.

Studies and advances in recurrent selection strategy to
maximize the genetic gain in rice/ Camila Soares Cardoso da Silva
Reis. - 2023.

106 p. : il.

Orientador(a): Flávia Barbosa Silva Botelho.

Coorientador(a): José Manuel Colombari Filho.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. Macho esterilidade genética. 2. Progresso genético. 3.
Variabilidade genética. I. Botelho, Flávia Barbosa Silva. II.
Colombari Filho, José Manuel. III. Título.

O conteúdo desta obra é de responsabilidade do(a) autor(a) e de seu orientador(a).

CAMILA SOARES CARDOSO DA SILVA REIS

**ESTUDOS E AVANÇOS NA ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA
MAXIMIZAR O GANHO GENÉTICO EM ARROZ**

**STUDIES AND ADVANCES IN RECURRENT SELECTION STRATEGY TO
MAXIMIZE THE GENETIC GAIN IN RICE**

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

APROVADA em 08 de dezembro de 2023.

Dr. José Manoel Colombari Filho	EMBRAPA
Dr. José Maria Villela Pádua	UFLA
Dr. Adriano Teodoro Bruzi	UFLA
Dr. Vinicius Quinto Carneiro	UFLA
Dra. Isabela Volpi Furtini	EMPRAPA

Profa. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

**LAVRAS-MG
2023**

Deus, minha fortaleza...

*Ao meu marido Leandro, minha mãe Leliane, minha irmã Ana Flávia, minha família, amigos,
professores e colegas que me acompanharam em minha jornada de aprendizado*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A DEUS, por iluminar meu caminho, por todas as graças recebidas, por me abençoar com tantas oportunidades, sempre estar comigo e por permitir mais essa vitória.

À minha mãe Leliane e à minha irmã Ana Flávia, por todo o amor, incentivo e apoio incondicional durante toda a minha vida.

Ao meu marido Leandro, por ser meu parceiro da vida, por todo o seu amor, companheirismo, apoio, incentivo, ajuda, paciência e muita compreensão ao longo de toda esta jornada. Também à toda a sua família, Delany, Dinho e Venicius, pelo apoio e incentivo.

À minha avó Ivanilda e a todos os meus tios e primos, pelo apoio, orações, torcida, e por sempre estarem presente na minha vida.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) pelas oportunidades de aprendizado e ensinamentos dessa renomada instituição de ensino.

À minha orientadora e amiga Prof. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho, pela qual tenho muita admiração e é um exemplo de ética, dedicação, empatia e profissionalismo. Te agradeço por nunca ter desistido de mim, e me encorajado a aceitar tantos desafios durante o meu doutorado, até quando eu não acreditava que eu conseguiria. Obrigada por todos os conselhos, ensinamentos e treinamentos e também por todas as portas que me abriu para que eu pudesse me tornar a profissional que sou hoje.

Ao meu coorientador Dr. José Manoel Colombari Filho, pela confiança em mim para executar esse trabalho, pelas muitas reuniões com tempo de qualidade comigo, pelos ensinamentos, conselhos, auxílios prestados durante a pesquisa, e por também ser um exemplo de profissional a ser seguido.

Ao grupo de pesquisa MelhorArroz UFLA e às amigas Amanda e Débora, pela amizade, companheirismo, apoio e grande ajuda para a realização desta tese. Sem vocês esse trabalho não seria possível. Obrigada por tudo!

À Embrapa Arroz e Feijão, especialmente à equipe do Melhoramento de Arroz de Terras Altas, por todo o apoio na condução dos meus experimentos.

À EPAMIG, pelo auxílio na execução dos experimentos.

Ao pesquisador Christian De Guzman Ph.D, pela oportunidade de estagiar em seu programa de melhoramento genético de arroz na Rice Research and Extension Center – University of Arkansas, onde pude adquirir muitos ensinamentos e pela experiência inesquecível de intercâmbio.

Ao programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, principalmente à Marli, por estar sempre disposta a me ajudar.

Às minhas amigas da República Poucas & Boas, pela amizade, apoio e por tantos momentos divertidos que passamos juntas.

A todos os meus amigos presentes ou distantes, pela amizade, confiança e torcida.

Aos membros da banca examinadora pelas contribuições para este trabalho.

A todos aqueles que contribuíram de alguma forma, para a minha formação e essa conquista.

Aos órgãos de apoio à pesquisa CAPES e CNPq, pelas oportunidades de todos esses anos como bolsista, e principalmente à CAPES, que foi o órgão de fomento de minha bolsa ao longo do doutorado.

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

Muito obrigada!

RESUMO

O arroz de terras altas é cultivado principalmente no cerrado, onde os solos apresentam baixo teor de fósforo e alto teor de alumínio. A disponibilidade restrita de fósforo como fertilizante, devido à presença abundante de óxidos de ferro e alumínio, dificulta a nutrição e impacta os rendimentos agrícolas. Diante desses desafios, a identificação de genótipos mais eficientes no uso de P destaca-se como uma estratégia de baixo custo. Contudo, elevar o potencial produtivo do arroz de terras altas frente a estresses abióticos representa um dos principais desafios do melhoramento genético. Além disso, alcançar progressos genéticos substanciais está se tornando cada vez mais desafiador. Dessa forma, uma das alternativas para manter e ampliar a variabilidade genética, obter novas recombinações nos programas de melhoramento genético e acelerar os ganhos genéticos a longo prazo é por meio da seleção recorrente. A partir da população de seleção recorrente CNA 9 de arroz de terras altas, este trabalho teve como objetivos: (i) Estimar os progressos genéticos para produtividade de grãos (PG), altura de plantas (AP) e dias para o florescimento (DF) entre o terceiro e o quarto ciclo de seleção recorrente conduzidos sob níveis contrastantes de fósforo no solo; e a partir do quinto ciclo de seleção recorrente (ii) Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos entre progênies $S_{0:2}$ e de meios irmãos S_2 ; (iii) Estimar as respostas esperadas com seleção e os ganhos genéticos anuais para os caracteres PG, AP e DF considerando os dois modelos de condução do método de seleção recorrente empregados na população e; (iv) Validar o novo modelo de seleção recorrente em arroz, com uso de macho esterilidade genética, quanto ao aumento da eficiência e eficácia do método em obter progresso genético. Os dados experimentais foram obtidos de ensaios de rendimento de progênies $S_{0:2}$ do ciclo três e quatro de seleção recorrente. Em cada ciclo, foram conduzidos dois experimentos contrastantes, baixo e alto nível de P em Santo Antônio de Goiás – GO e em Sinop – MT. O ciclo três constituiu-se de 189 progênies $S_{0:2}$ em látice quadrado simples 14x14 e o ciclo quatro foi composto por 137 progênies $S_{0:2}$ em látice quadrado simples 12x12, ambos com sete testemunhas. Já no quinto ciclo de seleção recorrente, dois experimentos de rendimento de progênies $S_{0:2}$ e MIS_2 da população CNA 9/5/1 foram conduzidos em Lavras/MG (2019/2020 e 2020/2021) e em Santo Antônio de Goiás (2020/2021). Sendo o experimento de progênies $S_{0:2}$ constituído por 210 progênies e 6 testemunhas e implantado em alfa látice simples 18x12 e o experimento de progênies MIS_2 composto por 42 progênies e 6 testemunhas e implantado alfa látice simples 8 x 6. Foram avaliados os caracteres produtividade de grãos (PG), altura de plantas (AP) e dias para florescimento (DF). Com os valores mensurados do ciclo três para o quatro, os resultados apresentaram progresso genético para os três caracteres, principalmente GY, com ganho genético anual em solos com baixo e alto teor de P, de respectivamente, 10,31% e 2,78%. Os ganhos anuais obtidos em PH e DF foram principalmente devido a correlação que existe entre os caracteres. No ciclo cinco, as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos demonstraram presença de variabilidade genética entre as progênies MIS_2 e $S_{0:2}$ da população CNA 9, para todos caracteres. Para PG os ganhos genéticos anuais esperados ($G_A\%$) de progênies MIS_2 foram 1,99 vezes superiores em comparação às progênies $S_{0:2}$. Já em DF e AP o $G_A\%$ de progênies MIS_2 foi 2,33 vezes e 4,35 vezes superior, respectivamente, em relação às progênies $S_{0:2}$. Considerando a viabilidade de reduzir a duração de cada ciclo de seleção de três anos para dois anos através da transição do uso de progênies $S_{0:2}$ para MIS_1 , observou-se um impacto positivo no aumento de ($G_A\%$), demonstrando a eficiência da nova estratégia.

Palavras-chave: *Oryza Sativa L.* Macho esterilidade genética. Melhoramento populacional. Seleção de genótipos.

ABSTRACT

Upland rice is mainly cultivated in the cerrado, where the soils have a low phosphorus content and a high aluminum content. The limited availability of phosphorus as a fertilizer, due to the abundant presence of iron and aluminum oxides, hinders nutrition and impacts agricultural yields. Faced with these challenges, the identification of genotypes more efficient in phosphorus use stands out as a low-cost strategy. However, increasing the yield potential in upland rice is faced with abiotic stresses represents one of the main challenges in breeding programs. Additionally, to achieve significant genetic progress is becoming increasingly challenging. Thus, one alternative to maintain and broaden genetic variability, to obtain new recombinations in breeding programs, and accelerate long-term genetic gains is through recurrent selection. Using the recurrent selection population CNA9 of upland rice, the present study aims: (i) From 3th cycle to 4th cycle: to estimate the genetic progress for grain yield (GY), plant height (PH), and days to flowering (DH) conducted under contrasting soil phosphorus levels. Since 5th cycle: (ii) To estimate the genetic and phenotypic parameters between two $S_{0:2}$ progenies and S_2 half-siblings of the population;; (iii) To estimate the expected response to selection and the annual genetic gain for grain yield (GY), plant height (PH) and days to flowering (DF), for each method (iv) To validate the new method of recurrent selection in rice using male genetic sterility. In each cycle, trials were carried out under low and high soil P levels in two locations: Santo Antônio de Goiás, GO, and Sinop, MT. The third cycle were performed with 189 progenies in simple square lattice 14 x 14, while the fourth cycle with 137 progenies in simple square lattice 12 x 12, both with the same seven cultivars as checks. In the 5th cycle two experiments using $S_{0:2}$ and S_2 half-sib progenies were carried out in Lavras/MG (2019/2020 and 2020/2021) and Santo Antônio de Goiás/GO (2020/2021). The $S_{0:2}$ population consisted of 210 genotypes in a simple alpha lattice 18x12 design. On the other hand, the S_2 hal-sib consisted of 42 progenies in a simple alpha lattice 8x6 design. With the measured values from 3th cycle to 4th, the results showed genetic progress for all traits, mainly GY in high and low soil P levels, with respective estimates of annual genetic gains of 10.31% and 2.78% between the third and fourth cycles of recurrent selection, indicating the effectiveness of the selection criteria for this trait. Furthermore, there was a favorable maintenance of the means for PH and DF between these two cycles. In the 5th cycle, estimates of the genetic and phenotypic parameters showed genetic variability in both, the $S_{0:2}$ and S_2 half-sib progenies, for the traits DF, PH, and GY. Annual genetic gain (%) for GY and DF of S_2 half-sib was 2-fold higher than those of $S_{0:2}$, whereas, for PH, the annual genetic gain % of S_2 half-sib progenies was 4-fold higher than $S_{0:2}$. Considering the feasibility of reducing the duration of each three-year selection cycle to two years through transitioning from using $S_{0:2}$ to S_1 half-sib progenies, a positive impact on the increase in annual genetic gain (%) was observed, demonstrating the efficiency of the new strategy.

Keywords: *Oryza Sativa L.* Genetic male sterility. Breeding population. Genotype Selection.

SUMÁRIO

	CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL	11
1	INTRODUÇÃO.....	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	A cultura do arroz	13
2.2	Melhoramento genético de arroz de terras altas	14
2.3	Emprego da seleção recorrente no melhoramento de autógamias.....	17
2.4	Uso de macho esterilidade genética na cultura do arroz.....	21
	REFERÊNCIAS.....	24
	CAPÍTULO 2 GENETIC PROGRESS OF UPLAND RICE RECURRENT SELECTION POPULATION UNDER CONTRASTING SOIL PHOSPHORUS LEVELS.....	29
1	INTRODUCTION	31
2	MATERIAL AND METHODS	33
2.1	Genetic background.....	33
2.2	Characterization of phenotyping sites for high and low soil phosphorus levels...36	
2.3	Experimental data	38
2.4	Statistical analysis.....	39
2.4.1	Obtaining the BLUE (best linear unbiased estimator) for types within the P soil level.....	39
2.4.2	Selection $S_{0:2}$ progenies from the third cycle to enhance tolerance to low soil P levels	39
2.5	Genetic progress.....	41
3	RESULTS AND DISCUSSIONS.....	42
3.1	Selection of $S_{0:2}$ progenies from the third cycle to increase the tolerance to low soil P levels.....	42
3.2	Genetic Progress	46
	REFERENCES	52
	CAPÍTULO 3 OTIMIZAÇÃO DO MÉTODO SELEÇÃO RECORRENTE PARA MAIOR GANHO GENÉTICO ANUAL EM ARROZ	56
1	INTRODUÇÃO.....	58
2	MATERIAL E MÉTODOS	61

2.1	Material genético	61
2.2	Dados experimentais.....	64
2.2.1	Ano agrícola 2017/18	66
2.2.2	Ano agrícola 2018/19	66
2.2.3	Ano agrícola 2019/20	67
2.2.4	Ano agrícola 2020/21	67
2.3	Análises estatístico-genéticas	68
2.3.1	Análises de variância individuais	69
2.3.2	Análises de variância conjunta e estimação dos componentes de variância	70
2.3.3	Resposta esperada com a seleção.....	76
2.3.4	Ganho genético anual esperado	77
3	RESULTADOS	78
3.1	Análises de variância individuais	78
3.2	Análise de variância conjunta.....	80
3.3	Estimativas dos componentes de variância	82
3.4	Análise das médias das progênies $S_{0,2}$ e MIS_2, e testemunhas (BLUP).....	84
3.5	Ganho genético anual esperado	87
4	DISCUSSÃO	90
5	CONCLUSÕES.....	99
	REFERÊNCIAS.....	100
	APÊNDICES	105

CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL

1 INTRODUÇÃO

O cultivo de arroz de terras altas está disseminado por quase todas as regiões do Brasil, adaptando-se a uma ampla variedade de condições climáticas e sistemas de produção. Na região do cerrado brasileiro, que é um dos principais locais de cultivo desse tipo de arroz, os solos apresentam baixo teor de fósforo e alto teor de alumínio, fatores que limitam o rendimento (SWAMY *et al.*, 2019). A disponibilidade de fósforo (P) fornecido como fertilizante é geralmente restrita devido à presença abundante de óxidos de ferro e alumínio nesses solos, o que torna a nutrição por fósforo um obstáculo para atingir rendimentos agrícolas economicamente satisfatórios (LUO *et al.*, 2023). Diante destes fatos, a identificação de genótipos mais eficientes na utilização de nutrientes escassos no solo emerge como uma estratégia sustentável e de baixo custo (WANG; LAW; PAK, 2010).

Um dos principais desafios do melhoramento genético de arroz de terras altas é aumentar o potencial produtivo associado a estresses abióticos. A introdução de cultivares mais produtivas emerge como uma alternativa vantajosa para conferir maior competitividade à produção de arroz de terras altas. Nesse contexto, o êxito do programa de melhoramento genético visando desenvolver genótipos superiores, está intrinsecamente ligado à habilidade do melhorista em manejar eficientemente as populações disponíveis. Essa habilidade engloba os caracteres a serem aprimorados, a habilidade de distinguir e planejar cruzamentos ideais entre os genótipos existentes, bem como a escolha da estratégia mais adequada para a condução das populações, visando ganhos contínuos e manutenção da variabilidade genética (RAMALHO *et al.*, 2012; MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017).

Obter avanços genéticos significativos tem se tornado cada vez mais desafiador devido à diminuição das diferenças genéticas entre os genótipos. Além disso, a persistente utilização de métodos tradicionais de melhoramento resulta no estreitamento da base genética das populações, o que reduz as oportunidades de ganhos adicionais por meio da seleção, comprometendo as respostas a longo prazo (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017). Também, a maioria das características de interesse agrônômico são controlados por vários genes e influenciados pelo ambiente, o que representa uma dificuldade adicional em programas de melhoramento. Assim, uma estratégia eficaz para acumular alelos favoráveis na população é adotar a seleção recorrente (SR), que tem como base o melhoramento populacional. É um

processo cíclico que envolve a escolha de indivíduos superiores de uma população, seguida pela recombinação desses indivíduos para formar uma nova geração. Dessa forma, é possível manter a variabilidade genética e obter ganhos contínuos, aumentando a chance de obter linhagens superiores (RAMALHO *et al.*, 2012).

Dentro do programa de seleção recorrente para a cultura do arroz, diversas estratégias podem ser aplicadas no processo de seleção e recombinação. A determinação das estratégias mais adequadas está condicionada aos componentes de variância fenotípica e genotípica e aos tipos de progênies disponíveis para utilização assegurando a obtenção de resultados satisfatórios alinhados aos objetivos do programa de melhoramento genético (MARQUES, 2021).

A sustentabilidade da seleção recorrente torna-se uma questão crucial, dependendo diretamente do progresso genético alcançado. A avaliação da eficácia dos programas de seleção recorrente, é essencial para redefinir estratégias, garantindo que cada unidade de recurso investido resulte no máximo ganho possível. De acordo com Ramalho *et al.* (2012), a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos da população sujeita à seleção recorrente auxilia os melhoristas na tomada de decisões sobre as estratégias seletivas empregadas e na capacidade de prever ganhos genéticos nos futuros ciclos.

Vários estudos evidenciam a eficácia do uso de SR em arroz (BRESEGHELLO *et al.*, 2009; CORDEIRO; RANGEL, 2011; MORAIS JR. *et al.*, 2015; MORAIS JR. *et al.*, 2017) e observa-se ganhos em produtividade de grãos e em outros caracteres desejáveis ao longo dos ciclos de seleção. Além disso, a aplicação bem-sucedida de SR também foi comprovada em outras culturas, como feijão (RAMALHO *et al.*, 2021), soja (SOARES *et al.*, 2020) e trigo (AISAWI *et al.*, 2015).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo, a partir da população de seleção recorrente CNA 9 de arroz de terras altas: (i) Estimar os progressos genéticos para produtividade de grãos (PG), altura de plantas (AP) e dias para o florescimento (DF) entre o terceiro e o quarto ciclo de seleção recorrente conduzidos sob níveis contrastantes de fósforo no solo, e a partir do quinto ciclo de seleção recorrente; (ii) Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos entre progênies S0:2 e de meios irmãos S2; (iii) Estimar as respostas esperadas com seleção e os ganhos genéticos anuais para os caracteres PG, AP e DF considerando os dois modelos de condução do método de seleção recorrente empregados na população e; (iv) Validar o novo modelo de seleção recorrente em arroz, com uso de macho esterilidade genética, quanto ao aumento da eficiência e eficácia do método em obter progresso genético.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura do arroz

O arroz (*Oryza sativa* L.) destaca-se como um dos principais cereais produzidos e consumidos no mundo, ocupando a terceira posição, ficando atrás apenas do milho e trigo (SILVA; PAIM; SILVA, 2018). Além disso, caracteriza-se como um dos produtos que compõem a base alimentar de mais da metade da população mundial, fornecendo dois terços da ingestão de calorias para mais de três bilhões de pessoas na Ásia e um terço da ingestão de calorias de quase 1,5 bilhão de pessoas na África e na América Latina (KHAN; DAR; DAR, 2015). No Brasil, o arroz, juntamente com o feijão, são alimentos básicos para a população brasileira.

A produção mundial de arroz beneficiado na safra 2023/24 foi de 520.9 milhões de toneladas. A China e a Índia são os maiores produtores mundiais de arroz, sendo o primeiro e o segundo lugar em produção respectivamente, representando 60% da produção mundial desse grão (USDA, 2023). O Brasil, na safra 2023/24 foi o maior produtor do MERCOSUL, o nono produtor de arroz no ranking mundial e o maior produtor fora do continente asiático, com produção de 10.78 milhões de toneladas equivalente a 2.07% da produção mundial (CONAB, 2023).

Projeções da Conab (2023) estimam que na safra 2023/24, a produção será de 10.785,9 mil toneladas, com uma área plantada de 1.557,2 mil de hectares e produtividade média de 6.926 kg ha⁻¹. Estima-se que a safra 2023/24 foi 7.5% maior que a safra 2022/23, com destaque para o aumento da área plantada em comparação com a safra passada, isto é, devido a expectativa de alta nos preços no mercado (CONAB, 2023).

O cultivo de arroz no Brasil ocorre em várzeas e de terras altas (sequeiro e irrigação por aspersão). No primeiro, o arroz é plantado em áreas naturalmente inundadas, várzeas com irrigação controlada ou em várzea úmida, sendo responsável por cerca de 79.8% da produção nacional e sua maior concentração na região Sul (CONAB, 2023). No caso do arroz de terras altas, predomina o sistema de sequeiro, que se concentra, principalmente, nas regiões norte, nordeste e centro-oeste.

Até o início da década de 90, o arroz de terras altas era responsável por cerca de 69% da produção brasileira. Atualmente, esse valor corresponde a aproximadamente 20% da produção total de arroz. As causas da redução da produção do arroz de terras altas e sua baixa

produtividade, sendo 2.387 kg.ha⁻¹ para arroz de terras altas e 7.557 2.387 kg.ha⁻¹ para arroz irrigado, estão associadas a um menor padrão tecnológico empregado pelo orizicultor, o que está relacionado a um baixo investimento de insumos, contribuindo para o baixo rendimento e a maiores alterações da planta quando submetidas aos estresses bióticos e abióticos. Além disso, com a redução de abertura de áreas, a área cultivada com arroz sob o sistema de cultivo de sequeiro, foi sendo gradativamente reduzida (MATOS, 2014; MOURA *et al.*, 2021).

Outro ponto a ser considerado é a própria fisiologia da planta, uma vez que o arroz é uma planta de natureza aquática, tendo forte influência da temperatura e distribuição pluviométrica quando submetida a regiões de sequeiro. Porém, geralmente o cultivo de arroz de terras altas não ocorre com contínuo suprimento hídrico como em áreas inundadas, ou com auxílio de irrigação, sendo comum a ocorrência de ‘veranicos’ induzindo a planta a déficit hídrico e causando diversos problemas, principalmente nos estádios reprodutivos, como na fase de florescimento e de enchimento de grãos, e conseqüentemente, comprometendo a produtividade (VIDOTTI, 2015; MOURA *et al.*, 2021).

Apesar disso, a diminuição de área de várzeas com arroz devido ao aumento da inserção da cultura da soja, em rotação com o arroz, o apelo para o uso eficiente da água na agricultura e a expectativa para a inserção do arroz de terras altas como cultura de sucessão (segunda safra) em lavouras com ou sem irrigação no sistema de produção, demonstram a importância de pesquisas relacionadas a esse cultivo, visando obter genótipos com maior produtividade de grãos, precoces e tolerantes aos estresses bióticos e abióticos a fim de garantir uma maior segurança alimentar no Brasil (GUEDES, 2010; SAITO *et al.*, 2018).

2.2 Melhoramento genético de arroz de terras altas

No Brasil, os programas de melhoramento iniciaram em 1937, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), priorizando em suas atividades, o arroz de sequeiro e, em 1938, no Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA), com exclusividade para o arroz irrigado por inundaçãõ contínuia em várzeas. Mais tarde, em 1976, a Embrapa iniciou seus trabalhos com melhoramento de arroz (EPAMIG, 2004). Um dos principais desafios dos programas de melhoramento de arroz de terras altas, nesse período, era o aumento da produtividade de grãos. Porém, na década de 80, iniciou-se o processo de substituição de variedades tradicionais de arroz, que possuíam ciclo longo, porte elevado, e grão longo e espesso, por cultivares mais modernas, com ciclo curto, porte baixo, e grão agulhinha longo e fino. A partir de então, começou-se a priorizar a

qualidade em detrimento da produtividade, devido ao aumento da exigência do mercado consumidor por um produto de melhor qualidade. Nessa época, teve início um processo de declínio no ganho de produtividade de grãos nos programas de melhoramento do arroz, principalmente terras altas, que ocorreu devido ao estreitamento da base genética da espécie e à priorização da qualidade do grão (CASTRO *et al.*, 1999; RANGEL, 2002).

Soares *et al.* (1999), quantificando o ganho genético com o melhoramento do arroz de terras altas, durante o período de 1974 a 1995, verificaram um ganho genético anual de 1,26% para os materiais do grupo precoce, e de 3,37% para os do grupo médio ou tardio, indicando que o Programa de Melhoramento Genético do Arroz de Terras Altas foi eficiente no período. Porém, uma das maiores contribuições que o melhoramento trouxe para o arroz de terras altas nessa época, foi o desenvolvimento de cultivares de grãos agulhinha de alta qualidade culinária, característica que até meados da década de 90, só as cultivares de várzeas possuíam. Dessa forma, o arroz de terras altas passou a competir igualmente com o arroz irrigado no mercado de grãos (EPAMIG, 2004; FONSECA *et al.*, 2007).

Breseghello *et al.* (2011) estimaram os ganhos genéticos para produtividade de grãos, número de dias para florescimento e altura de plantas do programa de melhoramento de arroz de terras altas do Brasil, realizado pela Embrapa no período de 1984 a 2009. Verificou-se que o programa de melhoramento pode ser descrito em três fases distintas: Na fase I (1984-1992) foi introduzido um grande número de linhagem para ser testado, mas não houveram ganhos significativos para o caráter produtividade. Já a fase II (1992-2002) foi marcada pela forte influência de materiais introduzidos do CIAT e dos Estados Unidos com o propósito de aumentar a variabilidade genética existente e melhorar a qualidade dos grãos. Houve ganho anual para produtividade de 15.7 kg ha⁻¹, redução da altura e dias para florescimento (-0.25 dias). E a fase III (2002-2009), enfatiza a seleção para produtividade de grãos associada a outros caracteres de importância. O ganho genético anual para produtividade nessa fase foi o maior, com 45 kg ha⁻¹, e a estatura e o ciclo da planta, com valores em torno de 80 dias para o florescimento e altura de 95 cm. Os resultados encontrados nas três fases refletem as mudanças que foram promovidas no tipo de plantas, agregando valor às cultivares de arroz de terras altas modernas.

Moura *et al.* (2021) avaliou a eficiência do experimento preliminar do programa de melhoramento genético de arroz de terras altas da Universidade Federal de Lavras, no período de quatro safras. Foi observado que houve efetividade na seleção de genótipos superiores para

todos os anos, com ganhos genéticos favoráveis para a redução da altura das plantas associadas ao caráter produtividade de grãos.

Nos programas de melhoramento de arroz de terras altas, o principal objetivo é sempre obter materiais mais produtivos. Contudo, principalmente na cultura do arroz, onde há influência de toda a cadeia produtiva composta pelo produtor, indústria e o consumidor final, novas demandas estão sempre surgindo para serem incorporadas nos materiais (QIAN *et al.*, 2016). Diante disso, os melhoristas tem concentrado esforços em alguns caracteres, tais como: rendimento de grãos, precocidade e qualidade de grãos (ZARVAFI *et al.*, 2019; LAKSHMI *et al.*, 2020; GUIMARÃES *et al.*, 2021).

A utilização de cultivares de ciclo precoce permite que as plantas não fiquem expostas em períodos de estiagem, o que é vantajoso, uma vez que, quando ocorre escassez de água, principalmente no estágio de florescimento, compromete o desempenho final planta, e conseqüentemente, há diminuição da produtividade. Além disso, há a possibilidade de a planta permanecer por um período reduzido sob estresses bióticos e abióticos e também maior flexibilidade de época de semeadura e escalonamento de colheita (YANG *et al.*, 2019; FERNANDES *et al.*, 2020).

A altura de plantas é outro caráter importante devido a sua relação com o acamamento, pois genótipos mais altos acamam sob condições adversas, como por exemplo, a ocorrência de ventos fortes e altas doses de adubação nitrogenada (FAGERIA *et al.*, 2013). Durante a revolução verde, foram desenvolvidas cultivares modernas com menores estaturas (90-110 cm) que eram menos suscetíveis ao acamamento. Entretanto, recomenda-se que as plantas de arroz não sejam muito baixas, dado que, o porte de plantas possui relação direta com o rendimento de grãos, ou seja, a baixa estatura pode influenciar na redução da produtividade de grãos (FAGERIA *et al.*, 2013).

Do ponto de vista genético, o estreitamento da base genética das populações pode limitar o potencial de vários caracteres de interesse agrônômico, e conseqüentemente, extinguir as possibilidades de obtenção de ganhos genéticos por seleção. Diante desse fato, uma das alternativas para ampliar a variabilidade genética, obter novas recombinações nos programas de melhoramento genético e acelerar os ganhos genéticos a longo prazo é por meio da seleção recorrente (MORAIS *et al.*, 2015).

2.3 Emprego da seleção recorrente no melhoramento de autógamias

A maioria dos caracteres de interesse agrônômico que os melhoristas trabalham são de natureza quantitativa, ou seja, controlados por vários genes e muito influenciados pelo ambiente. Além disso, outros fatores limitantes no melhoramento genético são a dificuldade de reunir alelos de interesse de diferentes genitores com o intuito de melhorar vários caracteres ao mesmo tempo, durante o processo de seleção. No entanto, é impossível acumular todos os alelos favoráveis em um único ciclo. Diante disso, uma boa estratégia para acumular alelos de importância na população desejada é com o uso da seleção recorrente (RAMALHO *et al.*, 2012).

A seleção recorrente foi proposta por Hull (1945), após ser observado que a cada ciclo de intercruzamento poderia melhorar a capacidade específica de combinação em milho (ALLARD, 1971). Com esse método, o potencial máximo de produção não é determinado pelo genótipo de uma única planta e sim, pela combinação promissora de alelos existentes em uma população com variabilidade genética (MORAIS JÚNIOR, 2013).

A seleção recorrente é um processo dinâmico e cíclico que envolve obtenção de progênies, avaliação, seleção de indivíduos ou progênies superiores de uma população geneticamente heterogênea, seguida pela recombinação dos selecionados para formar uma nova população, visando, desse modo, aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis, permitindo a manutenção da variabilidade genética por meio de repetidos ciclos de seleção, e por consequência, melhorar a expressão do caráter sob seleção. Diante disso, é possível aumentar a probabilidade de selecionar melhores linhagens com ganhos contínuos por seleção (GUIMARÃES *et al.*, 2021). Em outras palavras, na seleção recorrente, os genótipos que se destacaram no programa de melhoramento são selecionados e, posteriormente, recombinados para formar uma nova população. Esse procedimento é repetido até que as médias para os caracteres de interesse aumentem e estejam de acordo com os objetivos do programa de melhoramento (MORAIS JÚNIOR, 2013).

Os métodos convencionais de melhoramento de plantas autógamias constituem-se, em geral, na hibridação entre dois ou mais indivíduos e na condução das populações segregantes por autofecundação, cuja endogamia é ampliada ao longo das gerações e é feita a seleção das melhores linhagens ao longo de todo esse avanço da homozigose (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017). O contínuo uso dos métodos tradicionais de melhoramento levam ao estreitamento da base genética das populações, resultando na redução das possibilidades de ganhos adicionais

por seleção, uma vez que o melhorista passa a trabalhar com um pequeno conjunto gênico. Uma das alternativas para ampliar a variabilidade genética e aumentar as chances de recombinação nos programas de melhoramento genético é a sintetização de populações contrastantes, ou seja, aquelas que possuem ampla base genética e conduzi-las por meio da seleção recorrente (BRESEGHELLO; COELHO, 2013; MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017).

Com relação as etapas envolvidas em cada ciclo de um programa de seleção recorrente, segundo Ramalho *et al.* (2012), a etapa de obtenção da população base de seleção recorrente é o momento que determina o sucesso da seleção recorrente, pois é nesta que ocorre a escolha dos genitores e/ou populações segregantes para o início do programa de seleção recorrente. Caso no processo de hibridação sejam usados genitores que não reproduza nenhuma linhagem superior do que as pré-existentes, isto ocasionará em uma perda de recursos financeiros e tempo.

Portanto, para a formação da população base é necessário que os genitores possuam média alta associada à grande variabilidade genética para o caráter sob seleção (RAMALHO *et al.*, 2012; VELLO; NAZATO *et al.*, 2017). Nessa etapa procura-se obter uma ampla variabilidade genética inicial com a possibilidade de combinações alélicas favoráveis que serão a base para o início da seleção recorrente. É recomendável para a criação da população base que se utilize genitores divergentes e complementares para os caracteres de interesse.

Em seguida, os genitores escolhidos são inter cruzados para obter novas combinações genotípicas. Para espécies autógamas recomenda-se que seja utilizado de dez a vinte genitores (RAMALHO *et al.*, 2012). Se a população apresentar médias altas para as características agrônomicas de interesse, o programa de seleção recorrente pode ser mantido por longos períodos de tempo com a obtenção de linhagens superiores e de ampla base genética (RANGEL; NEVES, 2007). E os cruzamentos podem ser realizados por meio do uso de macho esterilidade ou hibridações manuais, e ambas são eficientes em produzir cruzamentos direcionados.

Nas etapas de avaliação e seleção de progênies da seleção recorrente intrapopulacional, os procedimentos adotados são os mesmos utilizados na condução de populações segregantes, que podem ser realizadas de maneira fenotípica, quando envolvem caracteres de alta herdabilidade ou, por meio de avaliações genotípicas, caso os caracteres sejam muito influenciados pelo ambiente. Nesse último recomenda-se que a seleção seja baseada em experimentos com repetições e avaliações em vários ambientes. Com esse procedimento, as contribuições dos efeitos ambientais, residuais e da interação genótipos x ambientes são reduzidas, o que aumenta a precisão das médias das progênies (RAMALHO *et al.*, 2012; VELLO; NAZATO *et al.*, 2017). Adicionalmente, também, são obtidas as médias das

progênies, bem como a estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos, de modo que, esses dados possam auxiliar nas tomadas de decisões e predições de ganhos genéticos de futuros ciclos de seleção, além disso, permitem também, avaliar a viabilidade do programa de seleção recorrente (MORAIS JÚNIOR., 2017).

Entretanto, para ter sucesso na seleção é necessário que todos os experimentos tenham boa precisão experimental. Dessa forma, as médias das progênies avaliadas expressam menor variância fenotípica, isso indica que os indivíduos estão mais próximos uns dos outros em termos das características avaliadas. Quando a variabilidade fenotípica das progênies é reduzida, é mais fácil identificar e selecionar os indivíduos superiores para a recombinação, o que contribui para maior ganho genético esperado. Além do que, uma avaliação eficiente do desempenho dos genótipos garante que as progênies escolhidas para serem recombinadas sejam realmente as melhores, e isso contribui para que haja redução da variabilidade genética e obtenha progressos com a seleção recorrente (RAMALHO *et al.*, 2012).

Em um programa de seleção recorrente é importante definir qual geração de autofecundação é mais adequada para avaliar e selecionar as progênies superiores. Contudo, não há regras para isso, e também há carência de informações. A escolha pela geração da progênie a ser utilizada está vinculada aos caracteres e ao tempo disponível para a obtenção das progênies no programa de seleção recorrente. Pode-se avaliar progênies S_0 , $S_{0:1}$, $S_{0:2}$, ou qualquer outra geração antes da seleção para o intercruzamento. No entanto, quanto mais avançada for a geração, mais precisas serão as estimativas obtidas, e conseqüentemente, haverá maiores ganhos por ciclo seletivo, porém, tem a desvantagem do maior tempo para completar cada ciclo, já em gerações precoces é possível ter maior taxa de recombinação. No Brasil, as progênies $S_{0:2}$ em algumas espécies autógamas como soja e feijão costumam ser mais utilizadas em programas de seleção recorrente, considerando um ciclo de seleção recorrente de três anos, pois nessa geração se tem maior número de sementes. Nesse caso, os experimentos podem ser feitos com maior número de repetições, locais, e com maior intensidade de seleção. Comparando ao processo realizado na geração $S_{0:1}$, que por ser uma planta descendente de S_0 , apresenta menor disponibilidade de sementes para ser testado em experimentos com repetições, se torna mais viável (RAMALHO *et al.*, 2012; MORAIS JÚNIOR, 2013).

Após a avaliação em experimentos com repetições, as progênies superiores são identificadas e utilizadas para promover a recombinação e os descendentes obtidos farão parte de uma nova população do ciclo seguinte (RAMALHO *et al.*, 2012). A recombinação permite ampliar a variabilidade genética devido as novas combinações alélicas vindas dos

intercruzamentos para o próximo ciclo de seleção. Portanto, a seleção correta das progênes a serem usadas na etapa de recombinação é essencial para o sucesso do próximo ciclo de seleção recorrente, ou seja, é responsável por novas combinações gênicas que aumentam o acúmulo de alelos favoráveis na população, resultando no progresso genético durante os ciclos de seleção (VELLO; NAZATO *et al.*, 2017; TOURRETE *et al.*, 2019).

Considerando o emprego da estratégia de seleção recorrente no melhoramento genético de espécies autógamas, há muitos resultados de sucesso disponíveis na literatura, sobretudo, devido a possibilidade de uso de macho esterilidade genética, mostrando a eficiência da adoção da seleção recorrente para alcançar ganhos genéticos contínuos em caracteres quantitativos associados à manutenção da variabilidade genética após vários ciclos de seleção (SINGH; IKENASHI, 1981; RAMALHO *et al.*, 2012; VELLO; NAZATO, 2017). Librelon *et al.* (2020) avaliaram progênes S_{0:1} de feijão dos ciclos dezesseis e dezoito respectivamente, do programa de seleção recorrente visando resistência à mancha angular da Universidade Federal de Lavras, quanto a severidade da mancha angular em campo. Os autores observaram que a maioria das progênes apresentaram alto nível de resistência à mancha angular, indicando a eficiência da seleção recorrente.

Morais *et al.* (2008) visando resistência à brusone no arroz de terras altas, relataram que em média, o ganho observado entre o primeiro e terceiro ciclo de seleção representou 3,4% ao ano em relação ao nível de incidência de brusone observado no primeiro ciclo. Semelhante, Moraes Júnior *et al.* (2017) avaliaram a eficácia da seleção recorrente em arroz inundado para alcançar progresso genético, manter a variabilidade genética e aumentar o potencial de seleção de genótipos superiores. Foi utilizada a população CNA12S da Embrapa Arroz e Feijão, em que progênes S_{1:3} foram submetidas a três ciclos de seleção e, posteriormente, foram avaliados os caracteres produtividade, altura de plantas, dias para o florescimento e o tamanho efetivo da população em cada ciclo. Foram obtidos ganhos genéticos de 1,98% por ano para produtividade e -1,29% por ano para dias até o florescimento. Os resultados indicaram que o uso da seleção recorrente apresentou ganhos promissores e foi possível manter a variabilidade genética ao longo dos ciclos.

Ramya *et al.* (2016) utilizou progênes endogâmicas e de meios-irmãos no programa de seleção recorrente visando melhorar tolerância à seca associada à produtividade de grãos em trigo. Potenciais resultados foram obtidos após três ciclos de seleção, em que progênes de meios-irmãos apresentaram maior produtividade de grãos sob estresse quando comparados às progênes endogâmicas.

Ressalta-se que no método de seleção recorrente é dinâmico e pode-se associar estratégias durante as suas etapas de condução, como por exemplo, em arroz pode-se utilizar a técnica de macho esterilidade genética na etapa de recombinação, dessa forma, é possível realizar maior número de cruzamentos em número suficiente para a realização dos intercruzamentos em cada ciclo de seleção recorrente, trazendo benefícios para o programa de melhoramento, diminuindo custos de mão de obra e tempo (RAMALHO *et al.*, 2012; VELLO; NAZATO *et al.*, 2017).

2.4 Uso de macho esterilidade genética na cultura do arroz

Um das maiores limitações das plantas autógamas é a dificuldade de realizar um grande número de cruzamentos. Dessa forma, a macho esterilidade genética é uma das ferramentas existentes que permite aumentar o número de cruzamentos, devido a dispensa da emasculação das plantas durante os cruzamentos, então, os melhoristas de arroz têm a opção de empregar na seleção recorrente para a síntese de interpopulações, uma prática semelhante aos programas de melhoramento de culturas alógamas (ABBAS *et al.*, 2021).

Há em torno de 175 espécies que apresentam genes nucleares descritos para a macho esterilidade genética (COLOMBO; GALMARINI, 2017), dentre elas, destaca-se o arroz. A macho esterilidade genética em arroz foi obtida por um mutante da cultivar IR 36 mediante um mutagênico químico (SING; IKHASHI, 1981), que carrega o gene recessivo (*ms*), que quando expressos em homozigose induzem esterilidade dos grãos pólen.

O processo começa com a introdução do gene de macho esterilidade genética (*ms*) na população. Isso é feito através de cruzamentos manuais entre os genitores (plantas progenitoras) e uma fonte que contém o gene de macho esterilidade genética. Após a introdução do gene são realizados retrocruzamentos. Isso envolve cruzar os genitores ou os genótipos F1 (a primeira geração resultante dos cruzamentos) com os genitores da geração seguinte. Esses cruzamentos têm o objetivo de fixar o gene desejado na população. Como resultado desses cruzamentos, a geração F1 é obtida. Nesta fase, as plantas são férteis e heterozigotas para o gene de macho esterilidade genética, representado como "*MsMs*". Para restabelecer a macho esterilidade genética, é realizada uma geração de autofecundação nos genótipos. Isso significa permitir que as plantas heterozigotas F1 se reproduzam entre si, levando a uma nova geração que expressará novamente a macho esterilidade genética.

Inicialmente, introduz-se o gene (*ms*) em uma população por meio de cruzamentos manuais entre os genitores e a fonte de macho esterilidade genética, e em sequência são feitos retrocruzamentos com os genitores ou cruzamentos dos genótipos F₁ com os genitores de número seguinte. Posteriormente a essa fase, tem-se a geração F₁ que é fértil e heterozigota (*MsMs*). Para restabelecer, a macho esterilidade genética realiza uma geração de autofecundação nos genótipos (RAMALHO *et al.*, 2012).

Assim, colhendo as sementes produzidas pelas plantas macho estéreis, são garantidas sementes de cruzamentos com as plantas da população e a conservação do gene (*ms*) na mesma. Segundo Rangel e Neves (1995) as plantas macho estéreis (*msms*) só produzem sementes quando fecundadas por pólen de plantas férteis (*MsMs* ou *Msms*) e esses cruzamentos de diferentes genótipos devem ocorrer ao acaso, sem qualquer preferência.

De acordo com Rangel e Neves (1995), as plantas macho estéreis (*msms*) de arroz são facilmente identificadas no campo, pois apesar de suas flores abrirem normalmente na antese, as anteras possuem aparência opaca e esbranquiçada, estigmas completamente expostos, as panículas ficam parcialmente envolvidas pela folha-bandeira e a planta continua a emitir perfilhos mesmo após os primeiros já terem completado a maturação e não há formação de grãos, fatos que não ocorrem em plantas férteis.

Para iniciar um programa de seleção recorrente de arroz com uso de macho esterilidade genética, primeiramente, misturam-se as sementes autofecundadas da população com o gene *ms* introduzido, como explicado anteriormente, para compor uma nova população. Na próxima geração, são semeadas a mistura de plantas macho estéreis (*msms*) com as F₁ férteis (*MsMs*) ou dos genitores (*MsMs*) para acontecer o primeiro ciclo de intercruzamento. Após três intercruzamentos, a população está pronta para iniciar um programa de seleção recorrente (RAMALHO *et al.*, 2012). Portanto, a macho esterilidade genética em arroz viabiliza manipular as populações como se fosse uma espécie alógama, permitindo a realização de cruzamentos aleatórios em número suficientes e o estabelecimento de uma população a cada ciclo.

Trabalhos envolvendo o uso de macho esterilidade genética na cultura do arroz apresentaram resultados positivos quando associado em programas de seleção recorrente e destacaram a importância do uso dessa estratégia. Vidotti (2015) estimou parâmetros genéticos e fenotípicos das progênies S_{0:2} da população CNA 9/3/1, em que foi utilizada a ferramenta de macho esterilidade genética em sua síntese, do programa de seleção recorrente de arroz de terras altas, quanto a tolerância à deficiência de fósforo no solo. Verificou-se que a população apresentou variabilidade genética suficiente para a obtenção de ganhos genéticos, com os ciclos

subsequentes de seleção recorrente, tanto para ambientes com deficiência de P, quanto para aqueles que apresentaram níveis adequados no nutriente. Semelhante, Morais Júnior (2016) estimou o progresso genético da população CNA 6, cuja população foi sintetizada da mesma da mesma maneira, durante quatro ciclos de seleção recorrente para produtividade de grãos, altura de plantas e dias para florescimento. Os resultados demonstram que houve eficiência no programa de seleção recorrente para produtividade de grãos e altura de plantas, com ganhos genéticos significativos observados durante os quatro ciclos de seleção.

Pang *et al.* (2017) introduziram no programa de seleção recorrente de arroz uma linhagem macho estéril, denominada Jiabuyu, controlada por um gene dominante. Foram desenvolvidas duas populações utilizando a linhagem macho estéril nos cruzamentos visando tolerância a estresse abiótico. Após dois ciclos de seleção recorrente, foram identificadas 11 linhagens promissoras para rendimento de grãos, 12 linhagens tolerantes à seca e 12 tolerantes à estresse salino. Ainda, os mesmos autores ressaltaram que é possível utilizar a macho esterilidade genética em programas de seleção recorrente de arroz para melhorar caracteres quantitativos fornecendo resultados interessantes para os melhoristas de arroz.

REFERÊNCIAS

- ABBAS, A.; YU, P.; SUN, L.; YANG, Z.; CHEN, D.; CHENG, S.; CAO, L. Exploiting genic male sterility in rice: from molecular dissection to breeding applications. **Frontier in Plant Sciences**, v. 12, p.220, 2021.
- AISAWI, K.A.B.; REYNOLDS, M.P.; SINGH, R.P.; FOULKES, M.J. The physiological basis of the genetic progress in yield potential of CIMMYT spring wheat cultivars from 1966 to 2009. **Crop Science**, v.55, n.4, p.1749-1764, 2015.
- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381 p.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P.; CASTRO, E.M.; PRABHU, S.A.; BASSINELLO, P.Z.; PEREIRA, J.P.; UTUMI, M.M.; FERREIRA, M.E.; SOARES, A.A. Recurrent selection resulted in rapid genetic gain for upland rice in Brazil. **International Rice Research Notes**, Manila, v. 34, n. 1, p. 1-4, jan. 2009.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P.; PINHEIRO, P.V.; SILVA, A.C.S.; CASTRO, E.M.; GUIMARÃES, E.P.; CASTRO, A.P.; PEREIRA, J.A.; LOPES, A.M.; UTUMI, M.M. OLIVEIRA, J.P. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, Madison, v. 51, n. 3, p. 914-923, 2011.
- BRESEGHELLO, F.; COELHO A. S. G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural Food Chemistry**, v. 61, p. 8277-8286, 2013.
- CASTRO, E.M.; VIEIRA, N.R.A.; RABELO, R.R.; SILVA, S.A. **Qualidade de grãos em arroz**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Embrapa Arroz e Feijão. Circular Técnica, 34), 1999. 30 p.
- COLOMBO, N.; GALMARINI, C.R. The use of genetic, manual and chemical methods to control pollination in vegetable hybrid seed production: a review. **Plant Breeding**, v. 136, n. 3, p. 287-299, 2017.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. 2023. **Acompanhamento de safra brasileira de grãos**, Brasília, DF, v. 11, safra 2023/2024, n. 3 terceiro levantamento, dez. 2023.
- CORDEIRO, A.C.C.; RANGEL, P.H.N. Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima. **Agroambiente**, v. 5, n. 3, p. 182-187, 2011.
- EPAMIG. Arroz: Avanços Tecnológicos. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 25, n. 222, p. 1-108, 2004.
- FAGERIA, N.K.; MORAIS, O.P.; SANTOS, A.B.; VASCONCELOS, M.J. Phosphorus use efficiency in upland rice genotypes under field conditions. **Journal of Plant Nutrition**, v. 37, p. 633-642, 2013.

FERNANDES, M.C.N.; CASTRO, D.G.; BOTELHO, F.B.S.; MOURA, A.M.M.; TOMÉ, L.M.; RODRIGUES, C.S. Relationship between grain yield and blossoming in upland rice lines. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 19, n.1, p.98-103, 2020.

FONSECA, J.R.; MORAIS, O.P.; CUTRIM, V.A.; RANGEL, P.H.N.; BRESEGHELLO, F.; SOARES, A.A.; CASTRO, E.M. **Características morfo agronômicas e fenológicas de cultivares comerciais de arroz (*Oryza sativa* L.) de terras altas e irrigado**. Brasília: Embrapa Arroz e Feijão, 2007.

GUEDES, J.M. **Desempenho de famílias S_{0:2} da população CNA9 do programa de melhoramento de arroz de terras altas para agricultura familiar**. 2010. 51p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Goiânia, 2010.

GUIMARÃES, P.H.R.; MELO, P.G.S.; CORDEIRO, A.C.C.; TORGA, P.P.; RANGEL, P.H.N.; CASTRO, A.P. Index selection can improve the selection efficiency in a rice recurrent selection population. **Euphytica**, v. 95, 2021.

HULL, F.H. Recurrent selection for specific combining ability in corn 1. **Agronomy journal**, v. 37, n. 2, p. 134-145, 1945.

KHAN, M.H.; DAR, Z.A.; DAR, A.S. Breeding Strategies for Improving Rice Yield – A Review. **Agriculture Sciences**, v. 6, p. 1-11, 2015.

LAKSHMI, V.G.I.; SREEDHAR, M.; GIREESH, C.; VANISRI, S. Genetic variability, correlation and path analysis studies for yield and yield attributes in African rice (*Oryza glaberrima*) germoplasm. **Electron J Plant Breed**, v.11, p. 399–404, 2020.

LUO, D.; WANG, L.; NAN, H.; CAO, Y.; WANG, H.; KUMAR, T.V.; WANG, C. Phosphorus adsorption by functionalized biochar: a review. **Environmental Chemistry Letters**, v. 21, p. 497-524, 2023.

LIBRELON, S.S.; PÁDUA, P.F.; ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, E.A. Increasing the efficiency of recurrent selection for angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 751-758, 2020.

MARQUES, T.L. **Estratégias visando aumento na eficiência no programa de melhoramento de tabaco**. 2021. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2021.

MATOS, D.L. **Reação de genótipos de arroz de terras altas a *Meloidogyne javanica***. 2014. 50 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Mato Grosso, Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais, Sinop, 2014.

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

- MORAIS, O.P.; MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P.; CASTRO, A.P.; BRESEGHELLO, F.; UTUMI, M.M.; PEREIRA, J.A.; WRUCK, F.J.; COLOMBARI FILHO, J.M. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, p. 297-305, 2015.
- MORAIS JÚNIOR, O.P. **Variabilidade e progresso genético com seleção recorrente em arroz de terras altas**. 2013. 164 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Goiânia, 2013.
- MORAIS JÚNIOR, O.P. **Seleção recorrente genômica como estratégia para aceleração de ganhos genéticos em arroz**. 2016. 172 p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Goiânia, 2016.
- MORAIS JÚNIOR, O.P.; MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P.; COLOMBARI FILHO, J.M. Genetic variability during four cycles of recurrent selection in rice. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 11, 2017a
- MORAIS JÚNIOR, O.P.; BRESEGHELLO, F.; DUARTE, J.B.; MORAIS, O.P.; RANGEL, P.H.N.; COELHO, A.S.G. Effectiveness of Recurrent Selection in Irrigated Rice Breeding. **Crop Science**, v. 57, n. 6, p. 3043-3058, 2017b.
- MOURA, A.M.; BOTELHO, F.B.S.; TOMÉ, L.M.; RODRIGUES, C.S.; SILVA, C.S.C.; SILVA, M.P. Genetic progress in upland rice breeding program for grain yield and plant height, **Ciência e Agrotecnologia**, v. 45, 2021.
- PANG, Y.; CHEN, K.; WANG, X.; XU, J.; ALI, J.; LI, Z. Recurrent Selection breeding by dominant male sterility for multiple abiotic stresses tolerant rice cultivars. **Euphytica**, v. 213, n. 268, 2017.
- QIAN, Q.; GUO, L.; SMITH, S.M.; LI, J. Breeding high-yield superior quality hybrid super rice by rational design. **Natl Sci Ver**, v. 3, p. 283-294, 2016.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. p. 522.
- RAMALHO, M.A.P.; MARQUES, T.L.; LEMOS, R.C. Plant breeding in Brazil: Retrospective of the past 50 years. **Crop breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, p.e383021S3, 2021.
- RAMYA, P.; SINGH, G.P.; JAIN, N.; SINGH, P.K.; PANDEY, M.K.; SHARMA, K.; KUMAR, A.; HARIKRISHNA, K.V.P. Effect of recurrent selection on drought tolerance and related morpho-physiological traits in bread wheat. **PLoS ONE**, v. 11, n.6, p. e0156869, 2016.
- RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F. **Seleção recorrente em arroz irrigado no Brasil: guia prático**. Goiânia, EMBRAPA-CNPAP, 1995. 24 p.

- RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P.; ZIMMERMANN, F.J.P. Grain yield gains in three recurrent selection cycles in the CNA-IRAT 4 irrigated rice population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, p. 369-374, 2002.
- RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F. Selección recurrente aplicada al arroz de riego en Brasil. *In*: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). Selección recurrente en arroz. **CIAT**, n. 267, 2007. p. 79-97.
- SAITO, K.; HIDETOSHI A.; ZHAO, D.; LABORTE, A.G.; GRENIER, C. Progress in varietal improvement for increasing upland rice productivity in the tropics, **Plant Production Science**, v. 21, n. 3, p. 145-158, 2018.
- SINGH, R.J.; IKEHASHI, H.I. Monogenic male-sterility in rice: introduction, identification and inheritance. **Crop Science**, v. 21, n. 1, p. 286-289, 1981.
- SILVA, I.J.S.; PAIM, A.P.S.; SILVA, M.J. Composition and estimate of daily mineral intake from samples of Brazilian rice. **Microchemical Journal**, v. 137, p. 131- 138, 2018.
- SOARES, A.A.; SANTOS, P.G.; MORAIS, O.P. de; SOARES, P.C.; REIS, M. de S.; SOUSA, M.A. de. Progresso genético obtido pelo melhoramento do arroz de sequeiro em 21 anos de pesquisa em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 3, p. 415-424, 1999.
- SOARES, I.O.; BIANCHI, M.C.; BRUZI, A.T.; GESTEIRA, G.S.; SILVA, K.B.; GUILHERME, S.R.; CIANZIO, S.R. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progênies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 4, p. e28092046, 2020.
- SWAMY, H.K.M.; ANILA, M. KALE, R.; BHADANA, V.P.; ANANTHA, M.S.; BRADEJA, P.; HAJIRA, S.K.; BALACHIRANJEEVI, C.H.; PRASSANNA, B.L.; PRANATHI, K.; DILIP, T.; BHASKAR, S.; KUMAR, V.A., KOUSIK, M.B.V.N., HARIKA, G., SWAPNIL, K., REKHA, G., CHERALU, C.; SHANKAR, V.G.; REDDY, S.N.; KUMAR, S.; BALACHANDRAN, S.M.; MADHAV, S.; KUMAR, R.M.; SUNDARAM, R.M. Phenotypic and molecular characterization of rice germplasm lines and identification of novel source for low soil phosphorus tolerance in rice. **Euphytica**, v. 215, n. 118, p. 118-215, 2019.
- TOURRETTE, E.; BERNARDO, R.; FALQUE, M.; MARTIN, O.C. Assessing by modeling the consequences of increased recombination in genomic selection of *Oryza sativa* and *Brassica rapa*. **G3: GENES, GENOMES, GENETICS**, v. 9, n. 12, p. 4169-4181, 2019.
- USDA. United States Departmente of Agriculture. **Global Rice Trade Forecasts for 2023 and 2024 lowered based on export ban by Inia**. Report number RCS-23G, 2023.
- VELLO, N.A.; NAZATO, F.M. **Recurrent selection**. *In*: SILVA, F.L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W (Eds.) Soybean breeding: Springer, 2017. p. 171-191.
- VIDOTTI, M.S. **Seleção Recorrente na população CNA9 de arroz de terras altas para tolerância e responsividade ao fósforo**. 2015. 118 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Goiânia, 2015.

WANG, Y.P.; LAW, R.M.; PAK, B. A global model of carbon, nitrogen and phosphorus cycles for the terrestrial biosphere. **Biogeosciences**, v. 7, n. 7, p. 2261-2282, 2010.

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

ZARBAFI, S.S.; RABIEI, B.; EBADI, A.A.; HAM, J.H. Statistical analysis of phenotypic traits of rice (*Oryza sativa* L.) related to grain yield under neck blast disease. **J Plant Dis Protect**, v. 126, p. 293-306, 2019.

CAPÍTULO 2 GENETIC PROGRESS OF UPLAND RICE RECURRENT SELECTION POPULATION UNDER CONTRASTING SOIL PHOSPHORUS LEVELS

RESUMO

O cultivo de arroz em solos de terras altas do cerrado brasileiro enfrenta o desafio da baixa disponibilidade de fósforo (P), que limita a produtividade de grãos. O melhoramento genético para a tolerância do arroz a essa condição representa uma opção sustentável e de menor custo em comparação com a aplicação de fertilizantes fosfatados. O estudo visou estimar o progresso genético para produtividade de grãos (PG), altura de plantas (AP) e número de dias até o florescimento (DF) entre o ciclo de seleção recorrente da população CNA 9, realizados em diferentes níveis de P no solo. Os dados experimentais foram obtidos de experimentos com progênies $S_{0:2}$ dos ciclos três e quatro de seleção recorrente. Em cada ciclo foram realizados experimentos em condições de baixo e alto nível de P, em Santo Antônio de Goiás, GO, e em Sinop, MT. O ciclo três envolveu 189 progênies em um delineamento experimental de látice quadrado simples 14 x 14, enquanto o ciclo quatro foi composto por 137 progênies em um delineamento de látice quadrado simples 12 x 12, ambos com as mesmas sete testemunhas. Os resultados demonstraram um notável progresso genético para GY em solos com baixos e altos níveis de P, com as respectivas estimativas de ganhos genéticos anuais de 10.31% e 2.78% entre o terceiro e o quarto ciclo de seleção recorrente, refletindo a eficácia do critério de seleção voltado para esse caráter. Além disso, houve redução nas médias de PH e DF entre esses dois ciclos. Este estudo demonstrou êxito no progresso genético da população CNA 9 de arroz de terras altas em condições desafiadoras de P no solo, destacando a eficácia do método de seleção recorrente no aumento da média e na manutenção da variabilidade genética da população para alcançar ganhos genéticos contínuos.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L. Estresse abiótico. Deficiência de Fósforo. Modelo misto. Melhoramento de populações.

ABSTRACT

The rice production in most upland Brazilian Cerrado environments is faced with the challenge low natural levels of soil phosphorus (P), which limits grain yield. Rice breeding program for this kind of abiotic stress tolerance represents a sustainable and cost-effective option in comparison to fertilizer application. Thus, the present study aims to estimate the genetic progress of the CNA 9 population of upland rice for grain yield (GY), plant height (PH), and days to flowering (DH) between the cycle of recurrent selection. The experimental data were obtained from trials of $S_{0.2}$ progenies from third to fourth cycles of recurrent selection. In each cycle, trials were carried out under low and high soil P levels in two locations: Santo Antônio de Goiás, GO, and Sinop, MT. The third cycle were performed with 189 progenies in simple square lattice 14 x 14, while the fourth cycle with 137 progenies in simple square lattice 12 x 12, both with the same seven cultivar as checks. It was verified a significant improvement for GY in high and low soil P levels, with respective estimates of annual genetic gains of 10.31% and 2.78% between the third and fourth cycles of recurrent selection, indicating the effectiveness of the selection criteria for this trait. Furthermore, there has been a reduction in the means for PH and DF between these two cycles. Finally, this study demonstrated the success in the genetic progress of the CNA 9 upland rice population under challenging soil P conditions, focus on the effectiveness of the recurrent selection method in further to increase the mean, and to maintain the genetic variability of the population to achieve continuous genetic gains.

Keywords: *Oryza sativa* L. Abiotic stress. Phosphorus deficiency. Mixed model. Population breeding.

1 INTRODUCTION

The rice production in most upland Brazilian Cerrado environments is faced with low natural levels of soil phosphorus (P), which limits grain yield, since this nutrient plays a fundamental role in the ATP synthesis (adenosine triphosphate), that is the main source of energy for the growth of the above ground and root systems of plants, as well as other processes related to energy metabolism (SWAMY *et al.*, 2019).

The low availability of phosphate to plants is not only due to the low levels of the nutrient in the soil, but also because of its adsorption by iron and aluminum oxides, associated with the acidic conditions of these soils (LUO *et al.*, 2023). This makes the strategy for applying phosphate fertilizers to increase the P concentration in the soil to be costly and inefficient. Also, it depends on the scarce and finite global reserves of phosphate rocks (WANG; LAW; PAK, 2010).

To this end, upland rice plant breeding for tolerance on soil with low P availability is a more sustainable and cost-effective option for farmers. The tolerance to a most abiotic stresses in rice is controlled by some major effect QTLs (Quantitative Trait Loci) (NAVEA *et al.*, 2023), being Phosphorus Uptake 1 (Pup 1) the most important due its effect in the root morphology and the increase in P absorption efficiency (NI *et al.*, 1998; WISSUWA *et al.*, 1998; WISSUWA, Ae, 2001; WISSUWA *et al.*, 2002; GAMUYAO *et al.*, 2012; SWAMY *et al.*, 2019).

Considering the quantitative inheritance of this tolerance, the use of the recurrent selection (RS) method is a strategy that allows for continuous genetic gains. This is because it enables the acquisition of greater genetic variability and effective population size in segregating populations through the use of multiple parents in crosses, as well as greater ease to incorporate exotic germplasm. Furthermore, the continuous recombination of superior progenies (non-inbred parents) efficiently increases the frequency of favorable alleles and gene combinations, breakage of gene blocks and increasing genetic variability. In contrast, the use of successive self-pollinations from F₂ generations by two-way, three-way or double-way crossings results in limited recombination, making it difficult to select favorable combinations, as they occur at low frequencies, depending on the sample size and the number of genes involved in the genetic inheritance of the trait (GERALDI, 1997; HALLAUER *et al.*, 2010; MORAIS JUNIOR *et al.*, 2017).

An important parameter to assess the success of a breeding program is the monitoring of its genetic progress (STRECK *et al.*, 2018). Several works have shown the efficiency of using recurrent selection (RS) in lowland rice (RANGEL *et al.*, 2002; RANGEL *et al.*, 2007; MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017); and in other species such as beans (RAMALHO *et al.*, 2021), soybeans (SOARES *et al.*, 2020), and wheat (AISAWI *et al.*, 2015). In upland rice, there are few reported studies (BRESEGUELLO *et al.*, 2011; MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2015). The Brazilian Agricultural Research Corporation (Embrapa) applied RS for the improvement of an upland rice population, denominated as CNA 9, for tolerance to low levels of soil phosphorus.

Given the above, the aim of this study was to estimate the genetic progress for grain yield (GY), plant height (PH), and days to flowering (DF) observed from the 3th to 4th RS's cycle, conducted under contrasting soil phosphorus levels.

2 MATERIAL AND METHODS

2.1 Genetic background

The experimental data used were from trials of upland rice conducted by Embrapa and collaborators with CNA 9 recurrent selection population (TABLE 1). This population was synthesized by the Embrapa's rice breeding program in 1992/93, at Embrapa Arroz e Feijão, through the incorporating of alleles from 22 genitors previously characterized as sources of blast resistance (*Magnaporthe grisea*) and tolerance to low soil phosphorus (P) levels, with a certain percentage of the IAC 25 and IAC 47 cultivars in its genetic background, carrying the QTL *Pup 1* (CHIN *et al.*, 2010; CHIN *et al.*, 2011). The CNA-IRAT 5 had the highest percentage of participation in the CNA9 synthesis. This population originates from a partnership between Embrapa Arroz e Feijão and CIRAD (Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement) in France. It was synthesized in 1984 through the intercrossing 26 lines of the *japonica* subspecies and an *indica* line derived from a mutation of IR 36, obtained by Singh and Ikehashi (1981), which carries the recessive gene that conditions the expression of genetic male sterility, a trait that has been used in intrapopulation recurrent selection in rice as a tool for population recombination (FUJIMAKI, 1979).

Initially, the CNA 9 population was subjected to two successive cycles of mass selection in the S₀ generation, followed by recombination using genetic male sterility in a greenhouse setting (FUJIMAKI, 1979). These two cycles occurred in the crop years 1993/94 and 1994/95, aiming to standardize the maturation cycle and eliminating genotypes with low phenotypic acceptance, primarily due to very high plant height. After the population recombination in 1995, the S₀ seeds from the male-sterile plants (1/3 of the plants with the *msms* genotype) were preserved under controlled conditions, obtaining the CNA 9/2/1 population, where "2" refers to the second selection cycle, and "1" denotes the single recombination after the last selection cycle.

Table 1 - Composition of the CNA 9 population of recurrent selection synthesized by Embrapa Arroz e Feijão.

Parents	Genetic backgrounds	Participations (%)
CNA 4164	IAC 47/IRAT 13	0.70
CNA 4166	IAC 25/63-83	0.31
CNA 4180	IAC 47/IRAT 13	0.70
IRAT 237	RS 25/IAC 25	2.00
IR 5516-18-1	-	2.80
CNA 5164	IAC 25/63-83	0.31
CNA 5165	IAC 25/63-83	0.31
CNA 5166	IAC 25/63-83	0.31
L 80-67	Lines from IAPAR	2.80
CNAx 511-16-B-5	IAC 47/IRAT 13	0.70
CNAx 093-BM 30-BM 29 P-2	IAC 25/63-83	0.31
CNAx 095-BM 30-BM 9-4	IAC 25/63-83	0.31
IR 3646-8-1-2	-	2.80
CNAx 095-BM 30-BMP-28	IAC 25/63-83	0.31
CNA 4136	IAC 25/63-83	0.31
IRAT 144	IRAT 13/IRAT 10	2.80
Cuiabana	IAC 47/SR 2041-50-1	2.80
Fernandes	Traditional cultivar from Brazil	2.80
CNA 4122	IAC 25/63-83	0.31
Rio Paraguaí	IAC 47/63-83	0.73
IAC 25 [†]	IAC 1246/Dourado Precoce	5.60
IRAT 112 R [‡]	IRAT 13/Dourado Precoce	5.60
CNA-IRAT 5/2/1	Population	64.38

[†] Mix of blast resistant lines (*Magnaporthe grisea*), with genes from the lines BG90-2, Três Marias, Pusur, Dawn, Basmati 370, H-5, Colombia 1 and Ramtulasi; and [‡] Mix of blast resistant lines (*Magnaporthe grisea*), with genes from the lines T-23, CTG 1516, C 46-15, Carreon and Tetep.

Fonte: Da autora (2023).

This population remained without any selection activities during eleven years until 2006/07, when it started to be used again by Embrapa's rice breeding program, aiming to achieve gains in grain yield and tolerance to low soil phosphorus levels. Since then, the population was advanced through two selection cycles to reach the fourth cycle, this one is being used in the present study, with the designation CNA 9/4/1. In each selection cycle, the population went through the following steps, as shown in Figure 1 and Table 2: (1st year) a nursery for selecting individual plants in the S₀ generation from the bulk of seeds stratified by male-sterile plants (*msms* genotype) selected in the previous recombination step; (2nd year) storage of some S_{0:1} seeds from the selected plants as recombination units and an observation trial in a one location for selection among S_{0:1} progenies and bulk advancement; (3rd year) Field trials with repetitions and multiple locations for evaluation and selection among S_{0:2} progenies; and (off-season) field recombination of the selected progenies using genetic male sterility present in the S_{0:1} seeds. Selection of individual S₀ plants was based on phenotypic acceptance, aiming for the modern plant architecture resulting from a favorable combination of plant height, stem thickness, stay green, lodging tolerance, absence of susceptibility to major crop diseases,

and presence of long and slender grains. Selection among $S_{0:1}$ progenies focused on traits with higher heritability, for example, plant height, days to flowering, lodging tolerance, disease resistance (mainly blast, *Magnaporthe grisea*), and grain quality. Meanwhile, selection among $S_{0:2}$ progenies, through field trials with repetitions and multiple locations, prioritized selection for grain yield and tolerance to low soil phosphorus levels.

Figure 1 - Scheme of the steps that involve each cycle of the recurrent selection of the CNA 9 population, carried out by Embrapa Arroz e Feijão.

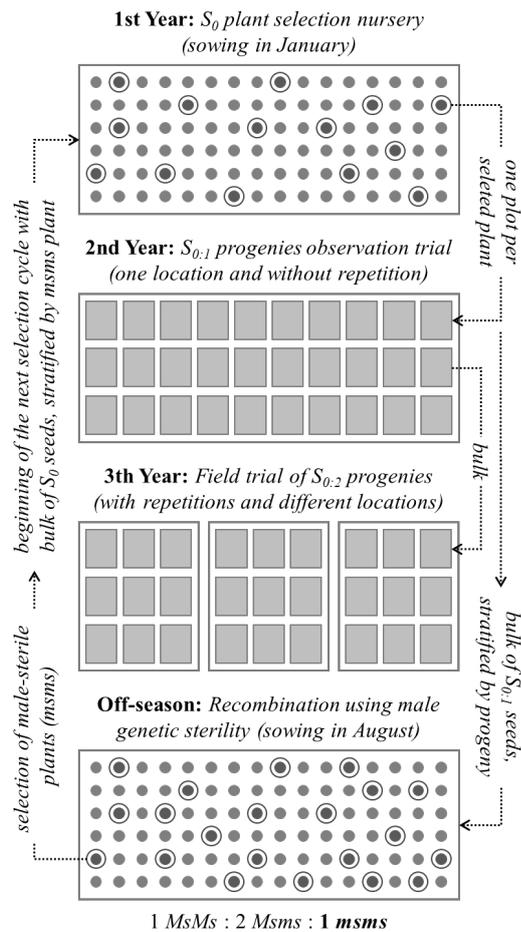


Table 2 - Schedule of activities carried out with the CNA 9 population of recurring selection since its synthesis.

Crop years	Populations/Cycles	Activities †
1992/93	CNA 9	Population synthesis
1993/94	CNA 9 - CNA 9/1/1	S ₀ -Rec
1994/95	CNA 9/1/1 - CNA 9/2/1	S ₀ -Rec
⋮	⋮	⋮
2006/07	CNA 9/2/1	S ₀
2007/08	...	S _{0:1}
2008/09	...	S _{0:2}
2009/10	CNA 9/3/1	Rec
2010/11	...	S ₀ -S _{0:1}
2011/12	...	S _{0:2} *
2012/13	CNA 9/4/1	Rec
2013/14	...	S ₀
2014/15	...	S _{0:1}
2015/16	...	S _{0:2} *

† S₀-Rec: S₀ field plant selection in November and recombination in the greenhouse in May with S_{0:1} seeds in Santo Antônio de Goiás, GO (SAG); S₀: Field S₀ plant selection in SAG; S_{0:1}: Selection among S_{0:1} progenies in the field for phenotypic acceptance in SAG and in the laboratory for industrial and culinary grain quality; S_{0:2}: Selection among S_{0:2} progenies with grain yield evaluation at multiple locations; Rec: Field recombination with S_{0:1} seeds; S₀-S_{0:1}: S₀ field plant selection in SAG in November, followed by advancement and selection among S_{0:1} progenies in the field in August for phenotypic acceptance and grain yield in Porangatu, GO; and S_{0:2}*: Selection among S_{0:2} progenies with evaluation at different locations for grain yield and tolerance to low soil phosphorus levels.

Fonte: Da autora (2023).

2.2 Characterization of phenotyping sites for high and low soil phosphorus levels

The phenotyping sites for tolerance trials to low levels of P in soil assays were in two locations: Santo Antônio de Goiás (SAG), GO, in the experimental area of Embrapa Arroz e Feijão, and Sinop (SIN), MT, in the experimental area of the Empresa Matogrossense de Pesquisa Assistência e Extensão Rural. Both areas had known history of no phosphate fertilization and were characterized for their physical (particle size analysis) and chemical attributes related to fertility (TABLE 3): pH in CaCl₂; exchangeable Ca, Mg, and K; available P; H+Al, exchangeable Al; organic C, and total N. Soil sampling was carried out in the 0-20 cm depth layer, using a 10 x 10 m grid to compose composite samples.

Table 3 - Results of chemical and physical analyzes of the soil at each location.

Locations	Latitudes	Longitudes	Ca	Mg	Al ³⁺	H+Al	K	P	Organic matter g dm ⁻³	pH CaCl ₂	Clay content g kg ⁻¹
			cmol _c dm ⁻³					mg dm ⁻³			
SAG	16°40'48" S	49°15'18" W	1.08	0.50	0.29	2.29	0.14	0.97	16.8	4.59	630
SIN	11°52'23" S	55°29'53" W	2.90	0.70	0.00	5.10	0.13	2.50	35.0	5.20	320

SAG: Santo Antônio de Goiás, GO; and SIN: Sinop, MT.

Fonte: Da autora (2023).

Conforming to the results about the soil chemical and physical analysis, two sites with contrasting soil phosphorus availability were created at each location: low level and recommended (high) level, according to the interpretation soil tests for Brazilian Cerrado conditions (SOUZA; LOBATO, 2004). Therefore, except for phosphate application and genotypes, the management of the trials was the same between the contrasting sites in the same location, following technical recommendations for the crop. They received the same liming treatments, fertilization with other nutrients, and pest and disease control, mainly for blast disease.

In Santo Antônio de Goiás (SAG), GO, 500 kg ha⁻¹ of agricultural gypsum were applied across the entire area, and corrective phosphorus (P) fertilization was carried out based on the clay content, following the method described by Souza and Lobato (2004). For a 63% clay content, the low P content was corrected with the equivalent of 80 kg ha⁻¹ of P₂O₅ (approximately 180 kg ha⁻¹ of triple superphosphate) to raise the soil content to 4.5 ppm, and the high content was corrected with the equivalent of 445 kg ha⁻¹ of P₂O₅ (approximately 990 kg ha⁻¹ of triple superphosphate) to raise the soil content to 20.5 ppm, across the entire area, and subsequently incorporated. Other nutrients (N, K, S, and Zn) were provided without discrimination in quantities calculated based on the soil analysis for the proper development of rice (EMBRAPA, 1997). The fertilization in sowing was carried out with a mixture of 105 kg ha⁻¹ of potassium chloride (approximately 63 kg ha⁻¹ of K₂O), 120 kg ha⁻¹ of ammonium sulfate (approximately 24 kg ha⁻¹ of N), and 15 kg ha⁻¹ of zinc sulfate (approximately 10 kg ha⁻¹ of Zn), totaling 240 kg ha⁻¹ of this mixture. The remaining of nitrogen (N) was applied as topdressing, with 250 kg ha⁻¹ of ammonium sulfate (about 50 kg ha⁻¹ of N) at the beginning of tillering (growth stage V₄-V₅) and 90 kg ha⁻¹ of urea (about 40 kg ha⁻¹ of N), and when panicle branches have formed (growth stage R₁) (COUNCE *et al.*, 2000).

In Sinop (SIN), MT, with a clay content of 32%, the low P content was corrected with the equivalent of 45 kg ha⁻¹ of P₂O₅ (approximately 100 kg ha⁻¹ of triple superphosphate) to raise the soil content to 7 ppm, and the high content was corrected with the equivalent of 205 kg ha⁻¹ of P₂O₅ (approximately 450 kg ha⁻¹ of triple superphosphate) to raise the soil content to 23 ppm, across the entire area, and subsequently incorporated. Other nutrients (N, K, S, and Zn) were provided without discrimination for the proper development of rice (EMBRAPA, 1997). Fertilization at sowing was carried out with a mixture of 100 kg ha⁻¹ of potassium chloride (approximately 60 kg ha⁻¹ of K₂O), 120 kg ha⁻¹ of ammonium sulfate (approximately 24 kg ha⁻¹ of N), and 4 kg ha⁻¹ of zinc sulfate (approximately 2.7 kg ha⁻¹ of Zn), totaling 224 kg

ha⁻¹ of this mixture. The remaining nitrogen (N) was applied as topdressing, with 200 kg ha⁻¹ of ammonium sulfate (about 40 kg ha⁻¹ of N) at the beginning of tillering (growth stage V₄-V₅) and 90 kg ha⁻¹ of urea (about 40 kg ha⁻¹ of N) and when panicle branches have formed (growth stage R₁) (COUNCE *et al.*, 2000).

2.3 Experimental data

Seven checks cultivars (BRS Bonança, BRS Esmeralda, BRS Pepita, BRS Primavera, BRS Sertaneja, BRS Monarca, and BRSGO Serra Dourada), 189 S_{0.2} progenies from CNA 9/3/1 (2011/12 crop year) and 137 S_{0.2} progenies from CNA 9/4/1 (2015/16 crop year) were evaluated in the two locations with contrasting sites of soil P availability (high and low) (TABLES 3 and 4). In 2011/12 crop year, the experimental design adopted was a simple square lattice 14 x 14 within the locations, because of the genotype x location interaction analysis was not the aim in this present study. In 2015/16 crop year, the experimental design adopted was a simple square lattice 12 x 12 within the locations.

Table 4 - Environments (location and crop year), number of checks and S_{0.2} progenies of the CNA 9 population of each recurrent selection cycle, that composed the trials at low and high levels of phosphorus in the soil.

Descriptions	Phosphorus level in the soil							
	Low				High			
	E1	E2	E3	E4	E1	E2	E3	E4
Environment (E)	E1	E2	E3	E4	E1	E2	E3	E4
Location	SAG	SAG	SIN	SIN	SAG	SAG	SIN	SIN
Crop year	2011/12	2015/16	2011/12	2015/16	2011/12	2015/16	2011/12	2015/16
Progenies of the third cycle	189	-	189	-	189	-	189	-
Progenies of the fourth cycle	-	137	-	137	-	137	-	137
Checks	7	7	7	7	7	7	7	7

SAG: Santo Antônio de Goiás, GO; and SIN: Sinop, MT.

Fonte: Da autora (2023).

Plots were composed of four rows, which were 5 m long and had a density of 60 seeds m⁻¹, but for measurement of grain yield, only the two central rows were harvested, discarding 0.5 m along each border (useful field plot size). The following traits were evaluated: (a) Grain yield (GY; kg ha⁻¹): Grain weight from the usable plot plant after harvesting and drying to 13% moisture, converted to kg ha⁻¹; (b) Plant height (PH; cm): Average of the height of three plot plants measured from the ground to the highest end of the panicle; and (c) Days to flowering (DF; days): number of days from sowing to flowering, when the plot presents approximately

50% of plants with panicles. The sowing of the trials was carried during the period of greatest rainfall, between the months of November and December.

2.4 Statistical analysis

2.4.1 Obtaining the BLUE (best linear unbiased estimator) for types within the P soil level

For the three traits GY, PH, and DF, the data were performed using the *proc mixed* procedure of the SAS® 9.4 statistical software (SAS INSTITUTE, 2013), following the mixed model below: $y_{ijklmn} = \mu + s_m + a_{l/m} + r_{j/lm} + b_{k/jlm} + t_n + g_{i/n} + ts_{nl} + gs_{il} + \varepsilon_{ijklmn}$, in which y_{ijklmn} is the observation of genotype i (progeny or check) belonging to type n , in repetition j , in block k , in environment l , and at P level m .; μ is the constant inherent to all observations; s_m is the fixed effect of P level m ($M = 2$); $a_{l/m}$ is the random effect of environment l ($L = 4$, with two locations and two crop years), within P level m , assuming $a_{l/m} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_a^2)$; $r_{j/lm}$ is the random effect of repetition j ($J = 2$), within environment l and P level m , assuming $r_{j/lm} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_r^2)$; $b_{k/jlm}$ is the random effect of block k ($k = 1, 2, \dots, K$, within j repetition, environment l , and P level m , assuming $b_{k/jlm} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_b^2)$); t_n is the fixed effect of type n ($N = 3$, with two groups of S_{0.2} progenies from each selection cycle and one group of checks); $g_{i/n}$ is the random effect of genotype i within type n ($i = 1, 2, \dots, I$, where $I = P + C$, with P as the number of S_{0.2} progenies and C as the number of checks), assuming $g_i \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_g^2)$; ts_{nm} is the fixed effect of the interaction between type and P level; gs_{im} is the random effect of the interaction between genotype and P level, assuming $gs_{im} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_{gs}^2)$; ε_{ijklmn} is the average experimental error associated with the observation Y_{ijklmn} , considered as independent and identically distributed, following $N \cap (0, \sigma^2)$.

2.4.2 Selection S_{0.2} progenies from the third cycle to enhance tolerance to low soil P levels

The best S_{0.2} progenies from CNA 9/3/1 with higher tolerance to low soil P levels were selected for the recombination and synthesis of the CNA 9/4/1 population. To achieve this, it was used the GY data obtained from trials conducted in sites with high and low soil P availability at two locations during the 2011/12 crop year (TABLE 4).

A graphical analysis was performed using the BLUPs of genotypes in the two P levels. On the x-axis, estimates from the high-P site were plotted, while estimates from the low-P site were plotted on the y-axis. In this way, the cartesian plane was shared into four quadrants by the means of each P condition. Consequently, genotypes could be classified as follows: inefficient and unresponsive (produced below the mean in both P levels); efficient and unresponsive (produced above the mean in the low-P condition and below the mean in the high-P condition); inefficient and responsive (below the mean in the low-P condition and above the mean in the high-P condition); and efficient and responsive (produced above the mean in both P conditions).

In spite of the graphical distribution allows for the selection of efficient and responsive progenies to soil P, it does not provide guidance for choosing the best progenies when there is a need to select a smaller or larger number of it. For this purpose, the Harmonic Mean of Relative Performance (*HMRP*) was used, obtained through the equations (RESENDE, 2007):

$$HMRP_i = \frac{l}{\sum_{j=1}^k \frac{1}{PR_{ij}}}$$

in which l is the number of environments ($l = 2$); and PR_{ij} it is the estimates of the relative performance (PR_{ij}) of each genotype i in each environment j , derived from the $PR_{ij} = \frac{\bar{X}_{ij}}{\bar{X}_{.j}}$, where \bar{X}_{ij} is the mean of genotype i in environment j and $\bar{X}_{.j}$ corresponds to the general mean of genotypes in the environment j .

Therefore, the use of $HMRP_i$ as an index encompasses, in a single measure, not only the information regarding tolerance to low soil P levels but also the response to P usage. In other words, this index allows the selection of $S_{0.2}$ progenies that present the best relative performance considering both P levels, penalized by the harmonic mean for greater deviation in performance between the P levels.

It is worth noting that there are several definitions for the terms adaptability and stability, but the ones most widely accepted and considered in this discussion are those defined by Mariotti *et al.* (1976) as they better represent these concepts in the agricultural context. These authors suggested that adaptability refers to the ability of different genotypes to respond favorably to improvements in different environments. Stability, on the other hand, refers to the ability of genotypes to exhibit highly predictable performances in response to environmental variations. In other words, a genotype is considered stable when its performance shows little variability when evaluated under different environmental conditions.

2.5 Genetic progress

The annual average genetic gains observed between the third and fourth cycles for the traits GY, AP, and DF, within each soil P level, was estimated by calculating the ratio between the estimated angular regression coefficient (\hat{b}) and the BLUEs of the type effect of the progenies group from the third cycle (\hat{Y}_0), expressed as a percentage according to the equation:

$$G\% = \left(\frac{\hat{b}}{\hat{Y}_0} \right) 100. \quad (1)$$

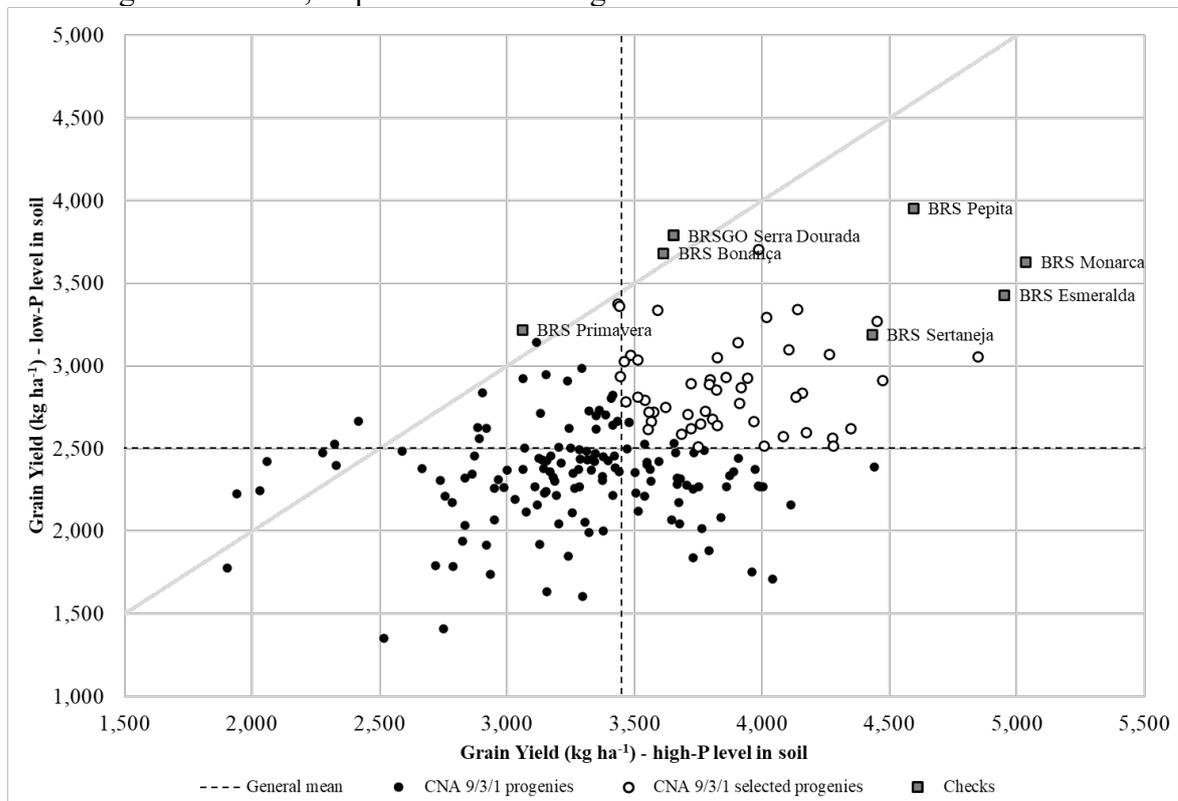
For the generalized linear regression, the BLUEs of the type effects of the progenies groups from the third (\hat{Y}_0) and fourth (\hat{Y}_4) cycles were considered as "year zero" and "year four," respectively (TABLE 4). The distribution of BLUPs for the progenies from each selection cycle was analyzed using boxplot-type graphs.

3 RESULTS AND DISCUSSIONS

3.1 Selection of $S_{0:2}$ progenies from the third cycle to increase the tolerance to low soil P levels

It was observed that the applied abiotic stress had a significant impact, reducing GY by 27.36%. The results demonstrated a relative change in the performance of the same genotype when submitted to different soil P levels (high and low), indicating differences among the genotypes regarding its nutrient absorption and utilization capacity. This was evident from the Pearson and Spearman correlations between high and low soil P levels for GY, which were 0.43 and 0.38 (both with $p < 0.0001$), respectively. Thus, efficient and responsive progenies could only be identified when tested in sites with contrasting in soil P levels due to the presence of genotype x soil P level interaction (FIGURE 2 and TABLE 5), as also reported by Fageria (2013) for grain yield in upland rice.

Figure 2 - Scatterplot of BLUPs means of $S_{0:2}$ progenies from the CNA 9/3/1 population and checks for grain yield (GY, kg ha^{-1}) under contrasting soil P levels (high and low), general means, as presented in the legend.



Fonte: Da autora (2023).

As expected, the rice crop response to high soil P level was significant (positive Pearson correlation), has shown higher grain yield (GY) (FIGURE 2). However, only a few genotypes exhibited higher GY under stress conditions compared to the high-P condition. One possible explanation is that the low soil P level may increase aluminum tolerance in rice through the physiochemical alteration of root plasma membrane (MAEJIMA *et al.*, 2014). In this way, the low level of P may have allowed it to express its potential to tolerate aluminum. This abiotic stress is the one of the most limiting factors for the GY trait in upland rice in the Brazilian Cerrado soils, along with low P levels (PINHEIRO *et al.*, 2006). Another possibility and more likely explanation would be the sensitivity of some rice genotypes to high base saturation conditions (high soil P levels), leading to toxicity and consequently, reduced grain yield.

The checks BRSGO Serra Dourada and BRS Bonança were among the few genotypes with greater GY stability considering both soil P levels. In the case of the first one, this performance was expected because it was developed under unfavorable growing conditions (MELO *et al.*, 2010). Furthermore, based on its position in the scatterplot, BRSGO Serra Dourada ranked second in terms of grain yield in the low P condition, accentuating the good performance in environments with this abiotic stress, even though it did not show high responsiveness to the presence of P in the soil. The position of the other checks in the graph highlights the strategy of Embrapa's breeding program to conduct the selection in environments with favorable soil and climatic conditions. Generally, since they were exclusively selected in high-P conditions, when grown in environments with a limitation of this macronutrient, they do not maintain its grain yield, resulting in lower stability.

The progenies presented a relatively homogeneous distribution in the four quadrants of the graph. This demonstrates that the CNA 9/3/1 population has genetic variance for efficiency and response to soil P, allowing for gains through selection in these two objectives. This differential performance among the progenies also demonstrates the possibility of combining individuals with the aim of synthesizing specific populations for each soil P condition. However, some progenies are highly inefficient and unresponsive, which contributes to the low general mean, indicating the presence of unfavorable alleles that have not yet been eliminated with the few cycles of recurrent selection conducted in this population.

The BLUPs of progenies were lower in comparison with the checks BRS Monarca, BRS Pepita, and BRS Esmeralda (FIGURE 2). This is due to the fact that the CNA 9 population has been genetically improved for these objectives to a limited extent, with only few selection cycles. Additionally, it is necessary to consider the presence of genetic male sterility gene,

segregating within its progenies, which leads to a reduction in GY due to the occurrence of unfertilized spikelets (RANGEL *et al.*, 2002). However, caution should be exercised when stating that the checks are more efficient and responsive, especially when indicating it as tolerant to low P levels. As mentioned earlier, these are cultivars with high grain yield potential compared to the population, which has undergone limited genetic improved.

According to Ceccarelli *et al.* (1992), studies about performance in contrasting environments, comparing high-grain yielding cultivars with poorly improved genotypes is not appropriate. Each reference genotype type is a key factor in interpreting its performance in high or low-grain yield environments. For this reason, elite genotypes should be considered as tolerant to a specific stress only when compared to others belonging to the same group. According to the authors, in the first type of comparison mentioned, only differences related to the grain yield effects can be observed, providing no information on how this gain can be directly selected under stressful conditions.

It is worth noting that the check BRS Primavera was classified as efficient and unresponsive, unlike the other checks. This may be due to the fact that this cultivar is older, and over the years, genetic progress has been observed for the GY trait, associated with increased adaptability and stability in Embrapa's upland rice breeding program (COLOMBARI FILHO *et al.*, 2013). However, according to the studies by Cancellier *et al.* (2010) and Tonello *et al.* (2012), this check was considered, respectively, efficient and responsive; and efficient and unresponsive. Possibly, this discrepancy in results may be associated with the group of cultivars where BRS Primavera was compared. In the present study, this cultivar did not exhibit higher grain yields compared to the mean of the other genotypes in the high P level.

The scatterplot should be used with caution to classify genotypes as efficient and responsive, as contrasting results have been observed in the literature. In the study conducted by Rotili *et al.* (2010), the upland rice cultivars BRS Bonança, BRS Caiapó, BRS Sertaneja, BRSMG Curinga, BRSMG Conai, and BRS Primavera were tested with doses of 20 and 120 kg ha⁻¹ of P₂O₅, identifying the BRS Bonança cultivar as efficient and responsive. In another study, with the upland rice cultivars BRS Primavera, BRSMG Conai, BRS Sertaneja, BRS Bonança, BRS Aroma, BRS Pepita, BRSGO Serra Dourada, Bolinha, Japonês, and BRS Monarca, at contrasting levels of P, BRS Primavera and Bolinha were considered efficient and responsive (TONELLO *et al.*, 2012). As the mean of low and high P is used to separate genotypes into four groups, the classification obtained through graphic dispersion may be

different, given the mean can change depending on the performance of the genotype group and the differences in environmental study conditions.

Building the achievements on the results in this study, 55 $S_{0.2}$ progenies (29.10%, upper-right quadrant of Figure 2 and Table 4) were classified as efficient and responsive, along with the cultivars BRSGO Serra Dourada, BRS Bonança, BRS Pepita, BRS Monarca, BRS Esmeralda, and BRS Sertaneja. This group demonstrates the available genetic potential to develop genotypes that maintain a certain level of productivity under low P conditions while also increasing grain yield in response to the application of this macronutrient.

Although the graphical distribution allowed for the identification of the 55 progenies that are efficient and responsive to soil P, it does not provide sufficient information for the selection of the best genotypes within this group, because of this, the estimates of the Harmonic Mean of Relative Performance (*HMRP*) allowed for the selection of the top 50 $S_{0.2}$ progenies (TABLE 4), which were then recombined using $S_{0.1}$ seeds (25% of *msms* genotypes) to obtain the CNA 9/4/1 population, as shown in Figure 1 and Table 2. This underscores the importance of choosing the selection criteria to correctly identify superior genotypes when there is a genotype-environment interaction. In this context, the *HMRP* method stands out for its ability to integrate GY, efficiency (low level), and response (high level) to the presence of P in the soil into a single estimate (RESENDE, 2007).

Table 4 - BLUP means for grain yield (GY, kg ha⁻¹) under low and high soil P conditions, and Harmonic Mean of Relative Performance (*HMRP*). The 55 S_{0.2} progenies classified as P-tolerant and responsive based on scatterplot, and the checks.

Rank	Genotypes	BLUP		<i>HMRP</i>	Rank	Genotypes	BLUP		<i>HMRP</i>
		Low-P	High-P				Low-P	High-P	
1	BRS Monarca	3.627	5.036	1.45	31	CNA9/3/1-149-5	2.594	4.175	1.12
2	BRS Pepita	3.951	4.596	1.44	32	CNA9/3/1-162-4	2.893	3.722	1.12
3	BRS Esmeralda	3.428	4.951	1.40	33	CNA9/3/1-62-3	2.514	4.281	1.11
4	CNA9/3/1-88-2	3.053	4.846	1.31	34	CNA9/3/1-158-4	3.062	3.486	1.11
5	CNA9/3/1-32-5	3.269	4.453	1.30	35	CNA9/3/1-89-4	3.034	3.512	1.11
6	CNA9/3/1-94-4	3.704	3.987	1.30	36	CNA9/3/1-93-4	2.662	3.969	1.10
7	BRS Sertaneja	3.190	4.432	1.28	37	CNA9/3/1-91-2	2.572	4.085	1.10
8	CNA9/3/1-62-4	3.342	4.138	1.26	38	CNA9/3/1-90-2	3.024	3.461	1.10
9	BRSGO Serra Dourada	3.789	3.655	1.25	39	CNA9/3/1-161-4	2.724	3.779	1.09
10	CNA9/3/1-54-5	3.295	4.019	1.24	40	CNA9/3/1-102-1	2.677	3.807	1.09
11	CNA9/3/1-149-3	3.069	4.264	1.23	41	CNA9/3/1-63-1	2.641	3.823	1.08
12	CNA9/3/1-163-5	2.913	4.472	1.23	42	CNA9/3/1-11-2	2.936	3.444	1.08
13	BRS Bonança	3.682	3.613	1.22	43	CNA9/3/1-91-3	2.706	3.710	1.08
14	CNA9/3/1-54-4	3.096	4.105	1.21	44	CNA9/3/1-100-1	2.517	4.010	1.08
15	CNA9/3/1-40-5	3.142	3.906	1.19	45	CNA9/3/1-1-4	2.651	3.760	1.07
16	CNA9/3/1-117-5	3.338	3.591	1.17	46	CNA9/3/1-88-5	2.749	3.622	1.07
17	CNA9/3/1-32-1	2.835	4.158	1.17	47	CNA9/3/1-146-3	2.793	3.540	1.07
18	CNA9/3/1-58-3	3.047	3.825	1.16	48	CNA9/3/1-127-5	2.808	3.512	1.07
19	CNA9/3/1-63-5	2.811	4.134	1.16	49	CNA9/3/1-81-5	2.620	3.721	1.06
20	CNA9/3/1-62-5	2.928	3.944	1.16	50	CNA9/3/1-76-2	2.722	3.576	1.06
21	CNA9/3/1-153-3	3.372	3.436	1.15	51	CNA9/3/1-114-5	2.722	3.557	1.06
22	CNA9/3/1-82-4	3.361	3.440	1.14	52	CNA9/3/1-157-4	2.782	3.467	1.06
23	CNA9/3/1-163-4	2.930	3.858	1.14	53	CNA9/3/1-8-4	2.588	3.685	1.05
24	CNA9/3/1-50-2	2.620	4.347	1.14	54	CNA9/3/1-117-3	2.664	3.566	1.05
25	CNA9/3/1-128-2	2.869	3.918	1.14	55	CNA9/3/1-142-2	2.510	3.749	1.04
26	CNA9/3/1-136-1	2.914	3.797	1.13	56	CNA9/3/1-132-5	2.617	3.555	1.04
27	CNA9/3/1-93-3	2.888	3.793	1.13	57	CNA9/3/1-117-2	2.528	3.656	1.03
28	CNA9/3/1-117-1	2.855	3.822	1.12	58	CNA9/3/1-11-5	2.658	3.477	1.03
29	CNA9/3/1-127-2	2.563	4.277	1.12	59	CNA9/3/1-40-1	2.662	3.435	1.03
30	CNA9/3/1-40-3	2.772	3.913	1.12	60	CNA9/3/1-42-3	2.526	3.540	1.02
-	-	-	-	-	61	CNA9/3/1-96-5	2.497	3.472	1.00

Fonte: Da autora (2023).

3.2 Genetic Progress

The results about the estimates of parameters from generalized linear regressions, obtained with the BLUEs of type (TABLE 5), revealed an annual gain of 186.82 kg ha⁻¹ for GY under low soil P conditions. This is representing a significant progress of 10.31% per year between the third and fourth cycles of recurrent selection. As the selection was more focused on GY, the annual gain achieved with this trait came with favorable alleles for maintenance of population CNA 9 population, and consequently, there were also annual gains for PH (85 to 110 cm; -0.347 cm year⁻¹; -0.36% per year) and for DF (early maturation cycle, -0.596 days year⁻¹; -0.69% per year) between these selection cycles (FONSECA; CASTRO; MORAES, 2004). For high soil P conditions, the average annual gain for GY was lower, at 83.09 kg ha⁻¹

(2.78% per year), also with a favorable maintenance of population contributed with the means for PH (-0.727 cm year⁻¹; -0.70% per year) and DF (-0.373 days year⁻¹; -0.45% per year).

The high *G%* values observed for GY, especially under low soil P conditions, can be explained by the fact that the CNA 9 population has been genetically improved to a lesser extent for tolerance to this abiotic stress. It is expected that the frequencies of favorable allele genes will increase more significantly in the early cycles of recurrent selection (GERALDI, 1997). In addition, there may have been effective phenotypic selection of progenies in the third cycle with the presence of the QTL *Pup1*, which is in the genetic background of the CNA 9 population (TABLE 1) from the IAC 25 and IAC 47 sources.

This QTL alone accounts for approximately 80% of the phenotypic variability in traits correlated with phosphorus absorption in rice (WISSUWA *et al.*, 2002), as well as promoting root growth and enhancing plant stability under water stress conditions (CHIN *et al.*, 2011). Since phosphorus uptake by plants occurs primarily through diffusion, unlike other macronutrients, root systems with long and highly branched roots, especially in the shallow soil layer where phosphorus is more concentrated, are considered beneficial for ensuring stability in productivity under low phosphorus conditions (KAKANOVA *et al.*, 2006; VINOD; HEUER, 2012).

Thus, in response to low soil phosphorus levels, many plant species exhibit root growth induction. However, under conditions of phosphorus scarcity, rice plant development is delayed, and some phosphorus deficiency symptoms may appear, compromising plant growth and grain yield (VINOD; HEUER, 2012). When the soil conditions had low phosphorus levels in both recurrent selection cycles, the means of the CNA 9 population progenies decreased for GY and PH, and differently for DF this mean increased, resulting in a delay in flowering of approximately three days in the third cycle and two days in the fourth cycle (TABLE 5). This is consistent with reports about delays in rice growth staging under low phosphorus levels (RODRIGUEZ *et al.*, 1998; VINOD; HEUER, 2012; SWANY *et al.*, 2019). Yang *et al.* (2021) concluded that phosphorus fertilization up to 90 kg ha⁻¹ positively affects panicle exertion, tillers, leaves, plant height, and grain yield. These results confirm those found in the present study.

In the literature, there are few studies reporting genetic gains in recurrent selection programs for rice. Also, they have adopted different methods, which makes comparisons with the present study a challenge. However, Breseghello *et al.* (2009) identified for GY a genetic gain of 3.60% after three cycles of selection in the CG3 upland rice population. On the other

hand, Morais Júnior *et al.* (2015), after four cycles of recurrent selection conducted over nine years in the CNA 6 upland rice population, reported gains of 14.80% for GY, equivalent to 125.29 kg ha⁻¹ per year. This result is the most similar to the one obtained in the present study.

Therefore, the recurrent selection method employed in this study has not only proven effective in increasing the genetic potential of the population to generate productive progenies under different soil phosphorus conditions but has also demonstrated success in the genetic progress of the CNA 9 population in terms of tolerance to low soil phosphorus levels. This is evidenced by the fact that, under the same intensity of abiotic stress, the reduction in grain yield decreased from 29.18% in the third cycle to 10.00% in the fourth cycle of recurrent selection (TABLE 5).

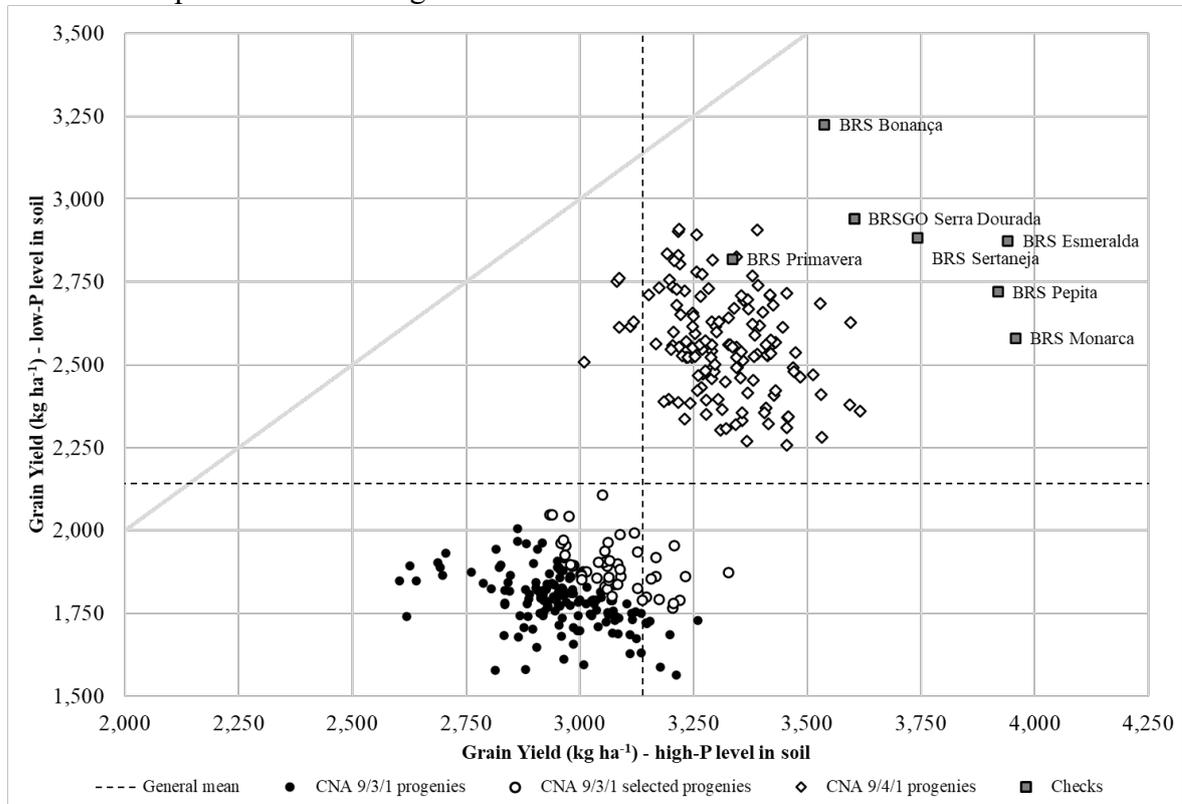
In the fourth cycle of the recurrent selection population, CNA 9/4/1, genotype x soil P level interaction also occurred, similar to the third cycle, CNA 9/3/1 (FIGURES 2 and 4), with a relatively homogeneous distribution of progenies between inefficient and efficient; and non-responsive and responsive to the soil P level (FIGURE 4). However, it is worth noting that the BLUPs of the progenies in the fourth cycle approached the means of the checks (FIGURE 4), this demonstrated its genetic progress.

Table 5 - Estimates of linear regression parameters, with 3th cycle mean (\hat{Y}_0), (\hat{Y}_4), angular coefficient (\hat{b}), and respective annual average genetic gains ($G\%$), for grain yield (GY, kg ha⁻¹), plant height (PH, cm) and days to flowering (DF, days) under low and high-P levels in soil.

Parameters	Traits					
	GY		PH		DF	
	Low-P	High-P	Low-P	High-P	Low-P	High-P
\hat{Y}_0	1.813	2.986	95.90	104.11	86.54	83.53
\hat{Y}_4	2.560	3.318	94.5	101.2	84.16	82.04
\hat{b} (gain per year)	186.82	83.09	-0.347	-0.727	-0.596	-0.373
$G\%$	10.31	2.78	-0.36	-0.70	-0.69	-0.45
BRS Primavera	2.819	3.336	102.53	100.81	79.11	75.71
BRS GO Serra Dourada	2.940	3.603	94.26	97.31	82.58	79.91
BRS Monarca	2.580	3.957	90.78	107.50	89.17	84.02
BRS Pepita	2.720	3.919	96.51	102.77	83.66	76.83
BRS Sertaneja	2.882	3.742	96.43	100.49	86.12	84.09
BRS Bonança	3.224	3.538	87.51	94.83	82.14	80.91

Fonte: Da autora (2023).

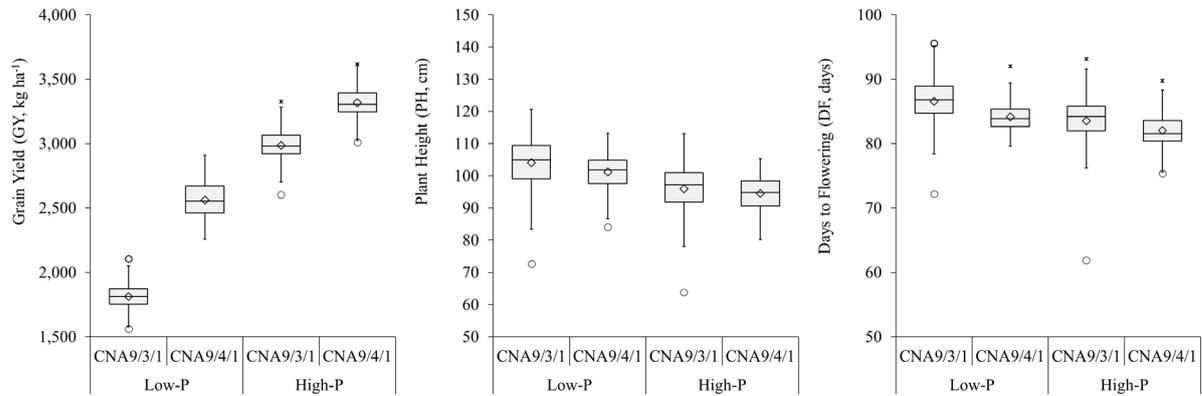
Figure 4 - Scatterplot of BLUP means of $S_{0:2}$ progenies from the CNA 9/3/1 and CNA9/4/1 populations, checks, and selected progenies from CNA 9/3/1 population for grain yield (GY, kg ha^{-1}) under contrasting soil P levels (high and low), general means, as presented in the legend.



Fonte: Da autora (2023).

Finally, another essential aspect for the success about a breeding program, beyond a achieve continuous genetic gains to raise population averages, also is important to preserve the breadth of genetic variability within populations to increase the probability of identify transgressive individuals in each selection cycle. In this way, for both soil P levels, the magnitudes of variability among the progeny means (represented by the values of BLUPs in the boxplots) from the third to fourth cycles of recurrent selection remained consistent for the three traits (FIGURE 4). These results demonstrate the success in to achieve genetic gains, mainly for GY, since an increase in the mean of the CNA 9 population, both under high and low soil P conditions, without evidence of loss of alleles of interest due to genetic drift after population recombination. This most likely did not occur due to the use of an appropriate effective sample size, with 50 superior progenies from the third cycle and $S_{0:1}$ seeds as the recombination unit, whose effective size is equal to "1."

Figure 5 - Boxplots of BLUPs of $S_{0:2}$ progenies from the CNA 9/3/1 and CNA/9/4/1 populations, and checks for grain yield (GY, kg ha^{-1}), plant height (PH, cm), and days to flowering (DF, days), under contrasting soil P levels (high and low).



Fonte: Da autora (2023).

4 CONCLUSIONS

The efficiency of the recurrent selection program was verified with the significant genetic progress obtained in the CNA 9 population for GY from 3th to 4th cycles, mainly, under low soil P conditions, associated with the maintenance the genetic variability for all traits analyzed.

REFERENCES

- AISAWI, K.A.B.; REYNOLDS, M.P.; SINGH, R.P.; FOULKES, M.J. The physiological basis of the genetic progress in yield potential of CIMMYT spring wheat cultivars from 1966 to 2009. **Crop Science**, v. 55, n. 4, p. 1749-1764, 2015.
- AKINRINDE, E.A.; GAIZER, T. Differences in the performance and phosphorus-use efficiency of some tropical rice (*Oryza sativa* L.) varieties. **Pak J Nutr.**, v. 5, n. 3, p. 206-211, 2006.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P.; PINHEIRO, P.V.; SILVA, A.C.S.; CASTRO, E.M.; GUIMARÃES E.P. *et al.* Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Sci.**, v. 51, p. 914-923, 2011.
- CANCELLIER, E.L.; BRANDÃO, D.R.; SILVA, J.; SANTOS, M.M.; FIDELIS, R.R. Phosphorus use efficiency of upland rice cultivars on cerrado soil. **Ambiência**, Guarapuava, v. 8, n. 2, p. 307-318, 2010.
- CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Stability of common bean cultivars and lines in different environments in the state of São Paulo. **Bragantia**, v. 66, n. 2, p. 193-201, 2007.
- CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; HAMBLIN, J. Relationship between barley grain yield measured in low-and high-yielding environments. **Euphytica**, Dordrecht, v. 64, n. 1-2, p. 49-58, 1992.
- CHIN, J.H.; LU, X.; HAEFELE, S.M.; GAMUYAO, R.; ISAMIL, A.; WISSUWA, M.; HEUER, S. Development and application of gene-based markers for the major rice QTL Phosphorus uptake 1. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 120, p. 1073-1086, 2010.
- CHIN, J.H.; GAMUYAO, R.; DALID, C.; BUSTAMAM, M.; PRASETIYONO, J.; MOELJOPAWIRO, S.; WISSUWA, M.; HEUER, S. Developing rice with high yield under phosphorus deficiency: Pup 1 sequence to application. **Plant Physiology**, v. 156, n. 3, p. 1202-1216, 2011.
- COLOMBARI FILHO, J.M.; RESENDE, M.D.V.; MORAIS, O.P.; CASTRO, A.P.; GUIMARÃES, E.P.; PEREIRA, J.A.; UTUMI, M.M.; BRESEGHELLO, F. Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, Dordrecht, v.192, p.117-129, 2013.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. 2023. **Acompanhamento de safra brasileiro - grãos**, Brasília, DF, v.11, safra 2023/2024, n. 1 primeiro levantamento, out. 2023.
- COUNCE, P.A.; KEISLING, T.C.; MITCHELL, A.J. A uniform, objective, and adaptive system for expressing rice development. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 2, p. 436-443, 2000.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Manual de análises químicas de solos, plantas e fertilizantes**. Brasília: Embrapa Solos/Embrapa Informática Agropecuária/Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 1997. 370 p.

FAGERIA, N.K.; MORAIS, O.P.; VASCONCELOS, M.J. Upland rice genotypes Evaluation for phosphorus use efficiency. **Journal of Plant Nutrition**, v. 36, n. 12, p.1 868-1880, 2013.

FONSECA, J.R.; CASTRO, E.M.; MORAIS, O.P. **Descritores morfo agronômicos e fenológicos de cultivares comerciais de arroz (Oryza sativa L.) de terras altas**. Santo Antônio de Goiás, GO: Embrapa Arroz e Feijão, 2004.

FUJIMAKI, H. *et al.* Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. **JARQ (Tsukuba)**, v. 13, n. 3, p. 153-156, 1979.

GAMUYAO, R. *et al.* The protein kinase Pstol1 from traditional rice confers tolerance of phosphorus deficiency. **Nature**, v. 488, p. 535-541, 2012.

GERALDI, I.O. Selección recurrente en el mejoramiento e plants. *In*: GUIMARÃES, E.P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz**. Cali, Colombia: CIAT. 1997. p. 3-12.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. 663 p.

KAVANOVA, M.; GRIMOLDI, A.A.; LATTANZI, F.A.; SCHNYDER, H. Phosphorus nutrition and mycorrhiza effects on grass leaf growth. P status- and size mediated effects on growth zone kinematics. **Plant Cell Environ.**, v. 29: p. 511-520, 2006.

LUO, D.; WANG, L.; NAN, H.; CAO, Y.; WANG, H.; KUMAR, T.V.; WANG, C. Phosphorus adsorption by functionalized biochar: a review. **Environmental Chemistry Letters**, v. 21, p. 497-524, 2023.

MAEJIMA, E.; WATANABE, T.; OSAKI, M.; WAGATSUMA, T. Phosphorus deficiency enhances aluminum tolerance of rice (*Oryza sativa*) by changing the physicochemical characteristics of root plasma membranes and cell walls. **Journal of Plant Physiology**, Stuttgart, v. 171, n. 2, p. 9-15, 2014.

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azucar. **Revista Agronomica del Noroeste Argentino**, Tucuman, v. 13, n. 1-4, p. 105-27, 1976.

MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P.; ALMEIDA, J. BRSGO Serra Dourada - cultivar de arroz de terras altas para agricultura familiar do estado de Goiás. *In*: Embrapa Arroz e Feijão-Artigo em anais de congresso. *In*: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 5., 2009, Guarapari. **Anais[...]**, Vitória: Incaper, 2010.

MORAIS JÚNIOR, O.P.; MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P.; CASTRO, A.P.; BRESEGUELLO, F.; UTUMI, M.M.; PEREIRA, J.A.; WRUCK, F.J.; COLOMBARI FILHO, J.M. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 4, p. 297-305, 2015.

- MORAIS JUNIOR, O.P.; BRESEGUELLO, F.; DUARTE, J.B.; MORAIS, O.P.; EANGEL, P.H.N.; COELHO, A.S.G. Effectiveness of recurrent selection in irrigated rice breeding. **Crop Science**, v. 57, n. 6, p. 3043-3058, 2017.
- NAVEA, I.P.; MAUNG, P.P.; YANG, S.; HAN, J.H.; JING, W.; SHIN, N.H.; ZHANG, W.; CHIN, J.H. A meta-QTL analysis highlights genomic hotspot associated with phosphorus use efficiency in rice (*Oryza sativa* L.). **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 2023.
- NI, J. *et al.* Mapping QTLs for phosphorus deficiency tolerance in rice (*O. sativa* L.). **TAG**, v. 97, p. 1361-1369, 1998.
- PINHEIRO, B.S.; CASTRO, E.M.; GUIMARÃES, C.M. Sustainability and profitability of aerobic rice production in Brazil. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 97, n. 1, p. 34-42, 2006.
- RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P.; ZIMMERMANN, F.J.P. Grain yield gains in three recurrent selection cycles in the CNAIRAT 4 irrigated rice population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, p. 369-374, 2002.
- RANGEL, P.H.N.; BRONDANI, C.; MORAIS, O.P.; SCHIOCCHET, M.A.; BORBA, T.C.O.; RANGEL, P.N.; BRONDANI, R.P.V.; YOKOYAMA, S.; BACHA, R.E.; ISHIY, T. 2007. Establishment of the irrigated rice cultivar SCSBRS Tio Taka by recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 103-110.
- RAMALHO, M.A.P.; MARQUES, T.L.; LEMOS, R.C. Plant breeding in Brazil: Retrospective of the past 50 years. **Crop breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, p.e383021S3, 2021.
- REGITANO NETO, A.; RAMOS JUNIOR, E.U.R.; GALLO, P.B.; FREITAS, J.G.; AZZINI, E. Behavior of upland rice genotypes in the state of São Paulo, Brazil. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 44, n. 3, p. 512-519, 2013.
- RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.
- RODRIGUEZ, D.; POMAR, M.C.; GOUDRIAAN, J. Leaf primordia initiation leaf emergence and tillering in wheat (*Triticum aestivum* L.) grown under low-phosphorus conditions. **Plant Soil**, v. 202, n. 1, p. 149-157, 1998.
- ROTILI, E.A.; FIDELIS, R.R.; SANTOS, M.M.; BARROS, H.B.; PINTO, L.C. Eficiência do uso e resposta à aplicação de fósforo de cultivares de arroz em solos de terras altas. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 3, p. 705-709, 2010.
- SAS INSTITUTE. **SAS technical report SAS/STAT software**. Cary Nc: SAS Institute, 2013.
- SINGH, R.J.; IKEHASHI, H.I. Monogenic male-sterility in rice: introduction, identification and inheritance. **Crop Science**, v. 21, n. 1, p. 286-289, 1981.

SOARES, I.O.; BIANCHI, M.C.; BRUZI, A.T.; GESTEIRA, G.S.; SILVA, K.B.; GUILHERME, S.R.; CIANZIO, S.R. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, 2020.

SOUZA, D.M.G.; LOBATO, E. **Cerrado**: correção do solo e adubação. 2 ed. Brasília: Embrapa Cerrados, v. 4, 2004. 416 p.

STRECK, E.A.; MAGALHAES JUNIOR, A.M.; AGUIAR, G.A.; FACCHINELLO, P.K.H.; FAGUNDES, P.R.R.; FRANCO, D.F.; NARDINO, M.; OLIVEIRA, A.C. Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in southern Brazil. **Crop Science**, v. 58, p. 1094-105, 2018.

SWAMY, H.K.M.; ANILA, M. KALE, R.; BHADANA, V.P.; ANANTHA, M.S.; BRADEJA, P.; HAJIRA, S.K.; BALACHIRANJEEVI, C.H.; PRASSANNA, B.L.; PRANATHI, K.; DILIP, T.; BHASKAR, S.; KUMAR, V.A., KOUSIK, M.B.V.N., HARIKA, G., SWAPNIL, K., REKHA, G., CHERALU, C.; SHANKAR, V.G.; REDDY, S.N.; KUMAR, S.; BALACHANDRAN, S.M.; MADHAV, S.; KUMAR, R.M.; SUNDARAM, R.M. Phenotypic and molecular characterization of rice germplasm lines and identification of novel source for low soil phosphorus tolerance in rice. **Euphytica**, v. 215, n. 118, p. 118-215, 2019.

TONELLO, L.P.; SILVA, J.; RAMOS, D.P.; SOUSA, S.A.; FIDELIS, R.R. Eficiência do uso de fósforo em genótipos de arroz cultivados em solos de terras altas. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, Pombal, v. 7, n. 2, p. 25-32, 2012.

VINOD, K.K.; HEUER, S. Approaches towards nitrogen and phosphorus - efficient rice. **AoB Plants**, v. 2012, pls028, 2012

WANG, Y.P.; LAW, R.M.; PAK, B. A global model of carbon, nitrogen and phosphorus cycles for the terrestrial biosphere. **Biogeosciences**, v. 7, n. 7, p. 2261-2282, 2010.

WISSUWA, M. *et al.* Mapping of QTLs for phosphorus-deficiency tolerance in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet* 97:777–783. Mapping of QTLs for phosphorus-deficiency tolerance in rice (*O. sativa* L.). **TAG**, v. 97, p. 777-783, 1998.

WISSUWA, M.; AE, N. Further characterization of two QTLs that increase phosphorus uptake of rice (*O. sativa* L.) under phosphorus deficiency. **Plant and Soil**, 237:275-286, 2001.

WISSUWA, M.; YANO, M.; Ae, N. Substitution mapping of Pup1: a major QTL increasing phosphorus uptake of rice from a phosphorus-deficient soil. **TAG**, v. 105, p. 890-897, 2002.

WISSUWA, M.; Ae, N. Genotypic variation for tolerance to phosphorus deficiency in rice and the potential for its exploitation in rice improvement. **Wiley Online Library**, v.1 20, n. 1, p. 43-48, 2008.

YANG, G.; NABI, F.; SAJID, S.; KALERI, A.R.; JAKHAR, A.M.; CHENG, L.; RASPOR, M.; MUHAMMAD, N.; MA, J; HU, Y. Response of root development and nutrient uptake of two chinese cultivars of hybrid rice to nitrogen and phosphorus fertilization in Sichuan Province, China. **Molecular Biology Reports**, n. 48, p. 8, 2021.

CAPÍTULO 3 OTIMIZAÇÃO DO MÉTODO SELEÇÃO RECORRENTE PARA MAIOR GANHO GENÉTICO ANUAL EM ARROZ

RESUMO

Em programas de seleção recorrente podem ser empregadas diferentes estratégias nas etapas seleção e recombinação. A fim de otimizar e tornar esse método mais eficiente, utilizar a macho esterilidade genética pode ser uma estratégia benéfica, pois pode permitir que progênies de meios irmãos S_1 (MIS_1) sejam avaliadas e recombinadas em S_0 , resultando em um ciclo de apenas 2 anos, trazendo vantagens de economia de tempo, mão de obra e custos. Entretanto, existem poucos estudos sobre estimativas de componentes de variância genotípica e comparação de diferentes estratégias de condução de programas de seleção recorrente em arroz de altas. Nesse sentido objetivou-se: (i) Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos entre progênies $S_{0:2}$ e de meios irmãos S_2 (MIS_2) da população; (ii) Identificar as melhores progênies $S_{0:2}$ e meios irmãos S_2 visando a recombinação da população; (iii) Estimar as respostas esperadas com seleção e os ganhos genéticos anuais para os caracteres produtividade de grãos (PG), altura de planta (AP) e dias para o florescimento (DF), considerando os dois modelos de condução do método de seleção recorrente empregados na população e; (iv) Validar o novo modelo de seleção recorrente em arroz, com uso de macho esterilidade genética, quanto ao aumento da eficiência e eficácia do método em obter progresso genético. Partindo da população CNA9 da Embrapa Arroz e Feijão, em seu quinto ciclo de seleção recorrente, dois experimentos de rendimento de progênies $S_{0:2}$ e MIS_2 da população CNA 9/5/1 foram conduzidos em Lavras/MG (2019/2020 e 2020/2021) e Santo Antônio de Goiás (2020/2021). Sendo o experimento de progênies $S_{0:2}$ constituído por 210 progênies e 6 testemunhas e implantado em alfa látice simples 18x12 e o experimento de progênies MIS_2 composto por 42 progênies e 6 testemunhas e implantado em alfa látice simples 8 x 6. As parcelas de ambos os experimentos foram constituídas por 2 linhas de 2 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,35 m (área útil de 1,4 m²) e densidade de semeadura de 60 sementes/m. As técnicas de manejo foram uniformes para todos os experimentos, conforme as recomendações técnicas para a cultura do arroz de terras altas. Com os valores mensurados, foram realizadas as análises individuais e conjunta, estimação dos componentes de variância, o progresso genético e a estimativa de progressos futuros com o ganho genético anual esperado. As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos demonstraram presença de variabilidade genética entre as progênies MIS_2 e $S_{0:2}$ da população CNA 9, para todos os caracteres. As estimativas de variância aditiva e coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênies foram superiores com MIS_2 em relação a $S_{0:2}$ da população CNA 9, para os caracteres DF, AP e PG; Em PG os ganhos genéticos anuais esperados ($G_A\%$) de progênies MIS_2 foi 1,99 vezes superior em comparação a progênies $S_{0:2}$. Já em DF e AP o $G_A\%$ de progênies MIS_2 foi 2,33 vezes e 4,35 vezes superior, respectivamente, em relação a progênies $S_{0:2}$. Apesar de no presente estudo as duas estratégias para o método de seleção recorrente terem sido conduzidas em três anos, para viabilizar as comparação entre elas, ao ser considerada a possibilidade de redução da duração de cada ciclo de seleção de três para dois anos, devido à alteração do uso de progênies $S_{0:2}$ para MIS_1 foi possível observar o quanto isso favoreceu o aumento expressivo dos ($G_A\%$) na estratégia de uso de progênies MIS_1 como unidade de seleção em relação ao uso de progênies $S_{0:2}$, com redução do ciclo de seleção de três para dois anos, demonstrando assim, ser mais eficiente.

Palavras-chave: *Oryza Sativa* L. Macho esterilidade genética. Progresso genético. Variabilidade genética.

ABSTRACT

Recurrent selection (RS) programs could utilize different strategies at the recombination and selection stages. Genetic male sterility (GMS) is one of the several strategies that can be used to optimize and make RS more efficient. GMS allows S1 half-siblings progenies to be evaluated and recombined in S0, which reduces the cycle time from 3 to only 2 years. Therefore, reducing the time, labor, and costs. However, few studies have been reported on estimating genetic variance components and comparison of the different strategies to conduct recurrent selection programs in upland rice. Thus, the aim of this study was: (i) To estimate the genetic and phenotypic parameters between two S0:2 progenies and S2 half-siblings of the population; (ii) To identify the best S0:2 progenies and S2 half-sibs based on adjusted means; (iii) To estimate the expected response to selection and the annual genetic gain for grain yield (GY), plant height (PH) and days to flowering (DF), for each method (iv) To validate the new method of recurrent selection in rice using male genetic sterility. Two experiments using S0:2 and MIS2 progenies were carried out in Lavras/MG (2019/2020 and 2020/2021) and Santo Antônio de Goiás/GO (2020/2021). The S0:2 population consisted of 210 genotypes in a simple alpha lattice 18x12 design. On the other hand, the MIS2 consisted of 42 progenies in a simple alpha lattice 8x6 design. All plots were planted as two rows for each genotype 2 m long and 0.35 m spacing between rows. For both populations, GY, DF, and PH were evaluated. Statistical analyses were conducted to determine the estimates of variance components and genetic progress - annual genetic gain. Estimates of the genetic and phenotypic parameters showed genetic variability in both, the S0:2 and MIS2 progenies, for the traits DF, PH, and GY. For all traits, additive variance and narrow sense heritability were higher in MIS2 as compared to S0:2. Annual genetic gain (GA%) for GY and DF of MIS2 was 2-fold higher than those of S0:2, whereas, for PH, the GA% of MIS2 progenies was 4-fold higher than S0:2. Our results demonstrate that MIS1 progenies are significantly more efficient than S0:2 by the increased GA% and the reduction in the selection cycle from 3 to 2 years.

Keywords: *Oryza Sativa L.* Male genetic sterility. Genetic progress. Genetic variability.

1 INTRODUÇÃO

Dado a importância do arroz, por ser alimento básico de mais da metade da população mundial (USDA, 2021), estima-se que até 2050 seja necessário produzir mais 40% de grãos para atender as demandas alimentares da população mundial (MILOVANOVIC; SMUTKA, 2017). Diante disso, novos desafios no melhoramento genético da cultura do arroz têm surgido, visto que os ganhos genéticos alcançados ao longo dos anos ainda não são suficientes para suprir todas as demandas do mercado no futuro, e conjuntamente conseguir manter preços acessíveis para os consumidores. Além disso, ter que lidar com a insuficiência de área adicional para acompanhar o crescimento populacional e mudanças climáticas (MORAIS JÚNIOR *et al.* 2017).

Alcançar progressos genéticos significativos está se tornando cada vez mais difícil, devido às diferenças genéticas entre os genótipos estarem cada vez menores. Ademais, a maioria dos caracteres de interesse para os melhoristas de arroz são poligênicos e muito influenciados pelo ambiente, o que representa uma dificuldade adicional para obter ganhos genéticos e genótipos superiores. Em vista disso, utilizar a seleção recorrente como uma estratégia, tem-se mostrado eficiente, pois permite a ampliação e manutenção da variabilidade genética para ganhos contínuos com a seleção, visando a maximização do ganho genético, e aumento da frequência de alelos favoráveis em uma população por meio da recombinação dos genótipos superiores, podendo, dessa forma, aumentar a chance de obtenção de melhores linhagens (HALLAUER *et al.*, 2010).

A seleção recorrente já é muito utilizada em espécies alógamas devido a maior facilidade de realizar os cruzamentos, apresentando resultados promissores (RANGEL *et al.*, 2011, HEINZ *et al.*, 2012; CARIAS, *et al.*, 2016). Em algumas espécies autógamas, como soja, feijão, arroz e trigo, o uso da seleção recorrente também tem sido assertivo e há muitos resultados positivos com ganhos genéticos associados à manutenção da variabilidade genética após vários ciclos de seleção (LIBRELON *et al.*, 2020; SOARES *et al.*, 2020; GUIMARÃES *et al.*, 2021).

No programa de seleção recorrente da cultura do arroz diferentes estratégias podem ser empregadas na seleção e recombinação de acordo com os objetivos do melhorista, para otimizar e tornar esse método mais eficiente, visto que o tempo necessário durante os ciclos pode ser demorado, fazendo com que sejam mais onerosos.

A escolha das melhores estratégias depende da variabilidade genética e dos tipos de progênies que podem ser utilizadas (MARQUES, 2021). Devido à dificuldade no processo de recombinação entre genótipos de arroz, o emprego de macho esterilidade genética, fez com que o uso do método de seleção recorrente tornasse mais viável (FUJUMAKI, 1979), uma vez que permitiu que a recombinação ocorresse no campo, sem a necessidade de cruzamentos manuais (PINHEIRO *et al.*, 2012).

Outro questionamento importante é, até quando avaliar as progênies antes da seleção para a recombinação. Sabe-se que no arroz, sem uso de macho esterilidade genética, as progênies $S_{0:2}$ são avaliadas e podem ser recombinadas em $S_{0:2}$, resultando em um ciclo de 4 anos ou em $S_{0:1}$ por meio de sementes remanescentes, pois a variância aditiva (V_A) não se altera, dando um ciclo de 3 anos (RAMALHO *et al.*, 2012).

Contudo, usar a macho esterilidade genética em programas de seleção recorrente pode ser uma estratégia benéfica para os melhoristas, pois pode permitir que progênies de meios irmãos S_1 sejam avaliadas e recombinadas em S_0 , resultando em um ciclo de apenas 2 anos, trazendo vantagens de economia de tempo, mão de obra e custos. Apesar das avaliações em S_0 apresentarem $\sigma_A^2 + \frac{1}{16}\sigma_D^2$, os efeitos de dominância não são inferiores a 0,5, dessa forma, não é preciso esperar mais gerações para promover os intercruzamentos (RAMALHO *et al.*, 2012).

Entretanto, existem poucos estudos sobre estimativas de componentes de variância genotípica e comparação de diferentes estratégias de condução de programas de seleção recorrente em arroz de terras altas, porque quando se trata de melhoramento genético de arroz de terras altas esse obstáculo é ainda maior, já que no método de seleção recorrente é necessário ter uma etapa de entressafra para a realização da recombinação com uso de macho esterilidade e semeadura, e nesse caso, o processo torna-se complicado, uma vez que a planta de arroz é de natureza aquática e quando é submetida à ambientes de sequeiro sofre influência da distribuição pluviométrica da região, sendo fortemente afetado quando há ocorrência de ‘verânicos’ (MINGOTTE; HANASHIRO; FORNASIERI FILHO, 2012).

Diante do exposto, os objetivos com esse trabalho são: (i) Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de progênies $S_{0:2}$ e de meios irmãos S_2 da população; (ii) Identificar as melhores progênies $S_{0:2}$ e meios irmãos S_2 visando a recombinação da população; (iii) Estimar os genéticos anuais para os caracteres produtividade de grãos, altura de planta e número de dias para o florescimento, considerando os dois modelos de condução do método de seleção recorrente e; (iv) Validar o novo modelo de seleção recorrente em arroz, com uso de macho

esterilidade genética, quanto ao aumento da eficiência e eficácia do método em obter progresso genético.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material genético

Foram utilizados os dados da população de seleção recorrente CNA 9 pertencente ao programa de melhoramento de arroz de terras altas da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa (TABELA 1). Essa população foi sintetizada pela Embrapa Arroz e Feijão em 1992/93, a partir da incorporação, na população CNA-IRAT 5/2/1, de alelos provenientes de 22 genitores anteriormente caracterizados como fontes de resistência à brusone (*Magnaporthe grisea*) e de tolerância à deficiência de fósforo (P) no solo, com alta percentagem de participação dos cultivares IAC 25 e IAC 47 em sua base genética, portadores do QTL *Pup1*, o qual promove um incremento no crescimento radicular em situações de deficiência de P (CHIN *et al.*, 2010; CHIN *et al.*, 2011).

A população CNA-IRAT 5 provém da parceria entre a Embrapa Arroz e Feijão e o CIRAD (*Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement*), na França. Esta foi sintetizada em 1984, pelo intercruzamento de 26 linhagens da subespécie *japonica* e uma *indica* oriunda de mutação da IR 36, obtida por Sing e Ikehashi (1981), que possui o gene recessivo que condiciona a expressão de macho esterilidade genética, a qual tem sido utilizada no método de seleção recorrente intrapopulacional em arroz como ferramenta para a recombinação das populações (FUJIMAKI, 1979).

Inicialmente, a população CNA 9 foi submetida a dois ciclos sucessivos de seleção massal em geração S_0 , seguida por uma recombinação com uso de macho esterilidade genética, em casa de vegetação (FUJIMAKI, 1979). Esses dois ciclos ocorreram em 1993/94 e 1994/95, visando uniformizar o ciclo de maturação e eliminar genótipos com baixa aceitação fenotípica, principalmente devido à altura de plantas excessiva. Após a recombinação da população em 1995, as sementes S_0 das plantas macho estéreis (1/3 das plantas com genótipo *msms*), foram armazenadas em condições controladas, compondo a população CNA 9/2/1, em que a identificação "2" refere-se ao segundo ciclo de seleção e "1" à recombinação única após o último ciclo de seleção.

Tabela 1 - Composição da população CNA 9 de seleção recorrente sintetizada pela Embrapa Arroz e Feijão.

Genitores	Origem	Participação (%)
CNA 4164	IAC 47/IRAT 13	0,70
CNA 4166	IAC 25/63-83	0,31
CNA 4180	IAC 47/IRAT 13	0,70
IRAT 237	RS 25/IAC 25	2,00
IR 5516-18-1	-	2,80
CNA 5164	IAC 25/63-83	0,31
CNA 5165	IAC 25/63-83	0,31
CNA 5166	IAC 25/63-83	0,31
L 80-67	Linhagens do IAPAR	2,80
CNAx 511-16-B-5	IAC 47/IRAT 13	0,70
CNAx 093-BM30-BM29P-2	IAC 25/63-83	0,31
CNAx 095-BM 30-BM 9-4	IAC 25/63-83	0,31
IR 3646-8-1-2	-	2,80
CNAx 095-BM 30-BMP-28	IAC 25/63-83	0,31
CNA 4136	IAC 25/63-83	0,31
IRAT 144	IRAT 13/IRAT 10	2,80
Cuiabana	IAC 47/SR 2041-50-1	2,80
Fernandes	Cultivar tradicional do Brasil	2,80
CNA 4122	IAC 25/63-83	0,31
Rio Paraguai	IAC 47/63-83	0,73
IAC 25 [†]	IAC 1246/Dourado Precoce	5,60
IRAT 112 R [‡]	IRAT 13/Dourado Precoce	5,60
CNA-IRAT 5/2/1	População	64,38

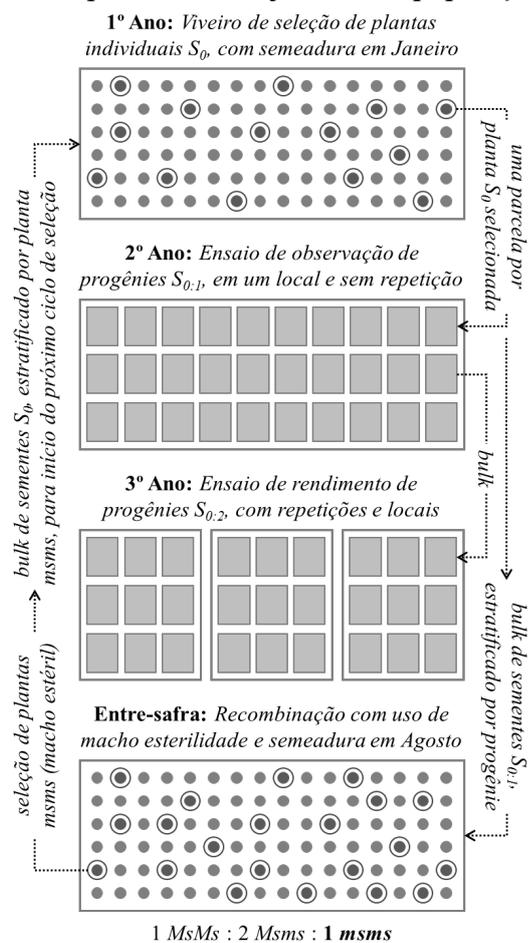
[†] Mistura de linhagens resistentes à brusone (*Magnaporthe grisea*), com genes das linhagens BG90-2, Três Marias, Pusur, Dawn, Basmati 370, H-5, Colombia 1 e Ramtulasi; e [‡] Mistura de linhagens resistentes à brusone (*Magnaporthe grisea*), com genes das linhagens T-23, CTG 1516, C 46-15, Carreon e Tetep.

Fonte: Da autora (2023).

Essa população permaneceu por onze anos sem que houvesse qualquer ação de seleção, quando, em 2006/07, foi retomado o seu uso dentro do programa de melhoramento de arroz da Embrapa, buscando obter ganhos em produtividade de grãos e tolerância à deficiência de P no solo (associado à presença do QTL *Pup1*). A partir de então, a população foi conduzida por três ciclos de seleção até estar no atual quinto ciclo, o deste trabalho, com a denominação CNA 9/5/1. Em cada ciclo de seleção a população passou pelas seguintes etapas, conforme Figura 1 e Tabela 2 (1º ano) viveiro de seleção de plantas individuais na geração S₀ a partir do *bulk* de sementes estratificado por planta macho estéril (genótipo *msms*) selecionada na etapa anterior de recombinação; (2º ano) armazenamento de parte das sementes S_{0:1} das plantas selecionadas para serem utilizadas como unidade de recombinação, e experimento de observação, em um local e sem repetição, para seleção entre progênies S_{0:1} e avanço em *bulk*; (3º ano) experimentos

de rendimento, com repetições e locais, para avaliação e seleção entre progênies $S_{0:2}$; e (entressafra) recombinação em campo das progênies selecionadas, com uso de macho esterilidade genética presente nas sementes $S_{0:1}$. A seleção de plantas individuais S_0 foi baseada na aceitação fenotípica pela observação técnica em campo, a qual teve como objetivo principal a arquitetura de planta moderna resultante da combinação favorável de altura de planta, espessura do colmo, presença de *stay green* e tolerância ao acamamento; ausência de sintomas de suscetibilidade às principais doenças da cultura e presença de grãos longo e fino. A seleção entre progênies $S_{0:1}$ focou nos caracteres de maior herdabilidade, sendo esses, altura de plantas, dias para o florescimento, tolerância ao acamamento, resistência a doenças (principalmente brusone - *Magnaphorte grisea*) e qualidade de grãos. Enquanto, a seleção entre progênies $S_{0:2}$, por meio de experimentos de rendimento com repetições e locais, priorizou a seleção para produtividade de grãos e tolerância à deficiência de P no solo.

Figura 1 - Esquema ilustrativo das etapas que envolvem cada ciclo da seleção recorrente realizado pela Embrapa Arroz e Feijão, com a população CNA 9.



Fonte: Da autora (2023).

Tabela 2 - Cronograma da utilização da população CNA 9 de seleção recorrente sintetizada pela Embrapa Arroz e Feijão.

Ano agrícola	População/Ciclo	Atividade [†]
1992/93	CNA 9	Síntese da população
1993/94	CNA 9 - CNA 9/1/1	S ₀ -Rec
1994/95	CNA 9/1/1 - CNA 9/2/1	S ₀ -Rec
⋮	⋮	⋮
2006/07	CNA 9/2/1	S ₀
2007/08	CNA 9/2/1	S _{0:1}
2008/09	CNA 9/2/1	S _{0:2}
2009/10	CNA 9/3/1	Rec
2010/11	CNA 9/3/1	S ₀ -S _{0:1}
2011/12	CNA 9/3/1	S _{0:2} ^(a)
2012/13	CNA 9/4/1	Rec
2013/14	CNA 9/4/1	S ₀
2014/15	CNA 9/4/1	S _{0:1}
2015/16	CNA 9/4/1	S _{0:2} ^(a)
2016/17	CNA 9/5/1	Rec
2017/18	CNA 9/5/1	MIS ₀
2018/19	CNA 9/5/1	S _{0:1} ^(a) e MIS ₁
2019/20	CNA 9/5/1	S _{0:2} e MIS ₂

S₀-Rec: Seleção de plantas S₀ no campo, em novembro, e recombinação em casa de vegetação, em maio, com sementes S_{0:1}, em Santo Antônio de Goiás/GO (Embrapa Arroz e Feijão - CNPAF); S₀: Seleção de plantas S₀ em campo, no CNPAF; S_{0:1}: Seleção entre progênies S_{0:1} em campo, no CNPAF; S_{0:2}: Seleção entre progênies S_{0:2} com avaliação em diferentes locais; Rec: Recombinação em campo, com sementes S_{0:1}; S₀-S_{0:1}: Seleção de plantas S₀ no campo, no CNPAF, em novembro; e avanço e seleção entre progênies S_{0:1} em campo, em agosto, para aceitação fenotípica e tolerância à deficiência hídrica, em Porangatu/GO; S_{0:2}^(a): Seleção entre progênies S_{0:2} com avaliação em diferentes locais, para produtividade e tolerância à deficiência de fósforo no solo (associado a presença do QTL *Pup1*); MIS₀: Seleção entre progênies de meios-irmãos (MI) S₀ e amostragem de cinco plantas dentro de progênies; S_{0:1}^(a): Avanço de progênies S_{0:1}, sem seleção; MIS₁: Avanço de progênies de meios-irmãos (MI) S₀, sem seleção; e MIS₂: Seleção entre progênies de meios-irmãos (MI) S₂ com avaliação em diferentes locais.

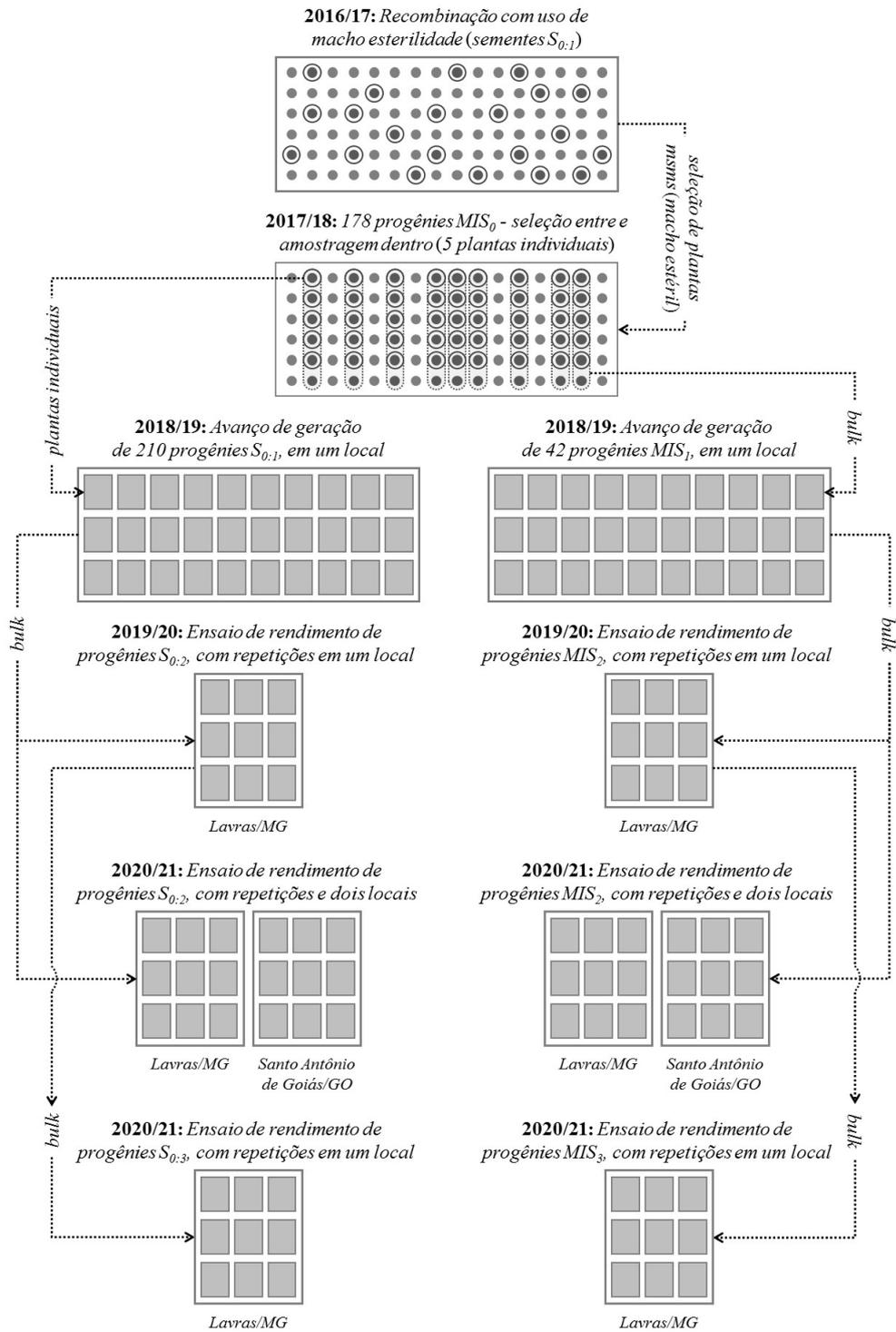
Fonte: Da autora (2023).

2.2 Dados experimentais

A seguir estão apresentados o detalhamento das atividades realizadas em cada ano agrícola enquanto os dados referentes à climatologia encontram-se no Apêndice 1.

Isso para permitir o estudo de uma nova estratégia para conduzir o método de seleção recorrente na cultura do arroz, com uso de macho esterilidade genética na recombinação da população, a fim de aumentar o ganho genético anual. Após a quinta recombinação a população CNA 9, que ocorreu em 2016/17, a geração S₀ foi avançada com progênies de meios-irmãos (MI), ou seja, uma parcela de campo derivada de cada planta macho estéril (FIGURA 2), ao invés de um único *bulk* de sementes estratificado por planta macho estéril (genótipo *msms*), como era anteriormente realizado (FIGURA 1).

Figura 2 - Esquema ilustrativo das etapas que envolveram o presente trabalho com a população CNA 9.



Fonte: Da autora (2023).

2.2.1 Ano agrícola 2017/18

Um experimento de observação de 178 progênes MIS₀, derivadas de plantas *msms* foi conduzido em Santo Antônio de Goiás/GO, na Embrapa Arroz e Feijão (latitude de 16°28'00" Sul, longitude de 49°17'00" Oeste e altitude de 823 m), adotando plantio sequencial dos tratamentos com a presença das seguintes cultivares como testemunhas, intercaladas a cada 19 parcelas: BRS Bonança, BRS Esmeralda, BRS Primavera e BRSGO Serra Dourada. A semeadura foi realizada em outubro, com parcelas de 4 linhas de 3 m de comprimento, espaçadas a 0,30 m e com densidade de semeadura baixa de 15 sementes/m, para permitir a individualização das plantas S₀. Com base na aceitação fenotípica observada entre tratamentos, foram selecionadas 42 progênes MIS₀ e uma amostra aleatória de 5 plantas individuais S₀ dentro de cada progênie selecionada foi obtida (FIGURA 2).

2.2.2 Ano agrícola 2018/19

Dois experimentos foram conduzidos em Santo Antônio de Goiás/GO, na Embrapa Arroz e Feijão, para separadamente avançar uma geração por autofecundação sem realizar seleção fenotípica, sendo um composto por 210 progênes S_{0:1} derivadas das 5 plantas individuais S₀ amostradas dentro de cada uma das progênes MIS₀ selecionadas; e outro, por 42 progênes MIS₁ derivadas do *bulk* das progênes MIS₀.

O plantio dos tratamentos foi sequencial com a presença das seguintes cultivares como testemunhas no início de cada experimento: BRS Bonança, BRS Esmeralda, BRS Pepita, BRS Primavera, BRS Sertaneja e BRSGO Serra Dourada. A semeadura foi realizada em outubro, com parcelas de 4 linhas de 3 m de comprimento, espaçadas a 0,30 m. A densidade de semeadura das progênes MIS₁ foi 36 g por parcela (equivalente a 100 kg ha⁻¹), enquanto a densidade das progênes S_{0:1} foi menor, com cerca de 20 g por parcela (equivalente a 55 kg ha⁻¹), para permitir que: (i) houvesse um excedente de sementes das 5 plantas individuais para retorná-las ao *bulk* da sua respectiva progênie MIS₀, bem como, (ii) realizasse uma reserva de 150 sementes S_{0:1} (5 g) para uso como unidade de recombinação da população (FIGURA 2).

2.2.3 Ano agrícola 2019/20

Dois experimentos de rendimento de progênies $S_{0:2}$ e progênies MIS_2 da população CNA 9/5/1 foram conduzidos em Lavras/MG, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA), com latitude de 21°14'00" Sul, longitude de 45°00'00" Oeste e altitude de 910 m (FIGURA 2).

O experimento com progênies $S_{0:2}$ foi composto por 216 tratamentos, sendo 210 progênies e mais seis cultivares como testemunhas (BRS Bonança, BRS Esmeralda, BRS Pepita, BRS Primavera, BRS Sertaneja e BRSGO Serra Dourada), o qual foi conduzido em delineamento experimental alfa-látice simples 18 x 12.

Enquanto, o experimento com progênies MIS_2 foi constituído por 48 tratamentos, sendo 42 progênies e mais as mesmas seis cultivares utilizadas no experimento com progênies $S_{0:2}$ como testemunhas. O delineamento experimental adotado foi o alfa-látice triplo 8 x 6.

As parcelas dos experimentos foram constituídas por 2 linhas de 2 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,35 m (área útil de 1,4 m²) e densidade de semeadura de 60 sementes/m. As técnicas de manejo foram uniformes para todos os experimentos, conforme as recomendações técnicas para a cultura do arroz de terras altas (UTUMI, 2008), com exceção do uso de controle químico para doenças fúngicas, o qual não foi realizado para permitir a identificação e seleção de genótipos superiores quando à resistência a doenças. Ao longo da condução dos experimentos foram avaliados os seguintes caracteres fenotípicos:

Produtividade de grãos (PG): peso dos grãos da parcela após colheita e secagem para 13% de umidade, transformados em kg ha⁻¹;

Número de dias para o florescimento (DF): número de dias entre a semeadura ao florescimento médio, quando 50% das plantas da parcela emitiram panículas;

Altura de plantas (AP): média de cinco plantas da parcela, medida do solo à extremidade da panícula mais alta, em centímetros.

2.2.4 Ano agrícola 2020/21

Seis experimentos foram conduzidos em dois locais, dos quais quatro ocorreram em Lavras/MG, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA); e dois, em Santo Antônio de Goiás/GO, na Embrapa Arroz e Feijão (FIGURA 2).

Em Lavras/MG foram conduzidos os experimentos de rendimento de progênies S_{0:2}, MIS₂, S_{0:3} e MIS₃, enquanto em Santo Antônio de Goiás/MG foram conduzidos os experimentos de rendimento de progênies S_{0:2} e MIS₂. As progênies de terceira geração de autofecundação de Lavras/MG foram derivadas do avanço, sem seleção fenotípica, das progênies S_{0:2} e MIS₂ conduzidas nesse local em 2019/20.

Os experimentos de rendimento de progênies S_{0:2} e S_{0:3} foram compostos por um conjunto de 216 tratamentos, sendo 210 progênies e seis cultivares como testemunhas (BRS Bonança, BRS Esmeralda, BRS Pepita, BRS Primavera, BRS Sertaneja e BRSGO Serra Dourada), e conduzidos adotando o delineamento experimental alfa-látice simples 18 x 12. Os experimentos com progênies MIS₂ e MIS₃ foram compostos por um conjunto de 42 progênies e seis cultivares como testemunhas (BRS Bonança, BRS Esmeralda, BRS Pepita, BRS Primavera, BRS Sertaneja e BRSGO Serra Dourada), e conduzidos com uso do delineamento experimental alfa-látice triplo 8 x 6.

Em Lavras/MG, as parcelas foram constituídas por 2 linhas de 2 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,35 m (área útil de 1,4 m²) e densidade de semeadura de 60 sementes/m. Em Santo Antônio de Goiás/GO, as parcelas foram de 4 linhas de 3 m de comprimento, espaçadas de 0,35 m (área útil de 2,1 m²) e densidade de semeadura de 60 sementes/m.

As técnicas de manejo foram uniformes para todos os experimentos, conforme as recomendações técnicas para a cultura do arroz de terras altas (UTUMI, 2008), com exceção do uso de controle químico para doenças fúngicas, o qual não foi realizado para permitir a identificação e seleção de genótipos superiores quanto a resistência a doenças. Ao longo da condução dos experimentos foram avaliados os mesmos três caracteres fenotípicos dos experimentos do ano agrícola anterior (PG, DF e AP).

2.3 Análises estatístico-genéticas

Para os três caracteres PG (kg ha⁻¹), AP (cm) e DF (dias), as análises foram realizadas considerando cada experimento dentro de um local como sendo um ambiente, uma vez que o objetivo deste trabalho não foi estudar as interações genótipos e ambientes particionados em locais e anos. Além disso, as progênies S_{0:2} e S_{0:3} foram tratadas como sendo da mesma geração S_{0:2}; assim como, progênies MIS₂ e MIS₃, como MIS₂. Isto porquê, entre estas, é igual a proporção da variância aditiva (σ_A^2), que existe dentro da variância genotípica entre progênies

(σ_p^2), sendo diferente apenas a proporção da variância de dominância (σ_D^2), cujas em progênies com três gerações de autofecundação são menores do que com duas gerações e, portanto, aplicou-se como suposição aquela que seria mais conservadora, ou seja, a σ_D^2 de maior valor. Desse modo, os dados experimentais foram organizados conforme resumido na Tabela 3.

Tabela 3 - Ambientes, anos agrícolas, locais e tipos de progênies, utilizadas como unidade de seleção, que compuseram o trabalho.

Ambientes	Anos Agrícolas	Locais	Tipos de progênie
A1	2019/20	Lavras/MG	S _{0:2}
A2	2020/21	Santo Antônio de Goiás/GO	S _{0:2}
A3	2020/21	Lavras/MG	S _{0:2}
A4	2020/21	Lavras/MG	S _{0:3} (= S _{0:2})
A5	2019/20	Lavras/MG	MIS ₂
A6	2020/21	Santo Antônio de Goiás/GO	MIS ₂
A7	2020/21	Lavras/MG	MIS ₂
A8	2020/21	Lavras/MG	MIS ₃ (= MIS ₂)

Fonte: Da autora (2023).

2.3.1 Análises de variância individuais

Os dados dos três caracteres PG (kg ha⁻¹), AP (cm) e DF (dias) provenientes de cada ambiente (experimento) com progênies (S_{0:2}, S_{0:3}, MIS₂ e MIS₃) e testemunhas, conduzidos em delineamento alfa-látice simples ou triplo, foram submetidos à análise de variância individual. Estas foram realizadas utilizando o software estatístico SAS[®] para Windows versão 9.4 (SAS INSTITUTE, 2013), adotando o seguinte modelo misto (EQUAÇÃO. 1):

$$y_{ijkmn} = \mu + r_k + b_{j/k} + t_m + g_{i/m} + \varepsilon_{ijkm} \quad (1)$$

em que:

- y_{ijkm} é a observação do genótipo i , no bloco j , na repetição k , pertencente ao tipo m ;
- μ é a média geral (constante inerente a todas as observações);
- r_k é o efeito aleatório da repetição k ;
- $b_{j/k}$ é o efeito aleatório do bloco j , dentro da repetição k ;
- t_m é o efeito fixo de tipo m ($M = 2$, com um grupo de progênie e um grupo de testemunha);

- $g_{i/m}$ é o efeito aleatório de genótipo i , dentro do tipo m ($i = 1, 2, \dots, I$, sendo $I = P + T$, em que P é o número de progênies e T o número de testemunhas), assumindo $g_{i/m} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_g^2)$; e
- ε_{ijklm} é o efeito aleatório do erro experimental associado à $ijklm$ -ésima parcela, assumindo $\text{NID} \cap (0, \sigma^2)$.

2.3.2 Análises de variância conjunta e estimação dos componentes de variância

Os dados dos genótipos avaliados quanto aos três caracteres PG (kg ha^{-1}), AP (cm) e DF (dias) em oito ambientes (experimentos) com progênies e testemunhas, em delineamento alfa-látice simples ou triplo, foram submetidos à análise de variância conjunta, considerando fixo o efeito de tipo, conforme modelo misto apresentado na Equação 2.

$$y_{ijklm} = \mu + t_m + g_{i/m} + a_l + r_{j/l} + b_{k/jl} + ta_{lm} + ga_{il} + \varepsilon_{ijklm} \quad (2)$$

em que:

- y_{ijklm} é a observação do genótipo i , no bloco k , na repetição j , no ambiente l , pertencente ao tipo m ;
- μ é a média geral (constante inerente a todas as observações);
- a_l é o efeito aleatório do ambiente l ($L = 8$);
- $r_{j/l}$ é o efeito aleatório da repetição j , dentro do ambiente l ;
- $b_{k/jl}$ é o efeito aleatório do bloco k , dentro da repetição j , dentro do ambiente l ;
- t_m é o efeito fixo de tipo m ($M = 3$, com dois grupos de progênies e um grupo de testemunha);
- $g_{i/m}$ é o efeito aleatório do genótipo i , dentro do tipo m ($i = 1, 2, \dots, I$, sendo $I = P + T$, em que P é o número de progênies de cada tipo e T o número de testemunhas), assumindo $g_i \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_p^2)$;
- ta_{lm} é o efeito aleatório da interação tipo x ambiente;
- ga_{il} é o efeito aleatório da interação genótipos x ambientes, assumindo $ga_{il} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_{pa}^2)$; e
- ε_{ijklm} é o erro experimental associado à observação Y_{ijklm} , assumindo independente e identicamente distribuído, sob $N \cap (0, \sigma^2)$.

As análises de variância foram realizadas utilizando o software estatístico SAS® para Windows versão 9.4 (SAS INSTITUTE, 2018), via procedimentos *proc glm* e *proc mixed*.

Assim, com base nesse modelo matemático e nas premissas assumidas, foi construído o seguinte esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças dos quadrados médios, como apresentado na Tabela 4. As expressões referentes às esperanças matemáticas dos quadrados médios foram consideradas análogas àquelas do delineamento em blocos completos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Tabela 4 - Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

Fonte de Variação	GL ¹	QM	E(QM)
Ambientes (A)	$L - 1$	QM_1	-
Repetições (R)/A	$L(J_1 - 1) + L(J_2 - 1)$	QM_2	-
Blocos/R/A	$JL(K - 1)$	$QM_{B/R}$	-
Genótipos (G)	$I - 1$	QM_3	-
Progênies S _{0:2}	$P_1 - 1$	QM_{P_1}	$\sigma^2 + J_1\sigma_{pa/S0:2}^2 + J_1L\sigma_p^2/S0:2$
Progênies MIS ₂	$P_2 - 1$	QM_{P_2}	$\sigma^2 + J_2\sigma_{pa/MIS2}^2 + J_2L\sigma_p^2/MIS2$
Testemunhas (T)	$T - 1$	QM_4	-
Tipo (P vs T)	$M - 1$	QM_5	-
Interação G x A	$(I - 1)(L - 1)$	QM_6	-
S _{0:2} x A	$(P_1 - 1)(L - 1)$	QM_{PA_1}	$\sigma^2 + J_1\sigma_{pa/S0:2}^2$
MIS ₂ x A	$(P_2 - 1)(L - 1)$	QM_{PA_2}	$\sigma^2 + J_2\sigma_{pa/MIS2}^2$
T x A	$(T - 1)(L - 1)$	QM_7	-
Tipo x A	$(M - 1)(L - 1)$	QM_8	-
Erro	$L(K - 1)(JK - K - 1)$	QM_{EF}	σ^2
Total	$IJL - 1$	-	

¹ $I = P_1 + P_2 + T$; $J_1 = 2$; e $J_2 = 3$.

Fonte: Da autora (2023).

Com base nas esperanças dos quadrados médios, presentes na Tabela 4, foram estimados os componentes da variância, utilizando as seguintes expressões:

- Variância do erro - $\hat{\sigma}^2$ (eq. 3):

$$\hat{\sigma}^2 = QM_E \quad (3)$$

- Variância genotípica de progênies (S_{0:2} ou MIS₂) - $\hat{\sigma}_p^2$ (eq. 4):

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{QM_{P_n} - QM_{PA_n}}{J_n L} \quad (4)$$

- Variância da interação progênes (S_{0:2} ou MIS₂) x ambientes - $\hat{\sigma}_{pa}^2$ (EQUAÇÃO 5).

$$\hat{\sigma}_{pa}^2 = \frac{QM_{PA_n} - QM_{EF}}{J_n} \quad (5)$$

- Variância fenotípica entre médias de progênes (S_{0:2} ou MIS₂) - $\hat{\sigma}_F^2$ (EQUAÇÃO 6).

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QM_{P_n}}{J_n L} \quad (6)$$

em que:

- QM_{EF} é o quadrado médio do erro;

- QM_{P_n} é o quadrado médio de progênes (S_{0:2} ou MIS₂); e

- QM_{PA_n} é o quadrado médio da interação progênes (S_{0:2} ou MIS₂) x ambientes, sendo n igual a 1 para progênes S_{0:2}; e, 2 para MIS₂.

Para as estimativas da variância genotípica de progênes S_{0:2} ($\hat{\sigma}_{p/S0:2}^2$) e MIS₂ ($\hat{\sigma}_{p/MIS2}^2$) também foram obtidos os intervalos de confiança (IC , em EQUAÇÃO 7) para $(1-\alpha)=95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick e Graybill (1992)

$$IC(\sigma_p^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\sigma}_p^2}{\chi_{n_t;0,975}^2} ; \frac{n_t \hat{\sigma}_p^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right] \quad (7)$$

em que:

- n_t é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância genotípica de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$);

- $\chi_{n_t;0,975}^2$ é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade;

e

- $\chi_{n_t;0,025}^2$ é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

O valor de n_t foi obtido segundo o procedimento descrito por Satterthwaite (1946), em Equação 8, empregado para calcular o número de graus de liberdade associado a uma estimativa do componente de variância resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com números de graus de liberdade conhecidos.

$$n_t = \frac{(QM_P - QM_{PA})^2}{\frac{(QM_P)^2}{f_1} + \frac{(QM_{PA})^2}{f_2}} \quad (8)$$

em que:

- f_1 é o número de graus de liberdade de progênes (QM_P); e
- f_2 é o número de graus de liberdade da interação progênie x ambiente (QM_{PA}).

Para as estimativas da variância da interação progênes x ambientes ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) também foram obtidos os intervalos de confiança (IC , em EQUAÇÃO 9) para $(1-\alpha)=95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick e Graybill (1992):

$$IC(\sigma_{pa}^2)_{0,95} = \left[\frac{n_{ti} \hat{\sigma}_{pa}^2}{\chi_{n_{ti};0,975}^2}; \frac{n_{ti} \hat{\sigma}_{pa}^2}{\chi_{n_{ti};0,025}^2} \right] \quad (9)$$

sendo que:

- n_{ti} é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância da interação progênes x ambientes ($\hat{\sigma}_{pa}^2$);
- $\chi_{n_{ti};0,975}^2$ é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_{ti} graus de liberdade; e
- $\chi_{n_{ti};0,025}^2$ é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_{ti} graus de liberdade.

O valor de n_{ti} foi obtido segundo o procedimento descrito por Satterthwaite (1946), em Equação 10.

$$n_{ti} = \frac{(QM_{PA} - QM_E)^2}{\frac{(QM_{PA})^2}{f_1} + \frac{(QM_E)^2}{f_2}} \quad (10)$$

em que:

- f_1 é o número de graus de liberdade da interação progênes x ambientes (QM_{PA}); e
- f_2 é o número de graus de liberdade do erro (QM_E).

Para as estimativas da variância residual ($\hat{\sigma}^2$) foram obtidos os intervalos de confiança (IC, em EQUAÇÃO 11) para $(1-\alpha)=95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick e Graybill (1992):

$$IC(\sigma^2)_{0,95} = \left[\frac{n_e \hat{\sigma}^2}{\chi_{n_e;0,975}^2} ; \frac{n_e \hat{\sigma}^2}{\chi_{n_e;0,025}^2} \right] \quad (11)$$

em que:

- n_e é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância do erro ($\hat{\sigma}^2$), obtido na análise de variância;
- $\chi_{n_e;0,975}^2$ é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_e graus de liberdade;
- e
- $\chi_{n_e;0,025}^2$ é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_e graus de liberdade.

Para a estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênies (\hat{h}_p^2), foi considerado o modelo aditivo-dominante proposto por Mather e Jinks (1984), na qual as médias das populações segregantes são expressas em termos da média dos parentais (m), que depende das condições gerais das observações, do componente aditivo (a), representado pela diferença entre os homozigotos em relação à dos parentais, e do componente de dominância (d) refletido pelas propriedades dos heterozigotos. Assim, foi suposto que durante a recombinação da população com sementes $S_{0:1}$ os valores genotípicos para um único *loco* A eram $m + a$ para A_1A_1 , $m + d$ para A_1A_2 , e $m - a$ para A_2A_2 ; que as frequências eram $p = q = \frac{1}{2}$; que as frequências genotípicas entre plantas $S_{0:1}$ eram $\frac{1}{4}$ para A_1A_1 , $\frac{1}{2}$ para A_1A_2 , e $\frac{1}{4}$ para A_2A_2 ; e que as frequências genotípicas dentro de plantas $S_{0:1}$ para o *loco* de macho esterilidade genética, com segregação independente do *loco* A, eram $\frac{1}{4}$ para $MsMs$, $\frac{1}{2}$ para $Msms$, e $\frac{1}{4}$ para $msms$; como esquematizado na Figura 3. Portanto, a variância aditiva (σ_A^2) considerada como $2pq[a + d(q - p)]^2$ foi igual a $\frac{1}{2}a^2$ e a variância de dominância (σ_D^2) considerada como $4p^2q^2d^2$ foi igual a $\frac{1}{4}d^2$. É importante considerar para este estudo, que por se tratar de uma população de seleção recorrente, além da variância aditiva e de dominância constituinte da variância genética entre progênies (σ_p^2), existem outros componentes de variância, como descrito por Souza Júnior (1989). Tais componentes foram tratados como nulos, uma vez que suas estimações ficariam além do escopo do presente estudo.

Figura 3 - Esquema das frequências genótípicas durante a recombinação da população com uso de sementes S_{0:1}.

$$\frac{1}{4} A_1 A_1 \begin{bmatrix} \frac{1}{4} MsMs \\ \frac{1}{2} Msms \\ \frac{1}{4} msms^* \end{bmatrix} : \frac{1}{2} A_1 A_2 \begin{bmatrix} \frac{1}{4} MsMs \\ \frac{1}{2} Msms \\ \frac{1}{4} msms^* \end{bmatrix} : \frac{1}{4} A_2 A_2 \begin{bmatrix} \frac{1}{4} MsMs \\ \frac{1}{2} Msms \\ \frac{1}{4} msms^* \end{bmatrix}$$

* Somente seleção fenotípica de genótipos *msms* (macho estéril).

Fonte: Da autora (2023).

Desse modo, as estimativas de variâncias genéticas entre progênies S_{0:2} ($\hat{\sigma}_{p/S0:2}^2$, EQUAÇÃO 12) e de meios-irmãos S₂ ($\hat{\sigma}_{p/MIS2}^2$, EQUAÇÃO 13) terão as seguintes proporções de variância aditiva (σ_A^2) e de dominância (σ_D^2):

$$\hat{\sigma}_{p/S0:2}^2 = \left[\frac{3}{8} \left(a - \frac{1}{16} d \right)^2 + \frac{1}{4} \left(\frac{3}{16} d \right)^2 + \frac{3}{8} \left(-a - \frac{1}{16} d \right)^2 \right] = \frac{3}{2} \sigma_A^2 + \frac{3}{64} \sigma_D^2 \quad (12)$$

$$\hat{\sigma}_{p/MIS2}^2 = \left[\frac{1}{4} \left(a - \frac{1}{16} d \right)^2 + \frac{1}{2} \left(\frac{1}{16} d \right)^2 + \frac{1}{4} \left(-a - \frac{1}{16} d \right)^2 \right] = \sigma_A^2 + \frac{1}{64} \sigma_D^2 \quad (13)$$

O grau médio de dominância (*add*), conforme expressão $add = (2\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2)^{\frac{1}{2}}$ (COCKERHAM, 1963) foi considerado nulo ($add = 0$), uma vez que sua porção em relação a variância aditiva é muito baixa nas variâncias entre progênies (EQUAÇÕES 12 e 13). Logo, as estimativas de variância aditiva foram obtidas pelas expressões (EQUAÇÕES 14 e 15).

$$\hat{\sigma}_A^2 = \frac{2}{3} \hat{\sigma}_{p/S0:2}^2 \quad (14)$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_{p/MIS2}^2 \quad (15)$$

Com base nessas estimativas foi obtida a estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênies S_{0:2} (\hat{h}_p^2), por meio da expressão (EQUAÇÕES 16)

$$\hat{h}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2} \times 100 \quad (16)$$

2.3.3 Resposta esperada com a seleção

A resposta esperada com a seleção de progênies $S_{0:2}$ ($Rs_{S_{0:2}}$) e progênies de meios-irmãos S_2 (Rs_{MIS_2}), foi estimada a partir do procedimento descrito por Falconer e Mackay (1996) (EQUAÇÃO 19).

$$Rs = ds\hat{h}_p^2 \quad (19)$$

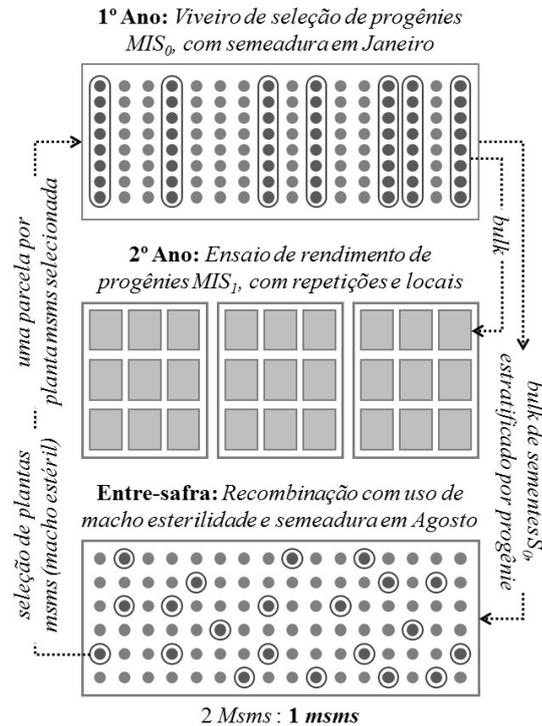
em que:

- ds é o diferencial de seleção das progênies selecionadas em relação à média da população; e
- \hat{h}_p^2 é a estimativa da herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênies.

Já a resposta esperada com a seleção, em percentagem ($Rs\%$), foi obtida dividindo Rs pela média original das progênies da população (\bar{X}_0).

Para cada estratégia deste estudo para conduzir o método de seleção recorrente foi aplicado uma intensidade de seleção diferente devido ao tipo de progênie (MIS_2 ou $S_{0:2}$) utilizada como unidade de seleção (US), uma vez que a US influencia na unidade de recombinação (UR) a ser usada, cujos tamanhos efetivos (Ne) não são iguais (FIGURAS 1, 2 e 4). Isto é, o uso de progênies $S_{0:2}$ (UR) permite adotar sementes $S_{0:1}$ como UR, que possui $Ne = 1$ e $\frac{1}{4}$ de genótipos $msms$ (macho estéril), enquanto o uso de progênies MIS_2 permite adotar sementes S_0 como UR, que possui $Ne = 4$ e $\frac{1}{3}$ de genótipos $msms$. Logo, para obter uma amostra da população de tamanho efetivo igual a 52 genótipos, as intensidades de seleção foram de 13 progênies MIS_2 e de 52 de progênies $S_{0:2}$, pois as sementes S_0 possuem Ne quatro vezes maior que as sementes $S_{0:1}$.

Figura 4 - Esquema ilustrativo das etapas que envolvem a nova estratégia para condução do método de seleção recorrente, com a população CNA 9.



Fonte: Da autora (2023).

2.3.4 Ganho genético anual esperado

Para cada caráter em cada uma das duas estratégias para conduzir o método de seleção recorrente, o ganho genético anual esperado ($G_A\%$), em percentagem, foi estimado como a razão entre a estimativa do coeficiente da regressão angular (\hat{b}_1) e a média original da população (\bar{X}_0), de modo que a regressão linear generalizada foi obtida com a média original da população (\bar{X}_0) e a estimativa da média da população melhorada (\hat{X}_M), sendo $\hat{X}_M = \bar{X}_0 (1 + Rs\%)$ após dois anos para completar um ciclo de seleção com uso de progênes MIS₂; e, três anos, com progênes S_{0:2}.

3 RESULTADOS

3.1 Análises de variância individuais

Encontram-se na Tabela 5, os resultados das análises de variância individuais com progênies MIS₂ e S_{0:2}, em cada ambiente, para os caracteres número de dias para o florescimento (DF, dias), altura de plantas (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹).

Observou-se que, entre os ambientes e as unidades de seleção, a precisão experimental variou de acordo com o caráter avaliado. As estimativas do coeficiente de variação experimental (CV) variaram para número de dias para florescimento de 1,50% (MIS₂ em A6) a 3,41% (S_{0:2} em A3); para altura de plantas de 3,55% (S_{0:2} em A1) a 6,09% (MIS₂ em A6) e para produtividade de grãos de 5,46% (S_{0:2} em A1) a 25,80% (S_{0:2} em A4). Essas estimativas de CV apresentaram, em média, para todos os caracteres avaliados, baixos valores, indicando alta precisão experimental, como proposto por Costa *et al.* (2002) para a cultura do arroz em ambiente de terras altas. A exceção foi para PG, com progênies S_{0:2} em A4, que apresentou média precisão experimental. Considerando apenas o caráter PG, o CV dos experimentos com progênies S_{0:2} foram em média 25% maiores que os com progênies MIS₂. Isto pode ser justificado pois, para um caráter de natureza quantitativa, isto é, complexo, controlado por vários genes e altamente influenciada pelo ambiente, os experimentos com S_{0:2} eram compostos por maior número de parcelas devido ao maior número de tratamentos (210 progênies S_{0:2} versus 42 MIS₂), mesmo tem sido adotado menor número de repetições com S_{0:2}. Por consequência, os experimentos com S_{0:2} ocuparam uma área experimental maior do que com MIS₂, reduzindo assim a ocorrência de áreas homogêneas dentro de repetições, mesmo tem sido aplicado o controle local com blocos dentro de repetições em delineamento alfa-látice (CARGNELUTTI FILHO; RIBEIRO; STORCK, 2009).

Tabela 5 - Análises de variância individuais de cada ambiente para os caracteres número de dias para o florescimento (DF, dias), altura de plantas (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹).

FV	A1 (LAV, 2019/20)			A2 (SAG, 2020/21)			A3 (LAV, 2020/21)			A4 (LAV, 2020/21)			
	GL	QM			QM			QM			QM		
		DF	AP	PG	DF	AP	PG	DF	AP	PG	DF	AP	PG
Rep. (R)	1	3,920500	58,27	22.061	73,34**	811,2**	2.997.047**	20,90	0,0370	591.263	0,00231	1,89	62.538
Blocos (B)	22	8,414495	16,89	76.972	5,00**	77,2**	973.254**	13,71	24,5996	1.076.617**	6,10557	9,91	121.162
Gen. (G)	214	20,752232**	61,52**	1.366.537**	22,84**	80,0**	1.785.993**	20,10**	35,5841*	1.001.146**	38,65098**	59,23**	662.761**
Prog. S ₀₂ (P ₁)	209	20,634389**	60,65**	1.347.311**	23,18**	78,0**	1.773.918**	19,86**	35,0153*	1.009.928**	38,77498**	59,00**	672.935**
Test. (T)	5	19,825006**	87,69**	2.508.873**	8,04**	172,7**	2.239.198**	32,45**	68,8064*	649.844	21,66823**	67,19**	287.643
Tipo (P ₁ vs T)	1	0,000059	3,98	10.001	262,05**	194,6*	816.983	28,66	14,4119	1.236.058	0,42123	19,63	151.774
Erro†	N ₁	5,745626	15,01	84.189	1,99	40,0	290.541	9,32	26,4703	497.645	7,50226	16,48	154.479
Média geral		92,8	109,1	5.311	89,6	104,2	3.853	89,5	101,6	4.131	102,2	70,2	1.523
CV (%)		2,58	3,55	5,46	1,58	6,07	13,99	3,41	5,07	17,08	2,68	5,78	25,80
FV	A5 (LAV, 2019/20)			A6 (SAG, 2020/21)			A7 (LAV, 2020/21)			A8 (LAV, 2020/21)			
	GL	QM			QM			QM			QM		
		DF	AP	PG	DF	AP	PG	DF	AP	PG	DF	AP	PG
Rep. (R)	1	12,09	57,83	381.667	2,69	55,7	1.672.096**	25,08**	57,5*	360.960*	16,84	31,17*	5.196
Blocos (B)	15	10,61	50,13**	324.924	1,30	58,1	404.827*	3,75	20,3	82.560	7,61	10,69	56.801
Gen. (G)	46	23,90**	117,00**	1.628.417**	21,62**	120,4**	1.895.088**	10,87**	49,4**	312.606**	23,80**	28,50**	342.200**
Prog. MIS ₂ (P ₂)	41	22,10**	104,40**	1.632.563**	22,26**	109,1**	1.632.292**	11,42**	41,0**	214.825**	24,73**	19,89**	312.996**
Test. (T)	5	34,38**	243,16**	1.384.703**	16,72**	224,2**	4.205.176**	7,51*	119,5**	991.911**	15,40*	94,31**	517.108**
Tipo (P ₂ vs T)	1	122,22**	2,89	1.389.470*	102,20**	252,5*	3.052.640**	52,94**	294,0**	4.097.913**	229,40**	237,17**	2.636
Erro†	N ₂	5,95	18,81	313.190	1,75	42,1	203.689	2,98	12,6	86.362	5,69	7,01	54.286
Média geral		92,5	119,3	5.670	88,2	106,4	4.007	95,1	70,6	1.698	98,7	71,3	1.981
CV (%)		2,64	3,63	9,87	1,50	6,09	11,26	1,82	5,02	17,30	2,42	3,71	11,76

†Graus de liberdade do Erro, sendo N₁ para DF e AP igual a 192 (A1), 193 (A2 e A3), 181 (A4), 79 (A5, A6 e A7) e 73 (A8); e para PG, 161 (A1), 193 (A2 e A3), 193 (A4), 79 (A5, A6 e A7) e 70 (A8). LAV: Lavras/MG. STO: Santo Antônio de Goiás/GO. CV: Coeficiente de variação. ** Significativo a 99% de confiabilidade. * Significativo a 95% de confiabilidade.

Fonte: Da autora (2023).

Em relação às médias gerais dos caracteres apresentados na Tabela 5, o caráter DF variou de 88,2 dias (A6) a 98,7 dias (A8) em progênies de MIS₂ e de 89,5 dias (A3) a 102,2 dias (A4) em progênies S_{0:2}. Nota-se que, as progênies MIS₂ apresentaram média DF menores em comparação às S_{0:2}. Contudo, no geral, todas as progênies avaliadas apresentaram ciclo curto a médio. A média geral do caráter AP em progênies de MIS₂ nos diferentes ambientes variou de 70,6 cm (A7) a 119,3 cm (A5), enquanto em progênies S_{0:2} a variação foi de 70,2 cm (A4) a 109,1 cm (A1). Com relação ao caráter PG, a média geral em progênies de MIS₂ nos diferentes ambientes variou de 1.698 kg ha⁻¹ (A7) a 5.670 kg ha⁻¹ (A5), sendo que em progênies S_{0:2} a variação foi de 1.523 kg ha⁻¹ (A4) a 5.310 kg ha⁻¹ (A1).

Para todos os três caracteres, tanto para S_{0:2} quanto para MIS₂, o efeito de progênies foi no mínimo significativo ($p \leq 0,05$) em todos os seis ambientes, demonstrando a existência de variabilidade genética disponível para conseguir ganhos genéticos com seleção na população CNA 9. Também, em quase todos os ambientes, houveram diferenças estatísticas para o efeito de testemunhas, confirmando haver entre estas a existência de contrastes entre médias para os três caracteres. Já para o efeito de tipo, foram observadas maior ocorrência de diferenças não significativas entre as médias de progênies e testemunhas em todos os ambientes, revelando que boa concentração de alelos favoráveis dos conjuntos de progênies em relação às cultivares que foram utilizadas como testemunhas.

3.2 Análise de variância conjunta

Na Tabela 6 estão apresentados os resultados das análises de variância conjunta para os caracteres DF (dias), AP (cm) e PG (kg ha⁻¹).

A precisão experimental foi satisfatória para os três caracteres, com estimativas de CV de 2,51%, 5,08% e 13,54%, respectivamente para DF, AP e PG. Para os três caracteres, observou-se que houveram diferenças significativas ($p \leq 0,05$) para todos os efeitos. Assim, houve pelo menos um contraste entre médias diferente de zero para ambientes, repetições, blocos, progênie, testemunhas e tipos, bem como, a ocorrência de interações entre genótipos (progênies e testemunhas) e ambientes. Ademais, contraste significativo entre as médias de progênies MIS₂ e S_{0:2} comprovam que há presença de variabilidade genética na população CNA 9; e, a significância no efeito de testemunha indica que o contraste entre as testemunhas foi diferente de zero para os três caracteres. Esses resultados foram iguais aos encontrados nas análises individuais para todos os seis ambientes. Para o efeito de tipo, isto mostra que existe

contraste diferente de zero entre as médias das progênes $S_{0:2}$, progênes MIS_2 e testemunhas. Resultado este, semelhante ao visto no geral nas análises individuais das progênes para os três caracteres e nos seis ambientes.

Levando em conta as interações $G \times A$, desdobrada em $MIS_2 \times A$, $S_{0:2} \times A$ e $T \times A$, os resultados indicam que o comportamento dos genótipos não foi coincidente nos diferentes ambientes. E em relação a ocorrência de significância para o efeito da interação Tipo $\times A$, isto indica que os grupos de progênes e testemunhas em todos os caracteres não apresentaram comportamentos semelhantes entre os ambientes.

Tabela 6 - Análise conjunta das unidades de seleção progênes MIS_2 e $S_{0:2}$ para os caracteres dias para florescimento (DF, dias), altura de plantas (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, $kg\ ha^{-1}$).

FV	GL	QM		
		DF	AP	PG
Ambientes (A)	7	7.814,18**	4.086,78**	636.262.267**
Repetições (R)/A	12	17,63**	4,54**	709.396**
Blocos/R/A	166	7,22**	1,31**	387.274**
Genótipos (G)	257	46,20**	4,09**	1.981.702**
Progênes $S_{0:2}$ (P ₁)	209	43,09**	3,43**	1.941.927**
Progênes MIS_2 (P ₂)	41	52,51**	5,47**	1.756.347**
Testemunhas (T)	5	22,36**	22,99**	5.624.714**
Tipo	2	306,81**	4,58**	841.809*
Interação $G \times A$	791	18,06**	2,19**	913.822**
$S_{0:2}$ (P ₁) $\times A$	627	19,43**	2,17**	951.419**
MIS_2 (P ₂) $\times A$	123	9,48**	1,96**	665.401**
$T \times A$	35	18,48**	2,90**	1.032.840**
Tipo $\times A$	6	36,92**	5,51**	1.565.119**
Erro†	N_1	5,52	4.086,78	237.525
Média geral		93,5	95,2	3.600
CV(%)		2,51	5,08	13,54

†Graus de liberdade do Erro, sendo N_1 para DF e AP igual a 1069, e para PG igual a 1026; CV: Coeficiente de variação. ** Significativo a 99% de confiabilidade. * Significativo a 95% de confiabilidade.

Fonte: Da autora (2023).

3.3 Estimativas dos componentes de variância

Na Tabela 7, estão apresentadas para os caracteres DF, AP e PG as estimativas dos componentes de variância ($\hat{\sigma}_p^2$, $\hat{\sigma}_{pa}^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$), com seus respectivos intervalos de confiança, as herdabilidades no sentido restrito (\hat{h}_p^2), as médias originais da população (\bar{X}_0), as médias das progênies selecionadas (\bar{X}_S) e as respostas esperadas com a seleção (Rs).

Tabela 7 - Estimativas dos componentes de variância com seus respectivos intervalos de confiança, das variâncias aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$), das variâncias fenotípicas entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), das herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}_p^2), média original da população (\bar{X}_0), média das progênies selecionadas (\bar{X}_S), diferencial de seleção (ds) e resposta esperada com a seleção (Rs), para os caracteres dias para florescimento (DF, dias), altura de plantas (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹).

Estimativas	DF		AP		PG	
	S _{0:2}	MIS ₂	S _{0:2}	MIS ₂	S _{0:2}	MIS ₂
LS	4,49	6,70	7,37	16,04	192.647	219.166
$\hat{\sigma}_p^2$	2,96	3,59	3,68	6,84	123.814	90.912
LI	2,16	1,24	2,32	1,38	87.280	45.332
LS	8,23	2,83	17,32	13,98	417.398	220.807
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	6,96	1,32	13,67	7,48	356.947	142.625
LI	5,99	0,80	11,18	4,81	308.883	100.038
LS	6,02	6,02	25,51	25,51	259.498	259.498
$\hat{\sigma}_e^2$	5,52	5,52	23,40	23,40	237.525	237.525
LI	5,08	5,08	21,53	21,53	218.240	218.240
$\hat{\sigma}_A^2$	1,97	3,59	2,45	6,84	82.542	90.912
$\hat{\sigma}_F^2$	5,39	4,38	10,02	10,66	242.741	146.362
\hat{h}_p^2 (%)	36,60	81,95	24,48	64,18	34,00	62,11
\bar{X}_0	93,2	94,3	92,9	95,3	3.406	3.615
\bar{X}_S	91,2	92,8	91,0	93,1	3.764	3.891
ds	-2,076	-1,454	-1,914	-2,203	358	276
Rs	-0,760	-1,192	-0,468	-1,414	122	171
$Rs\%$	-0,81	-1,26	-0,50	-1,48	3,58	4,74

$\hat{\sigma}_p^2$: variância genotípica de progênies S_{0:2} ou MIS₂; $\hat{\sigma}_{pa}^2$: variância da interação progênie x ambiente; $\hat{\sigma}_F^2$: variância fenotípica entre médias de progênies S_{0:2} ou MIS₂; LI: Limite inferior do intervalo de confiança; LS: Limite superior do intervalo de confiança.

Fonte: Da autora (2023).

Para todos os caracteres, observou-se, por meio dos intervalos de confiança, que as magnitudes das estimativas das variâncias genotípicas de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) não diferiram entre progênies S_{0:2} e MIS₂, pois houve sobreposição dos limites. Todas as $\hat{\sigma}_p^2$ foram positivas, diferentes de zero e tiveram precisões satisfatórias, com intervalos de confiança de pequena

amplitude (TABELA 7). Apesar das magnitudes da $\hat{\sigma}_p^2$ terem sido superiores com progênies MIS₂ em comparação as progênies S_{0:2} apenas para DF e AP, e não para PG; para todos os caracteres, as estimativas das variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) com progênies MIS₂ foram superiores às das progênies S_{0:2}, pois a $\hat{\sigma}_p^2$ dessas progênies é composta por maior proporção da $\hat{\sigma}_A^2$ do que em progênies S_{0:2}, contendo, $1\hat{\sigma}_A^2$ ao invés de $3/2\hat{\sigma}_A^2$.

Também, as estimativas das variâncias das interações progênies x ambientes ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) foram positivas, diferentes de zero, e com precisões satisfatórias, com intervalos de confiança de pequena amplitude. Para os três caracteres, as $\hat{\sigma}_{pa}^2$ com progênies S_{0:2} foram maiores que com progênies MIS₂. Além disto, diferente das estimativas ($\hat{\sigma}_p^2$), verificou-se que as $\hat{\sigma}_{pa}^2$ de PG e DF não tiveram sobreposições dos limites dos intervalos de confiança entre progênies S_{0:2} e MIS₂, indicando que a interação de progênies MIS₂ foi estatisticamente diferente da interação de progênies S_{0:2} com os ambientes (TABELA 7). Por consequência a essas maiores $\hat{\sigma}_{pa}^2$, todas as estimativas de variância fenotípica entre médias de progênies S_{0:2} ($\hat{\sigma}_F^2$) foram maiores do que com progênies MIS₂.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}_p^2), em nível de médias de progênies, foram considerados baixas para S_{0:2} e variaram de 24,48% (AP) a 36,60% (DF). Já as magnitudes de \hat{h}_p^2 para MIS₂ variaram de média 62,11% (PG) a alta 81,95% (DF), a princípio, apresentando ser um bom indicador para que se obtenha maiores respostas esperadas com a seleção (TABELA 7).

Com relação às médias originais da população para os caracteres avaliados (\bar{X}_0), apresentadas na Tabela 7, verificou-se que houve uma pequena variação das estimativas entre os tipos de progênies S_{0:2} e MIS₂. A média geral para DF variou de 93,2 dias (S_{0:2}) a 94,3 dias (MIS₂); para AP de 92,9 cm (S_{0:2}) a 95,3 cm (MIS₂); e, para PG de 3.406 kg ha⁻¹ (S_{0:2}) a 3.615 kg ha⁻¹ (MIS₂), havendo uma ligeira precocidade e menores alturas de plantas nas S_{0:2}, enquanto para PG, as MIS₂ foram cerca de 6,1% superiores às S_{0:2}.

Sobre as médias das progênies selecionadas (\bar{X}_5), relatadas na Tabela 7, é possível observar que houve ganhos adicionais com a seleção e variação das estimativas dessas médias para todos os caracteres e entre os tipos de progênies S_{0:2} e MIS₂. As \bar{X}_5 para DF variou de 91,2 dias (S_{0:2}) a 92,8 dias (MIS₂); para AP, de 91,0 cm (S_{0:2}) a 93,1 cm (MIS₂); e, para PG de 3.764 kg ha⁻¹ (S_{0:2}) a 3.891 kg ha⁻¹ (MIS₂). Assim, verificou-se que entre os tipos de progênies, as \bar{X}_5 mantiveram o mesmo comportamento das \bar{X}_0 , cujas S_{0:2}, apesar de terem se mostrado na média

mais precoces e mais altas, a produtividade de grãos maior ocorreu com as MIS₂, com superioridade de cerca de 3,4%.

A resposta esperada com a seleção (R_s) de genótipos superiores possibilita ao melhorista estimar o ganho genético com a seleção, antes mesmo de sua observação. No presente trabalho, o objetivo foi praticar a seleção para maior precocidade, menor altura de plantas e maior produtividade de grãos, de modo que foram obtidas estimativas de resposta esperada com seleção (R_s ou $R_s\%$, em percentagem) negativas para DF e AP; e, positivas para PG. Para todos os três caracteres, as maiores estimativas de R_s ou $R_s\%$ foram obtidas com MIS₂, demonstrando um maior sucesso na seleção quando se utiliza esse tipo de progênie, pois apesar dos diferenciais de seleção (ds) com S_{0:2} terem sido maiores do que com MIS₂, as \hat{h}_p^2 com S_{0:2} foram bem menores para todos os caracteres em relação a MIS₂, reduzindo assim a R_s devido a menor acurácia na seleção (TABELA 7).

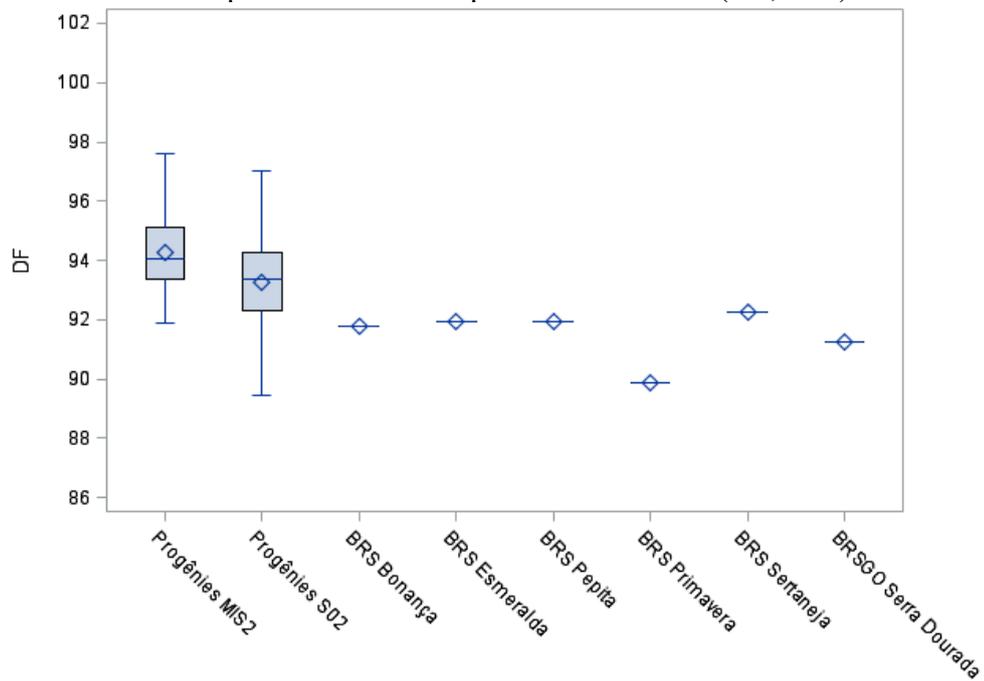
3.4 Análise das médias das progênies S_{0:2} e MIS₂, e testemunhas (BLUP)

Nas Figuras 5, 6 e 7 estão apresentados os gráficos *boxplots* das médias (BLUP) das progênies S_{0:2} e MIS₂ em comparação com as médias das testemunhas para DF, AP e PG. É possível analisar que houve variabilidade genética entre as progênies S_{0:2} e MIS₂ para os três caracteres.

Para DF, houve maior variabilidade genética entre as médias de progênies S_{0:2}, com uma amplitude entre a progênie mais precoce e a mais tardia próxima de 8 dias. Já com progênies MIS₂, essa amplitude foi de aproximadamente 6 dias. Contudo, nota-se que, em média, as progênies S_{0:2} e MIS₂ tiveram pouca variação, com médias gerais em torno de 93 dias e 94 dias para o florescimento, respectivamente (FIGURA 5).

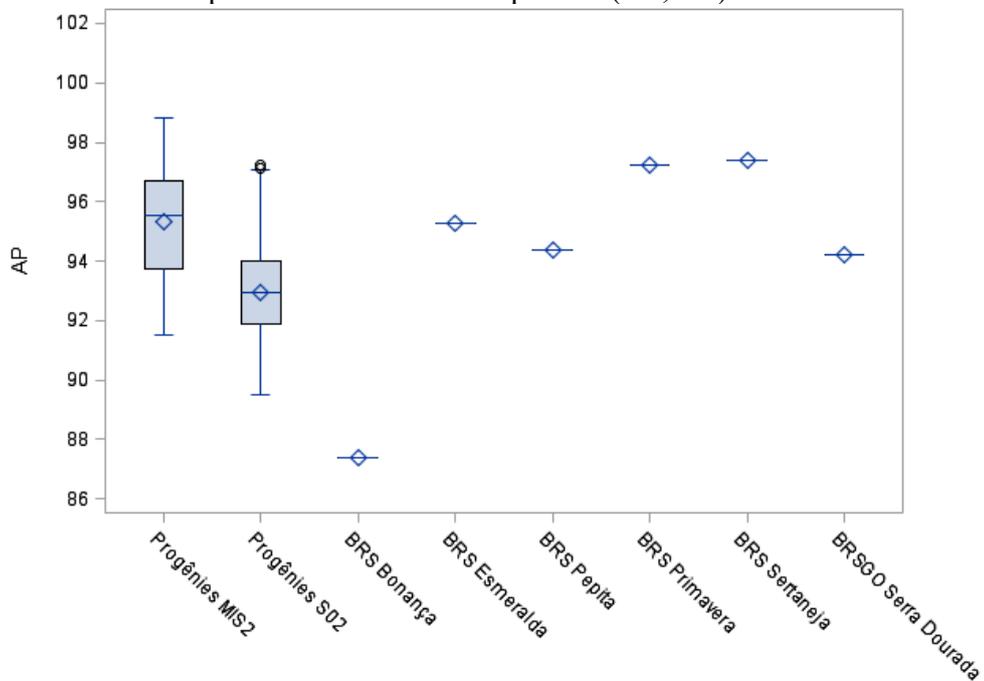
Para AP, as amplitudes das progênies S_{0:2} e MIS₂ foram próximas de 7,5 cm. As médias gerais para progênies S_{0:2} e MIS₂ foram, respectivamente, 92,9 cm e 95,3 cm (FIGURA 6). A princípio, esses resultados podem colaborar para a identificação de genótipos mais produtivos e com menor tendência ao acamamento, uma vez que na literatura cita-se que esses caracteres possuem correlação negativa (LI *et al.*, 2019).

Figura 5 - Gráfico *boxplot* das médias (BLUP) das progênes $S_{0:2}$ e MIS_2 , e médias das testemunhas para o caráter dias para florescimento (DF, dias).



Fonte: Da autora (2023).

Figura 6 - Gráfico *boxplot* das médias (BLUP) das progênes $S_{0:2}$ e MIS_2 , e médias das testemunhas para o caráter altura de plantas (AP, cm).

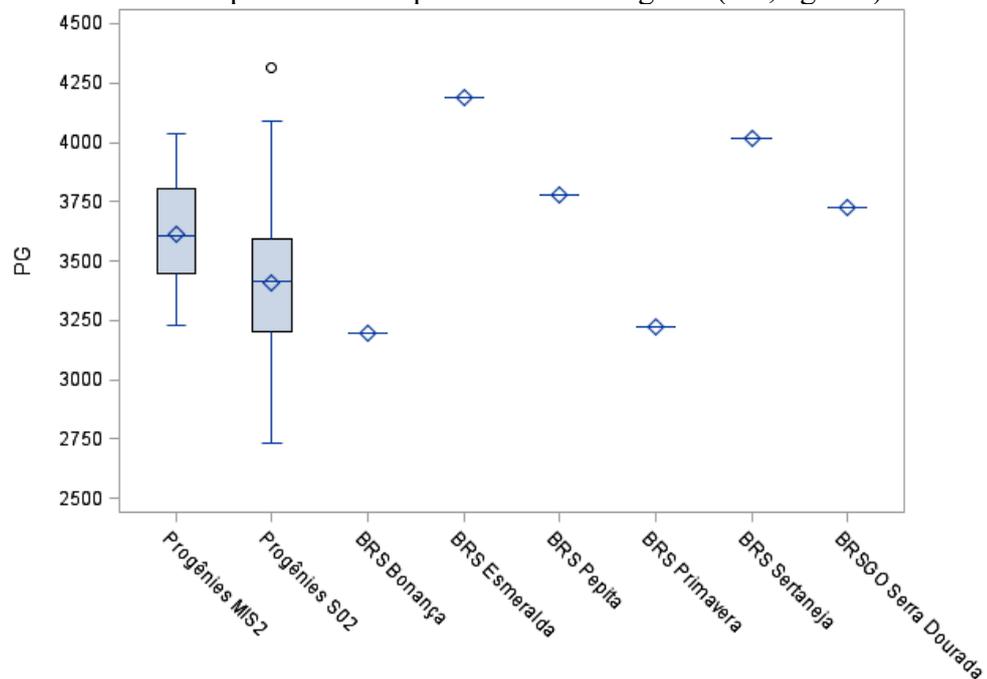


Fonte: Da autora (2023).

Para PG, verificou-se magnitudes de variabilidade genética, ou seja, o grau de diversidade existente nos alelos da população entre as médias de progênes de 3.228 kg ha^{-1} e

4.037 kg ha⁻¹ para MIS₂, sendo a amplitude de 809 kg ha⁻¹; e de 2.735 kg ha⁻¹ a 4.317 kg ha⁻¹ para S_{0:2}, sendo a amplitude de 1.582 kg ha⁻¹ (FIGURA 7). Esses resultados demonstram, inicialmente, que as progênes S_{0:2} que foram obtidas por amostragem aleatórias dentro de progênes MIS₀ revelaram genótipos com comportamentos mais extremos na distribuição normal fenotípica do caráter, que ficaram ocultados na média das progênes de meios-irmãos aonde também estavam presentes, corroborando com os resultados apresentados na Tabela 7.

Figura 7 - Gráfico *boxplot* das médias (BLUP) das progênes S_{0:2} e MIS₂, e médias das testemunhas para o caráter produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹).



Fonte: Da autora (2013).

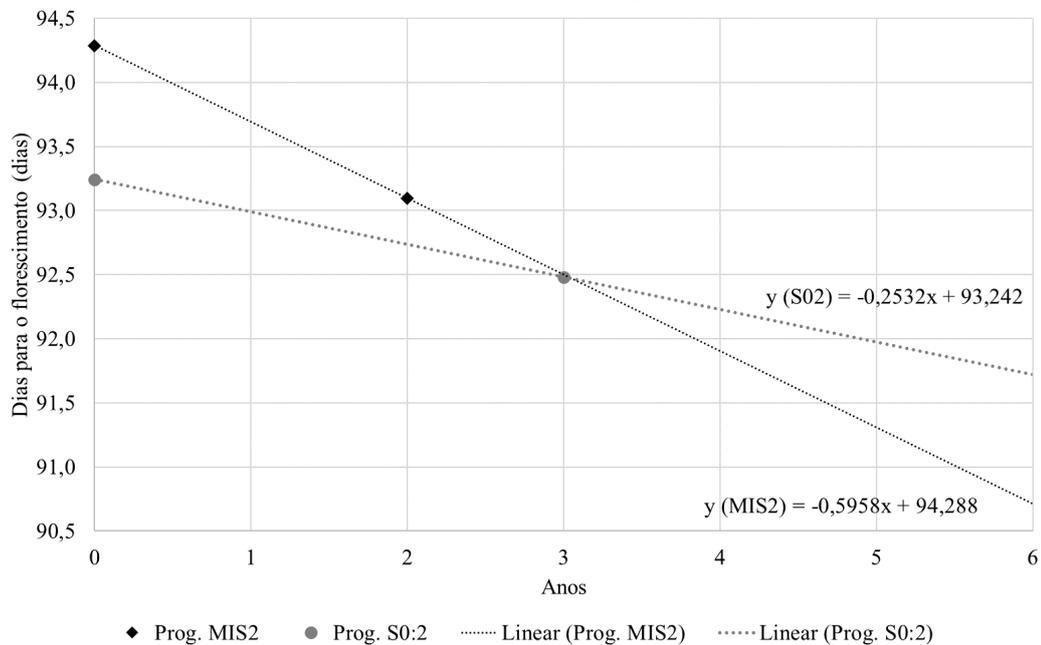
Percebeu-se também que, para os três caracteres, as médias gerais das progênes MIS₂ foram superiores em relação as das progênes S_{0:2}, especialmente para PG que possui herança genética mais complexa, sendo 3.615 kg ha⁻¹ e 3.406 kg ha⁻¹, os respectivos valores (FIGURA 7).

Por fim, dentre as seis cultivares comerciais utilizadas como testemunhas, destacou-se em primeiro lugar para produtividade de grãos a BRS Esmeralda; e, a BRS Sertaneja, em segundo lugar, porém com maior altura de plantas, indicando ser mais propensa ao acamamento (FIGURAS 5, 6 e 7).

3.5 Ganho genético anual esperado

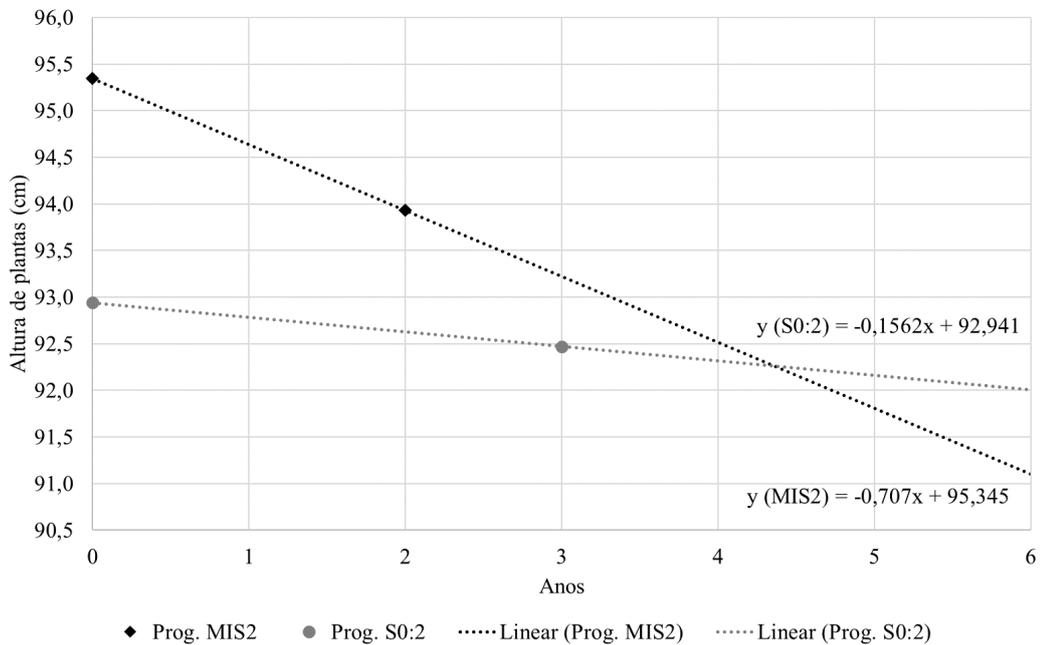
Pelos resultados das equações de regressão linear generalizada ajustadas para as médias das progênes S_{0:2} e MIS₂ (BLUPs), é possível verificar que houve progresso genético para os três caracteres nos dois tipos de progênes. Contudo, a estratégia de uso de progênes MIS₂ como unidade de seleção fez com que o progresso genético fosse mais acentuado (FIGURAS 8, 9 e 10; TABELA 8).

Figura 8 - Regressões lineares generalizadas para um ciclo de seleção recorrente com uso de progênes MIS₂ como unidade de seleção (duração de 2 anos) ou uso de progênes S_{0:2} (duração de 3 anos), para o caráter dias para florescimento (dias).



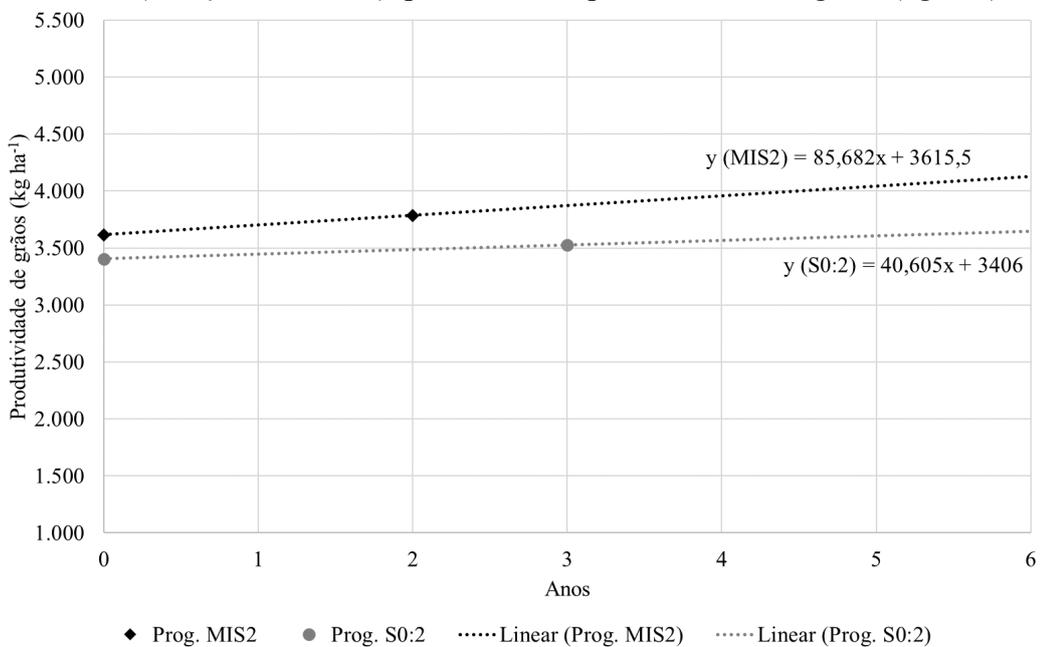
Fonte: Da autora (2023).

Figura 9 - Regressões lineares generalizadas para um ciclo de seleção recorrente com uso de progênies MIS₂ como unidade de seleção (duração de 2 anos) ou uso de progênies S_{0:2} (duração de 3 anos), para o caráter altura de plantas (cm).



Fonte: Da autora (2023).

Figura 10 - Regressões lineares generalizadas para um ciclo de seleção recorrente com uso de progênies MIS₂ como unidade de seleção (duração de 2 anos) ou uso de progênies S_{0:2} (duração de 3 anos), para o caráter produtividade de grãos (kg ha⁻¹).



Fonte: Da autora (2023).

Tabela 8 - Estimativas dos parâmetros das regressões lineares generalizadas, com as médias originais da população (\bar{X}_0), estimativas dos coeficientes das regressões angulares (\hat{b}_1) e os respectivos ganhos genéticos anuais esperados ($G_A\%$) para os caracteres dias para florescimento (DF, dias), altura de plantas (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹).

Caracteres	Progênie	Parâmetros		
		\hat{b}_1	\bar{X}_0	$G_A\%$
DF	S _{0:2}	-0,253	93,2	-0,27
	MIS ₂	-0,596	94,3	-0,63
AP	S _{0:2}	-0,156	92,9	-0,17
	MIS ₂	-0,707	95,3	-0,74
PG	S _{0:2}	40,605	3.406	1,19
	MIS ₂	85,682	3.615	2,37

Fonte: Da autora (2023).

Nas Figuras 8, 9 e 10 e na Tabela 8, observou-se que os ganhos genéticos anuais esperados ($G_A\%$) foram sempre maiores com uso de progênie MIS₂ em dois anos para cada ciclo de seleção em relação a progênie S_{0:2} em três anos para cada ciclo de seleção. Para DF, o $G_A\%$ foi de -0,27% com S_{0:2} e de -0,63% com MIS₂; para AP, o $G_A\%$ foi de -0,17% com S_{0:2} e -0,74% com MIS₂; e para PG, o $G_A\%$ foi de 1,19% com S_{0:2} e 2,37% com MIS₂.

4 DISCUSSÃO

Obter ganhos de forma contínua sempre será um grande desafio no melhoramento genético do arroz e outras culturas, principalmente para caracteres quantitativos. Nesse sentido, a seleção recorrente tem se mostrado um método eficiente para aumentar a frequência de alelos favoráveis na cultura do arroz, especialmente quando associado ao uso de macho esterilidade genética para realização da recombinação, havendo também a possibilidade de ser feita com a realização de emasculação seguida de polinização manual (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017b).

Embora o método de seleção recorrente seja flexível e possa ter adaptações em suas etapas (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017b; MARQUES, 2021), isso não exclui, a importância de se obter dados fenotípicos de alta qualidade, uma vez que estes interferem sobremaneira nas estimativas dos valores genotípicos das progênes e, conseqüentemente, sobre os ganhos com a seleção e manutenção da variabilidade genética da população base (MORAIS *et al.*, 2015; TOMÉ *et al.*, 2021).

Dessa forma, no presente trabalho, as estimativas do coeficiente de variação experimental (CV) da análise de variância conjunta das progênes MIS₂ e S_{0:2}, para os três caracteres avaliados, apresentaram estimativas abaixo de 20% (TABELA 6), indicando que houve boa precisão experimental, e alta qualidade dos dados fenotípicos, considerando o delineamento experimental, o tipo de progênie, a cultura e o tamanho das parcelas adotados (BRESEGHELLO; COELHO *et al.*, 2013). Isto implica na confiabilidade dos resultados obtidos na referida pesquisa para embasar sua discussão.

Segundo Ramalho *et al.* (2012), para aumentar a frequência alélica em uma população é necessário um conjunto de fatores que envolvam a presença e manutenção da variabilidade genética para manter progressos futuros, estratégia de seleção e recombinação, tamanho efetivo da população e precisão experimental. Do mesmo modo, estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos das populações utilizadas na seleção recorrente, conjuntamente com o progresso genético, auxilia na tomada de decisão nos programas de melhoramento, além de dar a chance de prever ganhos futuros com a seleção (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2015).

Comparando as magnitudes das estimativas dos parâmetros genotípicos e fenotípicos das progênes MIS₂ e S_{0:2}, para os caracteres DF, AP e PG (TABELA 7), observa-se que houve variabilidade genética para os três caracteres, pois os limites inferiores dos intervalos de confiança (IC) da $\hat{\sigma}_p^2$ foram superiores a zero. Pode-se, portanto, inferir que esses resultados sugerem não ter ocorrido deriva genética para os três caracteres ao longo dos ciclos de seleção

recorrente da população CNA 9, até então com uso de progênies S_{0:2}. Além disso, as $\hat{\sigma}_p^2$ foram precisas, pois os *IC* foram de baixa amplitude. As $\hat{\sigma}_p^2$ foram semelhantes entre progênies MIS₂ e S_{0:2}, pois ocorreu sobreposição dos *IC* (TABELA 7). Esse resultado está de acordo ao encontrado na Tabela 6, em que foram identificadas significâncias para efeito de progênies MIS₂, progênies S_{0:2} e testemunhas para os três caracteres avaliados. No método de seleção recorrente, a escolha dos genitores envolvidos nos cruzamentos para a síntese de população base é muito importante para que haja variabilidade genética suficiente para a obtenção de progênies melhores pela concentração de alelos favoráveis a cada ciclo de recombinação. Dessa forma, diante dos resultados observados, é possível a princípio, ter sucesso com a seleção de genótipos superiores, prática imprescindível no melhoramento (WALSH; LYNCH, 2018).

As amplitudes dos *IC* possuem relação direta com o tamanho da amostra e, por isto, era esperado que as estimativas dos parâmetros com progênies S_{0:2} fossem mais precisas em relação as com MIS₂, devido maior número de indivíduos presente na amostra (MORAIS JÚNIOR, 2013).

Assim, como os *IC* da $\hat{\sigma}_p^2$, verificou-se que as estimativas dos *IC* da interação progênie x ambiente ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) das progênies MIS₂ e S_{0:2}, para os três caracteres avaliados, também apresentaram baixa amplitude e foram diferentes de zero (TABELA 7). As magnitudes da $\hat{\sigma}_{pa}^2$ conjuntamente com a significância para os efeitos da interação G x A (TABELA 6), indicaram que o comportamento das progênies MIS₂ e S_{0:2} não foi coincidente frente aos efeitos de ambientes nos três caracteres avaliados (RAMALHO *et al.*, 2012; COLOMBARI *et al.*, 2013). Fato este esperado, visto que caracteres são fortemente influenciados pelo ambiente, a interação gênica (epistasia) pode influenciar na expressão fenotípica do caráter (HORI *et al.*, 2016). A interação progênies x ambientes é constantemente relatada em outros trabalhos envolvendo seleção recorrente em arroz, principalmente quando se utiliza populações em gerações iniciais, em que as progênies possuem segregação dentro, o que corrobora com os resultados obtidos no presente trabalho (PANG *et al.*, 2017; MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017a; TOMÉ, 2021). Neste estudo, observou-se que para os três caracteres, as $\hat{\sigma}_{pa}^2$ com progênies S_{0:2} foram superiores em relação a progênies MIS₂. Além disto, para os caracteres DF e PG, estas diferiram entre si, pois não houve a sobreposição dos *IC* (TABELA 7). Por consequência, a essas maiores $\hat{\sigma}_{pa}^2$, todas as estimativas de variância fenotípica entre médias de progênies S_{0:2} ($\hat{\sigma}_F^2$) foram maiores do que com progênies MIS₂.

O tamanho efetivo da população (N_e) é um importante quesito na condução de programas de seleção recorrente para não perder alelos favoráveis e, conseqüentemente, estreitar a variabilidade genética da população (ELLEGREN; GALTIER, 2016). É importante que o melhorista conheça e monitore o N_e da sua unidade de recombinação, devido a influência que este causa no número de descendentes, bem como na eliminação, manutenção e fixação de alelos na população e pela variação que pode decorrer de mutação (COBB *et al.*, 2019). Conforme Bernardo (2010), avaliar um grande número de progênies não é viável, por isto, existe limites práticos para selecionar uma proporção menor de progênies (amostra). Ainda, de acordo com Dwivedi *et al.* (2020), é vantajoso selecionar um menor número de progênies que sejam promissoras e que permitam ter após a seleção um tamanho efetivo (N_e) suficiente para a recombinação, evitando a ocorrência de deriva genética para a geração de populações superiores por meio da maior concentração de alelos favoráveis, ajudando a maximizar a resposta esperada com a seleção, pois aumentar a intensidade de seleção poderia provocar um diferencial de seleção de maior valor (COBB *et al.*, 2019).

Ademais, foi demonstrado na literatura, que mesmo partindo de um (N_e) relativamente pequeno, para algumas características de natureza quantitativa regidas por estruturas genéticas aditivas complexas, foram conquistados progresso genético durante décadas (GUZMAN, 1998, BERNARDO *et al.*, 2006, COBB *et al.*, 2019). Obviamente, a endogamia é inevitável à medida que os alelos favoráveis se fixam no *pool* genético, causando a redução da variabilidade genética, porém, novas mutações introduzem nova variabilidade genética sendo fundamentais para a adaptação e evolução contínuas da população ao longo dos ciclos (COBB *et al.*, 2019).

Nesse sentido, o uso de progênies MIS₂ permitiu utilizar sementes da geração S₀ para recombinação, que possuem maior N_e , igual a 4, em relação a sementes S_{0:1} ($N_e = 1$), utilizadas com o uso de progênies S_{0:2} na unidade da seleção.

Assim, com o uso de progênies MIS₂ é possível haver a redução de custos no programa de melhoramento pela diminuição da amostra na unidade de seleção, bem como permite a realização de experimentos com maior número de repetições para a aumentar a precisão experimental e dos parâmetros genéticos para obtenção de maior resposta esperada com a seleção, devido ao aumento da herdabilidade.

Em arroz, segundo Morais (1997), um tamanho amostral de cinquenta genótipos é um número adequado para participar da etapa de recombinação, a fim de evitar deriva genética e de manter a variabilidade genética da população. Assim, uma recombinação com uso de sementes MIS₀ ($N_e = 4$) de 13 progênies equivale ao uso de sementes S_{0:1} ($N_e = 1$) de 52

progênies, o que permite aplicar uma maior intensidade de seleção quatro vezes maior quando se utiliza progênies MIS₂ em relação S_{0:2}, sem aumentar a probabilidade de ocorrência de deriva genética.

É considerável ressaltar que em melhoramento populacional com emprego do método de seleção recorrente é importante definir quais são os caracteres e os ambientes alvos, isto porque o objetivo será acumular os alelos favoráveis ao longo de cada ciclo por meio da recombinação dos genótipos superiores. Caso ocorra a alteração de ambientes avaliados entre os ciclos de recombinação, isto pode causar a anulação do progresso genético obtido no ciclo anterior, uma vez que a interação genótipos x ambientes influenciará totalmente na seleção dos alelos favoráveis a serem acumulados na população. Ou seja, os alelos serão favoráveis para os ambientes que o melhorista optou por avaliar ao longo do tempo, e isto determina os ganhos genéticos esperados.

O coeficiente de herdabilidade mede a proporção dos efeitos genéticos transmissíveis da variabilidade total do caráter. Essa estimativa pode guiar o melhorista nas decisões sobre a condução dos seus programas de seleção e na intensidade de seleção a ser utilizada, bem como prever estimativas de ganhos genéticos (BERNARDO, 2020). Observou-se que as estimativas de herdabilidade no sentido restrito decorrente de progênies MIS₂ foram superiores às progênies S_{0:2} para todos os caracteres avaliados (TABELA 7).

Como a \hat{h}_p^2 , considera apenas a $\hat{\sigma}_A^2$ e não toda a variância genética (RAMALHO *et al.*, 2012), as maiores magnitudes de \hat{h}_p^2 em progênies MIS₂, podem ser sustentadas pelo fato da variação manifestada entre essas progênies nos experimentos terem maior predomínio da natureza aditiva, ou seja, pelo fato da proporção da variação genética aditiva ser maior na expressão do gene para todas os três caracteres estudados ($\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_{p/MIS2}^2$), quando comparado às progênies S_{0:2} ($\frac{2}{3}\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_{p/S0:2}^2$) (MULBAH; SHIMELIS; LAING, 2015). Outros trabalhos têm obtido, para AP e PG na cultura do arroz, valores equiparáveis aos desse estudo. Grenier *et al.* (2015), com populações S_{2:4} de arroz de terras altas com macho esterilidade genética em sua constituição, obtiveram valores de \hat{h}_p^2 de 58% para AP e 29% para PG, estimada para todos os ambientes. Sohail *et al.* (2019), avaliando progênies de meios-irmãos de milho, selecionadas de populações precoces, obtiveram valores de \hat{h}_p^2 de 82% DF e 65% para PG.

Conjuntamente ao aumento da $\hat{\sigma}_A^2$ em progênies de MIS₂, há também o fato de que nas progênies MIS₂ ocorreram menores estimativas de ($\hat{\sigma}_{pa}^2$), ou seja, houve menor interação do ambiente. Uma possível explicação para essa redução da interação progênies x ambientes, seria

por causa da variabilidade genética dentro de MIS₂, pois como citado anteriormente, alguns genótipos S_{0:2} derivados da amostragem aleatórias dentro de progênie MIS₀ apresentaram comportamento mais extremos na distribuição normal fenotípica do caráter. Opostamente, esse indivíduo não se destacou dentro de MIS₂, ficando ocultado na média da progênie.

Assim, esse crescimento significativo nas magnitudes $\hat{\sigma}_A^2$ conjuntamente com as menores estimativas de $(\hat{\sigma}_{pa}^2)$ em progênie MIS₂, colaboraram para que dobrasse os valores da \hat{h}_p^2 para todos os três caracteres (TABELA 7). No entanto, para o caráter de maior importância (PG), apesar das magnitudes da $\hat{\sigma}_A^2$ terem sido maiores em progênie MIS₂, essas magnitudes poderiam ter sido melhores. Isto poderia acontecer caso a estimativa de $\hat{\sigma}_p^2$ de progênie MIS₂ tivesse sido semelhante à obtida com progênie S_{0:2}, como ocorreu em DF e AP (TABELA 7). Embora os resultados não tenham apresentado diferença significativa entre os tipos de progênie, isto pode ter ocorrido, uma vez que as estimativas apresentaram menor precisão nas progênie MIS₂, causando maior amplitude do IC, pelo fato da população ser constituída por menor número de indivíduos (tamanho de amostra) quando comparado a população S_{0:2} (TABELAS 6 e 7). Cabe destacar, que na prática, a aplicação da estratégia com uso de progênie MIS₂ não terá limitação para o emprego de um maior número de progênie como unidade de seleção, isto ocorreu particularmente neste estudo devido a limitação que havia de representar o mesmo número de cinco plantas S₀ aleatórias dentro da cada progênie, o que totalizou em 210 progênie S_{0:2}. Como foi utilizado o valor da estimativa de $\hat{\sigma}_p^2$ *per se*, por consequência, a magnitude da $\hat{\sigma}_A^2$ de progênie MIS₂ foi apenas 1,12 vezes a mais em comparação com a magnitude de $\hat{\sigma}_A^2$ obtida em progênie S_{0:2}, diferente do que ocorreu com os caracteres DF e AP, os quais apresentaram maiores precisões experimentais e, portanto, os valores de $\hat{\sigma}_A^2$ de progênie MIS₂ dobraram em DF e triplicaram em AP quando comparado com as magnitudes $\hat{\sigma}_A^2$ de progênie S_{0:2}.

Dado que as magnitudes atribuídas da \hat{h}_p^2 em progênie MIS₂ oscilaram de médio a alta, a princípio a vantagem de se utilizar essas progênie é que, com o aumento da \hat{h}_p^2 entre as médias de progênie, é possível, por consequência, que também haja resposta esperada com a seleção (*RS%*) mais satisfatória para todos os caracteres quando contrastada com as estimativas de \hat{h}_p^2 de progênie S_{0:2} (BERNARDO, 2010). Isto pôde ser confirmado pelas estimativas de *RS%* em progênie de MIS₂, as quais foram superiores quanto com S_{0:2} (TABELA 7). De acordo com Bernardo (2010) a eficácia relativa das diferentes estratégias para condução do método de seleção recorrente pode ser analisada pela $\hat{\sigma}_A^2$ no numerador das equações relacionadas a *RS%*,

pois isto pode indicar que, quando há seleção com controle das fêmeas (meios-irmãos) pode ser duas vezes mais eficaz em comparação com a seleção sem controle das fêmeas.

Em DF e PG é possível observar que as magnitudes obtidas do ds em progênes S_{0:2} foram maiores quando comparadas às magnitudes obtidas em progênes de MIS₂ e em AP as magnitudes obtidas foram semelhantes. Porém, como as magnitudes de \hat{h}_p^2 das progênes S_{0:2} foram inferiores em relação às magnitudes das progênes MIS₂, desse modo, isto fez com que a resposta esperada com a seleção de progênes S_{0:2} fosse menor em relação a $Rs\%$ de MIS₂ (TABELA 7; FIGURAS 5, 6 e 7).

Isto também pode ser explicado pelo fato do ds ser a diferença entre a média dos genótipos selecionados (\bar{X}_S) e a média original da população (\bar{X}_0) da qual foram selecionados (BERNARDO, 2010). Em progênes S_{0:2} é possível perceber que houve uma amplitude de variação fenotípica maior para os três caracteres, devido a existência de um maior número de genótipos mais contrastantes quanto à concentração de alelos favoráveis e desfavoráveis. Provavelmente isto pode ter ocorrido devido ao fato das progênes MIS₂ terem sido avançadas em *bulk* por duas gerações de autofecundação, enquanto as progênes S_{0:2} foram avançadas em *bulk* por apenas uma, fazendo com que a proporção de genótipos mais produtivos dentro de progênie MIS₂ ficasse maior do que dentro de progênes S_{0:2}, pois o *bulk* provoca a seleção indireta de genótipos com capacidade de deixar o maior número de descendentes (maior número de sementes), mesmo embora as progênes MIS₂ terem apresentado pouca diferença para DF e AP em relação as S_{0:2} (TABELA 7 e FIGURAS 5, 6 e 7).

Nesse sentido, observa-se principalmente, para o caráter PG, que \bar{X}_0 das progênes MIS₂ foi 209 kg a mais comparativamente a progênes S_{0:2}; para AP, foi 2,4 cm a mais; e para DF, foi 1,1 dia a mais (TABELA 7). Esse fato, promove efeito da redução do ds , uma vez que o ds em caracteres quantitativos é reduzido em função de menores herdabilidades (BERNARDO, 2010).

Apesar do valor reduzido do ds em progênes MIS₂, especialmente para PG, para a conquista das maiores estimativas de $Rs\%$, isto foi compensado pelas maiores magnitudes da \hat{h}_p^2 , que foram duas vezes a mais para todos os três caracteres do que as alcançadas em progênes S_{0:2} (TABELA 7). A resposta com a seleção ($Rs\%$) é fortemente influenciada por efeitos de natureza ambiental que pode comprometer a geração de melhores progênes. Para aumentar a eficiência é necessário que a herdabilidade seja aumentada por meio de estratégias, como o uso de progênes MIS₂ utilizadas no presente trabalho, controle local, utilização de mais repetições nos experimentos e técnicas que permitam o controle da variância decorrente do ambiente

(RAMALHO *et al.*, 2012). Logo, pode-se afirmar que isto gerou uma maior acurácia na seleção, e conseqüentemente, fez com que a $Rs\%$ em progênies de MIS_2 fosse maior do que a de $S_{0.2}$.

Para os três caracteres, as médias originais das progênies MIS_2 foram superiores em relação as das progênies $S_{0.2}$ e para ambas, desfavoráveis em relação às testemunhas, especialmente para PG que possui herança genética mais complexa (TABELA 7 e FIGURAS 5, 6 e 7). Pode-se dizer que a média é um parâmetro importante no melhoramento populacional, pois quando seus valores são baixos, isto indica que requererá um tempo necessário maior para atingir o nível desejado de progresso genético (HALLAUER *et al.*, 2010). Segundo Ramalho *et al.* (2012), a baixa média obtida pelas progênies em PG, pode ser devido a presença do gene (*msms*) de macho esterilidade genética, que pode ser responsável por causar a diminuição da média devido a maior quantidade de grãos vazios. Isto está de acordo com o estudo de Moraes Júnior *et al.* (2015) que avaliaram progênies $S_{0.2}$ da população CNA 6 do programa da seleção recorrente da Embrapa Arroz e Feijão, a qual foi recombinada com uso de plantas macho estéreis, durante 4 ciclos, e obtiveram resultados semelhantes, em que as progênies apresentaram significância, no entanto as médias foram menores do que as das testemunhas.

No emprego do método de seleção recorrente, é fundamental que haja progressos genéticos com os caracteres em seleção, por meio do acúmulo de alelos favoráveis associado com a manutenção da variabilidade genética, o que orienta os melhoristas a ajustarem as etapas a fim de aumentar o seu êxito (VELLO; NAZATO, 2017). Existem algumas estratégias que podem ser adotadas para conseguir maiores taxas de ganhos genéticos com o método de seleção recorrente em arroz, tais como: reduzir o tempo de duração dos ciclos de seleção, diminuindo o tempo para a obtenção das progênies a serem selecionadas e, por consequência, o tempo entre as recombinações; aumentar a intensidade de seleção em função do tipo de progênie utilizada como unidade de seleção e de recombinação associado ao tamanho efetivo da população; aumentar a pressão de seleção em decorrência de maior precisão experimental e; aumentar o coeficiente de herdabilidade; ou a combinação desses itens anteriores (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017a; MÜLLER; SCHOPP; MELCHINGER, 2017).

Na busca por modificações no método de seleção recorrente para torná-lo mais eficiente na cultura do arroz, o uso de progênies MIS_2 confere algumas vantagens relevantes em relação ao atual método que utiliza progênies $S_{0.2}$, visto que, essa modificação propõe trabalhar com progênies MIS_1 , a qual permite reduzir o tempo para obtenção da unidade de seleção e, assim, reduzir o tempo entre as recombinações para iniciar um novo ciclo de seleção, fazendo a duração de cada ciclo ser de dois anos e não de três anos como é o caso do uso de progênies

S_{0:2} (FIGURAS 4, 8, 9 e 10). Gaynor *et al.* (2017) e Cobb *et al.* (2019) em seus estudos comprovaram que acelerar os ciclos de recombinação em programas de seleção recorrente é eficiente, uma vez que os ganhos genéticos obtidos foram semelhantes aos de programas de melhoramento genético com estrutura maior e que conseguem aplicar uma alta intensidade de seleção.

Apesar de no presente estudo as duas estratégias para o método de seleção recorrente terem sido conduzidas em três anos para viabilizar as comparações entre elas, ao ser considerada a possibilidade de redução da duração de cada ciclo de seleção de três anos para dois anos, devido a alteração do uso de progênies S_{0:2} para MIS₁, é possível observar o quanto isto favoreceu o aumento expressivo dos ganhos genéticos anuais esperados ($G_A\%$). Esses valores de $G_A\%$ se intensificaram não apenas em função da redução da duração do ciclo de seleção, mas também em razão das maiores magnitudes de $R_s\%$ obtidas no estudo terem sido com progênies MIS₂, pela maior $\hat{\sigma}_A^2$ e \hat{h}_p^2 , principalmente para o caráter PG, em que o $G_A\%$ de progênies MIS₂ foi 1,99 vezes superior em comparação a progênies S_{0:2} e em DF e AP o $G_A\%$ de progênies MIS₂ foi 2,33 vezes e 4,35 vezes superior, respectivamente, em relação a progênies S_{0:2} (TABELA 8 e FIGURAS 8, 9 e 10).

Existem, na literatura, estimativas de ganhos genéticos no método de seleção recorrente aplicado em arroz para DF, AP e PG, utilizando outras estratégias, o que dificulta as comparações. Levando em conta trabalhos que utilizaram macho esterilidade genética nas etapas de recombinações em arroz, Morais Júnior *et al.* (2015) estimaram ganho genético anual das progênies S_{0:2} da população CNA 6 do programa de seleção recorrente da Embrapa Arroz e Feijão e obtiveram ganhos de 1,54% para PG, -0,40% para AP e -0,33% para DF.

Também, comparando os ganhos alcançados com as progênies de MIS₂ para o caráter PG (2,37%) com outras populações de arroz, em que também foi empregado o método de seleção recorrente, os valores de ganhos anuais médios observados foram semelhantes e/ou superiores. Foram observados ganhos anuais médios de 1,54% (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2015) e 2,88% (BARROS, 2015) ambos em arroz de terras altas. Além disso, para os caracteres DF e AP os ganhos também foram satisfatórios. Além do mais, a existência de variabilidade genética suficiente na população, como demonstrado anteriormente, também colaborou com o aumento dos ganhos genéticos (MORAIS JÚNIOR *et al.*, 2017). Desse modo, o uso de progênies de MIS₂ mostrou-se eficiente em programas de seleção recorrente.

Ressalta-se que além do aumento do ganho genético anual, a nova estratégia proposta para a condução do método de seleção recorrente em arroz, também garante economia de

recursos financeiros devido à redução de etapas (experimentos) em cada ciclo de seleção e, principalmente, por proporcionar uma melhor recombinação dos genótipos, pois o uso de sementes S_0 faz com que a frequência de plantas macho estéreis (*msms*) aumente de $\frac{1}{4}$ para $\frac{1}{2}$ logo após o primeiro ciclo de recombinação, favorecendo assim, a ruptura de blocos gênicos para incrementar tanto a frequência de algumas combinações gênicas favoráveis quanto a variabilidade genética disponível (HALLAUER *et al.*, 2010).

5 CONCLUSÕES

- i. As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos demonstraram presença de variabilidade genética entre as progênes MIS₂ e S_{0:2} da população CNA 9, para os caracteres DF, AP e PG;
- ii. As estimativas de variância aditiva e herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênes foram superiores com MIS₂ em relação a S_{0:2} da população CNA 9, para os caracteres DF, AP e PG;
- iii. As respostas esperadas com a seleção foram alcançadas com progênes MIS₂ e S_{0:2} na população CNA 9, para os caracteres DF, AP e PG e;
- iv. Os ganhos genéticos anuais esperados foram superiores na estratégia de uso de progênes MIS₁ como unidade de seleção em relação ao uso de progênes S_{0:2}, com redução do ciclo de seleção de três para dois anos, demonstrando assim ser mais eficiente.

REFERÊNCIAS

- BARROS, M.S. **Progresso genético para produção de grãos obtido em doze anos de melhoramento da população elite de arroz de terras altas**. 2015. 59 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.
- BERNARDO, R.; MOREAU, L.; CHARCOSSET, A. Number and fitness of selected individuals in marker-assisted and phenotypic recurrent selection. **Crop Science**, v. 46, p. 1972-1980, 2006.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 400 p.
- BERNARDO, R. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity**, v. 125, n. 6, p. 375-385, 2020.
- BRESEGHELLO, F.; COELHO A.S.G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agricultural Food Chemistry**, v. 61, p. 8277-8286, 2013.
- BURDICK, R.K.; GRAYBILL, F.A. **Confidence intervals on variance components**. Marcel Dekker: New York, 1992.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N.D.; STORCK, L. Number replications for the comparison in common bean cultivar. **Ciência Rural**, v. 39, p. 2419-2424. 2009.
- CARIAS, C.M.D.O.M.; GRAVINA, G.A.; FERRÃO, M.A.G.; DA FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, R.G.; VIVAS, M.; VIANA, A. P. Predição de ganhos genéticos via modelos mistos em Progenies de café conilon. **Coffee Science**, v. 11, n. 1, p. 39-45, 2016.
- CHIN, J.H.; LU, X.; HAEFELE, S.M.; GAMUYAO, R.; ISAMIL, A.; WISSUWA, M.; HEUER, S. Development and application of gene-based markers for the major rice QTL *Phosphorus uptake 1*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 120, p. 1073-1086, 2010.
- CHIN, J.H.; GAMUYAO, R.; DALID, C.; BUSTAMAM, M.; PRASETIYONO, J.; MOELJOPAWIRO, S.; WISSUWA, M.; HEUER, S. Developing rice with high yield under phosphorus deficiency: *Pup 1* sequence to application. **Plant Physiology**, v. 156, n. 3, p. 1202-1216, 2011.
- COBB, J.N.; JUMA, R.U.; BISWAS, P.S.; ARBELAEZ, J.D.; RUTKOSKI, J.; ATLIN, G.; HAGEN, T.; QUINN, M.; NG, E.H. Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: lessons from the breeder's equation. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, p. 627-645, 2019.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variance. *In*: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. (Eds.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: The National Academies Press, 1963. p. 53-93.

COLOMBARI FILHO, J.M.; RESENDE, M.D.V.; MORAIS, O.P.; CASTRO, A.P.; GUIMARÃES, E.P.; PEREIRA, J.A.; BRESEGHELLO, F. Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, v. 192, n. 1, p. 117-129, 2013.

DWIVEDI, S.L.; GOLDMAN, I.; CECCARELLI, S.; ORTIZ, R. Advanced analytics, phenomics and biotechnology approaches to enhance genetic gains in plant breeding. **Advances in Agronomy**, v. 162, p. 89-142, 2020.

ELLEGREN, H.; GALTIER, N. Determinants of genetic diversity. **Nature Reviews Genetics**, v. 17, p. 422-433, 2016.

FALCONER, D.S., MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4th Edition, Addison Wesley Longman: Harlow, 1996. p. 464.

FUJIMAKI, H. *et al.* Recurrent selection by using genetic male sterility for rice improvement. **JARQ (Tsukuba)**, v. 13, n. 3, p. 153-156, 1979.

GAYNOR, R.C.; GORJANC, G.; BENTLEY, A.R.; OBER, E.S.; HOWELL, P.; JACKSON, R.; MACKAY, I.J.; HICKEY, J.M. A two-part strategy for using genomic selection to develop inbred lines. **Crop Science**, v. 57, n.5, p. 2372-2386, 2017.

GRENIER, C.; VICAO, T.; OSPINA, Y.; QUINTERO, C.; CHÂTEL, M.H.; TOHME, J.; COURTOIS, B.; AHMADI, N. Accuracy of genomic selection in a rice synthetic population developed for recurrent selection breeding. **PLoS one**, v. 10, n. 8, p. e0136594, 2015.

GUIMARÃES, P.H.R.; MELO, P.G.S.; CORDEIRO, A.C.C.; TORGA, P.P.; RANGEL, P.H.N.; CASTRO, A.P. Index selection can improve the selection efficiency in a rice recurrent selection population. **Euphytica**, v. 95, 2021.

GUZMAN, Peter S. **Effective population size, genetic variability, and gains from recurrent selection in the BS11 maize population**. Iowa State University, 1998.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. 663 p.

HEINZ, R.; SOUSA MOTA, L.H.; GONÇALVES, M. C.; NETO, A.L.V.; CARLESSO, A. Seleção de progênies de meios-irmãos de milho para eficiência no uso de nitrogênio. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 4, p. 731-739, 2012.

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

LI, R.; LI, M.; ASHRAF, U.; LIU, S.; ZHANG, J. Exploring the relationships between yield and yield-related traits for rice varieties released in China from 1978 to 2017. **Frontiers in plant science**, v. 10, p. 543, 2019.

- LIBRELON, S.S.; PÁDUA, P.F.; ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, E.A. Increasing the efficiency of recurrent selection for angular leaf spot resistance in common bean. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 751-758, 2020.
- MARQUES, T.L. **Estratégias visando aumento na eficiência no programa de melhoramento de tabaco**. 2021. 73 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2021.
- MATHER, K.; JINKS, J.L. **Biometrical genetics, the study of continuous variation**. ed: 3th, Chapman and Hall: London, 1984, p. 396.
- MILOVANOVIC, V.; SMUTKA, L. Asian countries in the global rice market. Acta Universitatis Agriculturae et Silviculturae. **Mendelianae Brunensis**, v. 65, n. 679-688, 2017.
- MINGOTTE, F.L.C.; HANASHIRO, R.K.; FORNASIERI FILHO, D. Características físico-químicas do grão de cultivares de arroz em função da adubação nitrogenada. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 1, p. 2605-2618, 2012.
- MORAIS, O.P.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; NEVES, P.C.F. Estimação de parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 4, p. 421-433, abr. 1997.
- MORAIS JÚNIOR, O.P. **Variabilidade e progresso genético com seleção recorrente em arroz de terras altas**. 2013. 164 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Goiânia, 2013.
- MORAIS, O.P.; MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P.; CASTRO, A.P.; BRESEGHELLO, F.; UTUMI, M.M.; PEREIRA, J.A.; WRUCK, F.J.; COLOMBARI FILHO, J.M. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, v. 72, p. 297-305, 2015.
- MORAIS JÚNIOR, O.P.; MELO, P.G.S.; MORAIS, O.P.; COLOMBARI FILHO, J.M. Genetic variability during four cycles of recurrent selection in rice. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 11, 2017a
- MORAIS JÚNIOR, O.P.; BRESEGHELLO, F.; DUARTE, J.B.; MORAIS, O.P.; RANGEL, P.H.N.; COELHO, A.S.G. Effectiveness of Recurrent Selection in Irrigated Rice Breeding. **Crop Science**, v. 57, v. 6, p. 3043-3058, 2017b.
- MULBAH, Q.S.; SHIMELIS, H.A.; LAING, M.D. Combining ability and gene action of three components of horizontal resistance against rice blast. **Euphytica**, v. 206, p. 805-814, 2015.
- MÜLLER D.; SCHOPP, P.; MELCHINGER, A.E. Persistency of prediction accuracy and genetic gain in synthetic populations under recurrent genomic selection. **G3 Genes Genomes Genetics**, v. 7, n. 3, 1, p. 801–811, 2017.

- PANG, Y.; CHEN, K.; WANG, X.; XU, J.; ALI, J.; LI, Z. Recurrent Selection breeding by dominant male sterility for multiple abiotic stresses tolerant rice cultivars. **Euphytica**, v. 213, n. 268, 2017.
- PINHEIRO, L.S.; RANGEL, P.H.N.; VIANELLO, R.P.; BRONDANI, C. Genetic variability of rice recurrent selection populations as affected by male sterility or manual recombination. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n.6, p.808-814, 2012.
- RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. p. 522.
- RANGEL, R.M.; DO AMARAL JÚNIOR, A.T.; JÚNIOR, S.D.P.F. Associação entre características agronômicas e capacidade de expansão em população de milho pipoca sob seleção recorrente. Association between agronomical traits and popping expansion in a popcorn population under recurrent selection. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n.2, p. 225-23, 2011.
- SAS INSTITUTE. **SAS technical report SAS/STAT software**. Cary Nc: SAS Institute, 2013.
- SINGH, R.J.; IKEHASHI, H.I. Monogenic male-sterility in rice: introduction, identification and inheritance. **Crop Science**, v. 21, n. 1, p. 286-289, 1981.
- SATTERTHWAITE, F.E. An Approximate Distribution of Estimates of Variance Components. **Biometrics Bulletin**, v. 2, n. 6, p. 110-114, 1946.
- SINGH, R.J.; IKEHASHI, H.I. Monogenic male-sterility in rice: introduction, identification and inheritance. **Crop Science**, v.21, n.1, p. 286-289, 1981.
- SOARES, I.O.; BIANCHI, M.C.; BRUZI, A.T.; GESTEIRA, G.S.; SILVA, K.B.; GUILHERME, S.R.; CIANZIO, S.R. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progênies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, n. 4, p. e28092046, 2020.
- SOHAIL, A.; ASAD, M.; AZIZ, A.; HUSSAIN, Q.; HALEEN, A.; MARYAM, M.; SHEIKH, F.; RAHMAN, Z.U.; BASHIR, F. Evaluation of Maize (*Zea mays* L.) Half Sib Recurrent Families for Expected Response and Percent Gain Per Cycle. **Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 7, n. 1, p. 27-32, 2019.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. 1989. Tese (Doutorado) - Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1989.
- TOMÉ, M.L. **Recurrent selection for early flowering and grain yield in upland rice**. 2021. 107 p. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, 2021.
- USDA. United States Departmente of Agriculture. **Grain and feed annual**: Report number: BR2020-0005, 2021.

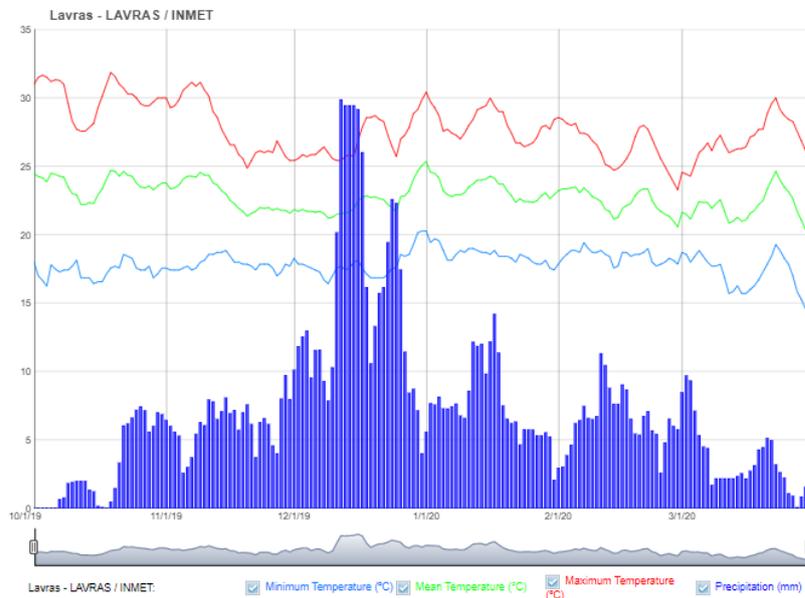
UTUMI, M.M. **Sistemas de produção de arroz de terras altas**. Porto Velho: Técnica, 2008.
VELLO, N.A.; NAZATO, F.M. **Recurrent selection**. *In*: SILVA, F.L.; BORÉM, A.
SEDIYAMA, T.; LUDKE, W (Eds.) Soybean breeding. Springer, 2017. p. 171-191.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

WALSH, B.; LYNCH, M. **Evolution and selection of quantitative traits**. Oxford University Press, 2018. 1496 p.

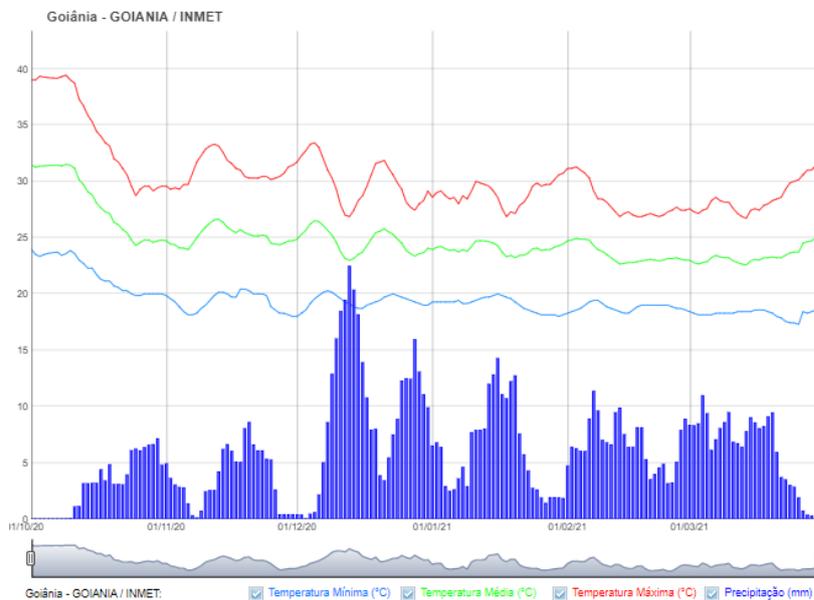
APÊNDICES

Figura 11 - Precipitações e temperaturas médias durante a realização dos experimentos. Semeadura em outubro de 2019, Lavras, MG, 2019/20.



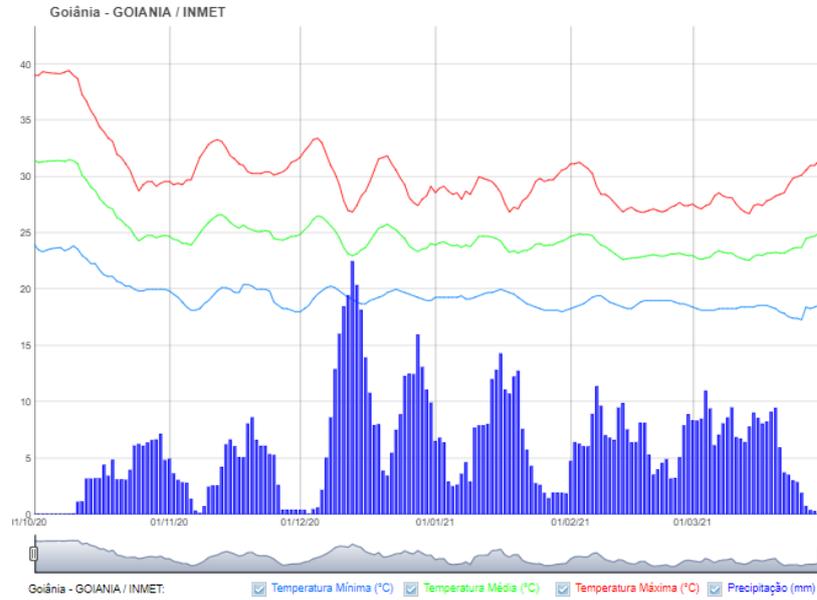
Fonte: Inmet (2023).

Figura 12 - Precipitações e temperaturas médias durante a realização dos experimentos. Semeadura em outubro de 2020, Lavras, MG, 2020/21.



Fonte: Inmet (2023).

Figura 13 - Precipitações e temperaturas médias durante a realização dos experimentos. Semeadura em outubro de 2020, Santo Antônio de Goiás, GO, 2020/21.



Fonte: Inmet (2023).