

O EMPREGO DO MÉTODO SSD EM TRÊS POPULAÇÕES SEGREGANTES DE ARROZ (*Oryza sativa*, L.)

NELSON SALIM ABBUD
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. ERNESTO PATERNIANI

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Área de concentração: "Genética e Melhoramento de Plantas".

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Junho - 1981

Ofereço este trabalho

à minha mulher Maria Luiza e
aos nossos filhos Luiz Nelson,
Daniel e Eduardo com a alegria
da vez primeira.

Dedico este trabalho:
ao melhorista Milton Alcover
cujo exemplo tem sido para mim
um constante estímulo e a
memória de Gregorio Mendel que
conseguiu traduzir de maneira
simples, sem ser simplista,
fenômenos da herança de
natureza tão complexa
como a vida.

AGRADECIMENTOS

- Agradecimentos especiais ao Professor ERNESTO PATERNIANI, pela orientação objetiva que recebemos e aos professores do curso de Pós-graduação que souberam criar um clima propício ao conhecimento científico.

- São tantas as pessoas que nos ajudaram de uma forma ou de outra que seria impossível citá-las sem esquecer de muitas. Mesmo assim, não poderia deixar de agradecer nominalmente os seguintes pesquisadores:

- Romeu A.S. Kihl e José Francisco Ferraz de Toledo, pesquisadores da EMBRAPA.

- Maria Terezinha T. Tornero e Angelo Caetano, pesquisadores do IAPAR.

- Derly Machado de Souza e Jaciro Soave, pesquisadores do IAC.

- Agradecemos também ao IAC e à Fundação Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR, pelas facilidades proporcionadas na condução dos trabalhos e por terem permitido cursar a Pós-graduação.

ÍNDICE

	<u>página</u>
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Métodos utilizados no melhoramento de plantas autógamas	3
3. MATERIAL E MÉTODOS	15
3.1. Avaliação para produção de SSD	19
3.2. Estimação do coeficiente de variação genético entre as linhagens obtidas pelo método do SSD	23
3.3. Conceito do coeficiente de variação genético (CVg).....	23
3.4. Ajuste de variância entre linhagens	24
3.5. Cálculo do CVg das linhagens dentro de cada cruzamento	25
3.6. Estimação do coeficiente de variação genético entre linhagens obtidas pelo método do pedigree	25

4. RESULTADOS	29
4.1. Resultados obtidos pelo método do SSD	29
4.2. Resultados referentes às linhagens obtidas pelo método do "pedigree"	37
5. DISCUSSÃO	44
6. CONCLUSÕES	51
7. LITERATURA CITADA	53

LISTA DE TABELAS

Tabela	página
1. Distribuição da Variância genética total de F2 ao F6 de populações autógamas, assumindo inexistência de epistase e ligação gênica	5
2. Cruzamentos e plantas F2 selecionadas. (SSD)	16
3. Esquema do cálculo do valor corrigido das progênies do SSD através do IAC 47 como controle. Exemplo.	22
4. Esquema da análise da variância em blocos ao acaso, com 6 repetições, 91 linhagens (7 cruzamentos) obtidas pelo método do pedigree	27
5. SSD. Linhagens e Controles com as produções em g/parcela e sua disposição no campo (10 blocos)	30

<u>Tabela</u>	<u>página</u>
6. Relação das 8 linhagens obtidas pelo método do SSD do cruzamento C1: Pérola x IR442-2-50	34
7. Relação das 12 linhagens obtidas pelo método do SSD do cruzamento C2: Pérola x IR22	35
8. Relação das 25 linhagens obtidas pelo método SSD, do cruzamento C3: Pérola x CICA4	36
9. Cruzamentos, média e CVg obtidos entre linhagens, para cada cruzamento. Método SSD	38
10. Linhagens obtidas pelo método do SSD, com produtividades próximas do progenitor Pérola	39
11. Coeficiente de variação genético entre linhagens de 7 cruzamentos - método do pedigree - total de 91 linhagens	39

Tabela

página

12. Análise da variância em blocos ao acaso
com 6 repetições, com 91 linhagens de 7
cruzamentos selecionados pelo método do
pedigree

41

LISTA DE FIGURAS

<u>Figura</u>	<u>página</u>
1. Esquema de seleção pelo método do pedigree. (simplificado)	6
2. Esquema de seleção pelo método de Bulk. (simplificado)	7
3. Esquema de seleção proposto por GOULDEN (1941), para o melhoramento de trigo	10
4. Esquema de seleção como foi conduzido no trabalho de dissertação. SSD	20
5. Curva de distribuição das linhagens obtidas pelo método do SSD por cruzamento: 1, 2 e 3.	42
6. Curva de distribuição das linhagens pelo método do pedigree por cruzamento	43
7. Esquema de seleção pelo método do SSD em sua concepção mais simples, com apenas uma geração no campo: F_6 ou F_n	47

CURRICULUM VITAE

NELSON SALIM ABBUD nasceu em São Vicente, Estado de São Paulo, a 8 de novembro de 1942. Graduou-se em agronomia pela ESA-UREMG, hoje Universidade Federal de Viçosa, em 1965. Ingressou na pesquisa em 1973, na Seção de Arroz e Cereais de Inverno do Instituto Agronômico de Campinas em Campinas, dedicando-se ao melhoramento de arroz de sequeiro, área a que ainda se dedica atualmente. A partir de novembro de 1975 presta seus serviços ao Instituto Agronômico do Paraná em sua sede em Londrina, Paraná.

Foi homenageado pelo CNPAF - EMBRAPA pelos relevantes serviços prestados à cultura de arroz de sequeiro no Brasil, como parte integrante da equipe de pesquisadores de arroz do Estado de São Paulo, no dia 5 de fevereiro de 1980, em Goiânia-GO, por ocasião da II.^a RENAPA (Reunião Nacional de Pesquisa de Arroz).

O EMPREGO DO MÉTODO SSD EM TRÊS POPULAÇÕES
SEGREGANTES DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Autor: NELSON SALIM ABBUD

Orientador: Prof. Ernesto Paterniani

RESUMO

No presente trabalho são apresentados os resultados de seleção para produção pelo método do SSD, em 3 populações segregantes de arroz (*Oryza sativa* L.) comparando os respectivos coeficientes de variação genéticos com os obtidos no pedigree. Cada um dos três cruzamentos (Pérola x IR442 2-50; Pérola x IR22; Pérola x CICA4) foi conduzido a partir de plantas F₂, previamente selecionadas, avançando-se gerações através de uma única semente de cada planta (em casa de vegetação) até atingir elevada homozigose (F₆). Avaliou-se para produção em ensaio, sem repetição intercalar e calculou-se o coeficiente de variação genético (CVg) entre linhagens dentro de cada cruzamento e entre todas as linhagens. Para o cálculo do CVg das linhagens obtidas pelo método do pedigree utilizou-se de 91 linhagens de 7 cruzamentos em um ensaio em blocos ao acaso com 6 repetições conduzido em Londrina, no IAPAR, no ano agrícola 1980/81.

Os CVg para o SSD foram os seguintes: CVg para os três cruzamentos 79,89% e para o CVg entre linhagens dentro de cada cruzamento: 72,47%; 83,04% e 78,05%. Para o pedigree encontrou-se os seguintes CVg: entre todas as linhagens 13,52%; entre os cruzamentos 10,24%; entre linhagens dentro do cruzamento 8,83%.

Após análise e discussão dos dados chegou-se às seguintes conclusões:

a. o método do SSD conduziu a coeficientes de variação genéticos mais elevados que o método do pedigree, 79,89% e 13,52% respectivamente.

b. o SSD foi eficiente em conduzir a genótipos produtivos e agronomicamente superiores, comparativamente ao progenitor superior (variedade Pérola).

o método é viável para o melhoramento da cultura de arroz de sequeiro, e crescerá de importância à medida que forem criadas variedades agronomicamente superiores, pelos programas em andamento, sendo então utilizadas como progenitores.

THE UTILIZATION OF THE SSD BREEDING METHOD IN THREE
SEGREGATING POPULATIONS OF RICE (*Oryza sativa* L.)

Author: NELSON SALIM ABBUD

Advisor: Prof. ERNESTO PATERNIANI

SUMMARY

The objective of this work is to compare the relative efficiency of the SSD plant selection method with the pedigree method, in populations of rice. The genetic coefficient of variation (CVg) was used for the comparison. In the SSD method, three segregating populations (Perola x IR442-50, Perola x IR22; Perola x CICA 4) were utilized. Each one of the three crosses was conducted starting from previously F2 selected plants, sampling at least one seed of each plant in successive generations in greenhouse until high homozygosis (F6) was reached. Forty-five lines were, thus, obtained. The lines were then evaluated in a trial without repetition and control between lines. The genetic coefficient of variation (CVg) between all lines and between lines, within each cross, was also computed.

Regarding the pedigree method, the study computed coefficients of variation of 91 lines from seven crosses in a trial with six repetitions in randomized blocks design, conducted in Londrina-PR, in the 1980/81 agricultural year.

For the SSD method, the CV_g for the three crosses was 79.89% and the CV_g between lines, within each cross, were 72.44%, 83.04% and 78.09%. For the pedigree method, the following CV_g were obtained: between all lines, 13.52%, between crosses, 10.24%, and between lines, within crosses 8.83.

The analysis of the results to the following conclusions:

- a. the CV_g for the SSD method (79.89%) was higher than the one obtained for the pedigree method (13.32%);
- b. the SSD method was "efficient" in the sense that it led to productive and agronomically superior genotypes as compared to the (superior) parent - the perola variety;
- c. the SSD method is well fitted to a breeding for upland rice. Its importance

as a breeding method will indoubtely
increase as forthcoming superior
varieties become available.

1. INTRODUÇÃO

Culturas como o arroz, feijão e trigo, pela sua importância alimentar, desde há muito vem sendo objeto de seleção pelo homem, com a finalidade principal de obter melhores e maiores produções nas condições disponíveis.

Se por um lado os conhecimentos de genética e princípios de melhoramento de plantas eram menores e muitas vezes inexistentes, comparativamente aos dias de hoje, por outro lado, o tempo necessário para o melhoramento das culturas não era um fator limitante, como é atualmente, na corrida para satisfazer a sempre crescente demanda de alimentos por uma população mundial que terá cerca de 6 bilhões de pessoas no final deste século. Assim todo conhecimento que possa ser um auxílio, ou instrumento nas mãos dos melhoristas, para em menor tempo e com maior eficiência alcançar os resultados almejados, é hoje necessidade vital.

Em 1939, o método "Single Seed Descent" (SSD) foi idealizado por GOULDEN (1941) para o melhoramento de trigo e tem sido, recentemente, utilizado no melhoramento de várias culturas, como a de soja, arroz e de tomate. Pela economia de tempo que proporciona e facilidade de execução, tem despertado o interesse dos melhoristas de culturas autóctonas, em várias partes do mundo (CASALI, 1975; IKEHASHI e HILLERISLAMBERS, 1977).

É objetivo deste trabalho comparar a eficiência relativa do emprego do método SSD em três populações segregantes de arroz, com o método do pedigree através do coeficiente de variação genético (CVg).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Métodos utilizados no melhoramento de plantas autógamas

Para o melhoramento de plantas autógamas os métodos utilizados com mais frequência tem sido o bulk, pedigree e o retrocruzamento, como procedimentos principais e combinações dos mesmos. A maioria das variedades criadas e distribuídas aos agricultores foi obtida por esses métodos.

Não existe um método ideal geral para todas as culturas e situações. Todos podem dar bons resultados em certos casos e ser inadequados em outros.

Em linhas gerais e de uma maneira ampla, o melhoramento pode ser definido pela expressão:

Melhoramento = Variação + Seleção

Os métodos citados diferem nos procedimentos

para explorar a variação que o cruzamento entre duas linhas ou variedades, geralmente com alto grau de homozigose, libera e coloca à disposição do melhorista (EMPIG, 1975 - Tabela 1).

No método de pedigree a seleção inicia-se na geração F₂, escolhendo-se (seleção) as plantas que reúnam as características desejáveis dos progenitores nas gerações subseqüentes até atingir a homozigose, quando então serão avaliadas em ensaios apropriados (Figura 1).

No método de Bulk pratica-se seleção somente nas gerações avançadas (F₅ em diante) quando as plantas da população atingiram elevada homozigose, procedendo-se daí em diante como no pedigree. Quando da colheita das gerações F₂, F₃, F₄ e F₅ faz-se uma "amostra" do material para plantio da geração seguinte (Figura 2).

O método SSD é basicamente uma modificação do método de Bulk, quanto ao procedimento, diferindo apenas na "formação" da amostra, ou seja, na maneira de fazer a amostragem do material para o plantio da geração seguinte. A amostra é "dirigida", sendo constituída de uma semente de cada planta da geração F₂ (previamente selecionadas ou não) e assim por diante até o F₆ quando "cada" planta será colhida separadamente e na geração seguinte avaliada sua progênie como nos outros métodos (BULK e PEDIGREE).

Tabela 1. Distribuição da Variância genética total de F2 ao F6 de populações autógamas, assumindo inexistência de epistase e ligação gênica.

Geração	F.V. c(k, m, n)	Componentes da Variância	
		Aditiva Va	Dominante Vd
F2	Entre Plantas F2 C(2; 2,2)	1	1
F3	Entre Plantas F3 C(3; 3,3)	1/3	3/4
	Entre famílias F3 C(2; 3,3)	1	1/4
	Dentro de famílias F3 C(3; 3,3)		
	- C(2; 3,3)	1/2	1/2
F4	Entre Plantas F4 C(4; 4,4)	7/4	7/16
	Entre Fam. F4 C(3; 4,4)	3/2	3/16
	Dentro de famílias F4 C(4; 4,4)		
	- C(3; 4,4)	1/4	1/4
F5	Entre plantas F5 C(5; 5,5)	15/8	15/64
	Entre Fam. F5 C(4; 5,5)	7/4	7/64
	Dentro Fam. F5 C(5; 5,5)		
	- C(4; 5,5)	1/8	1/8
F6	Entre plantas F6 C(6; 6,6)	31/16	31/256
	Entre Fam. F6 C(6; 6,6)	15/8	15/256
	Dentro Fam F6 C(6; 6,6)		
	- C(5; 6,6)	1/16	1/16

FONTE: L.T. EMPIG, 1975 (Table 1 pg. 207).

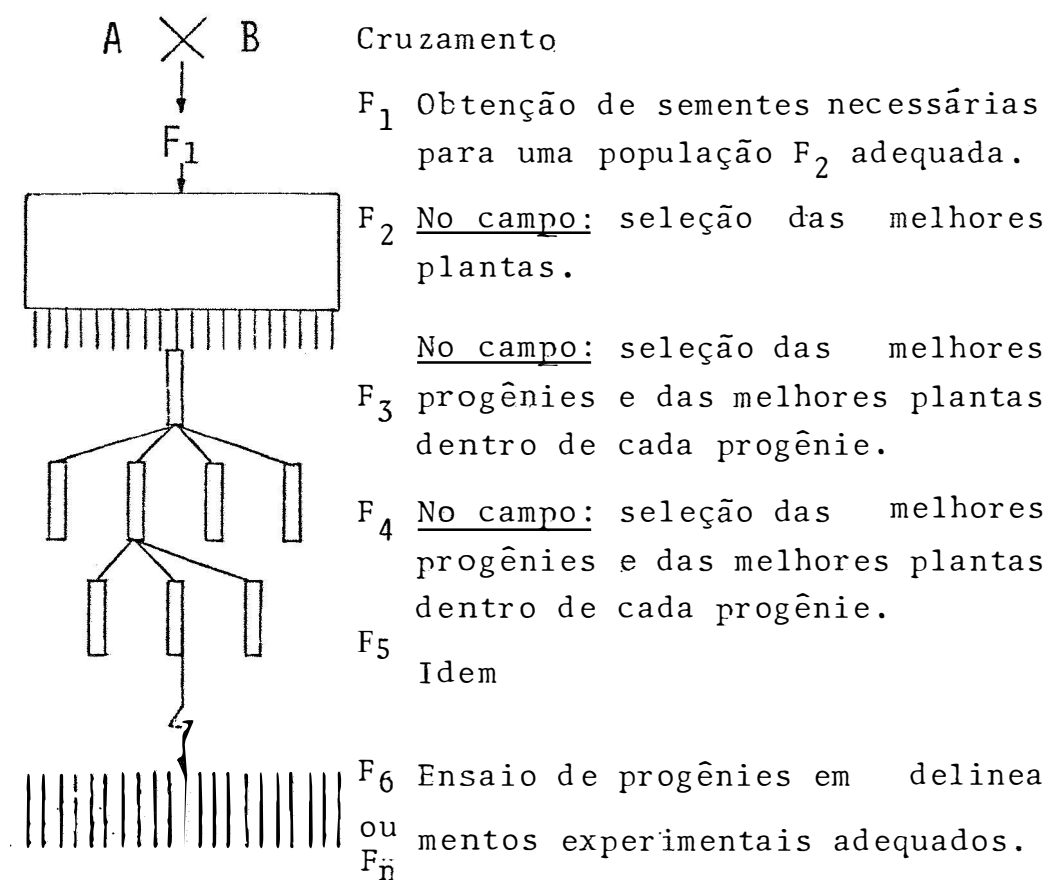


FIGURA 1. Esquema de seleção pelo método do pedigree. (simplificado).

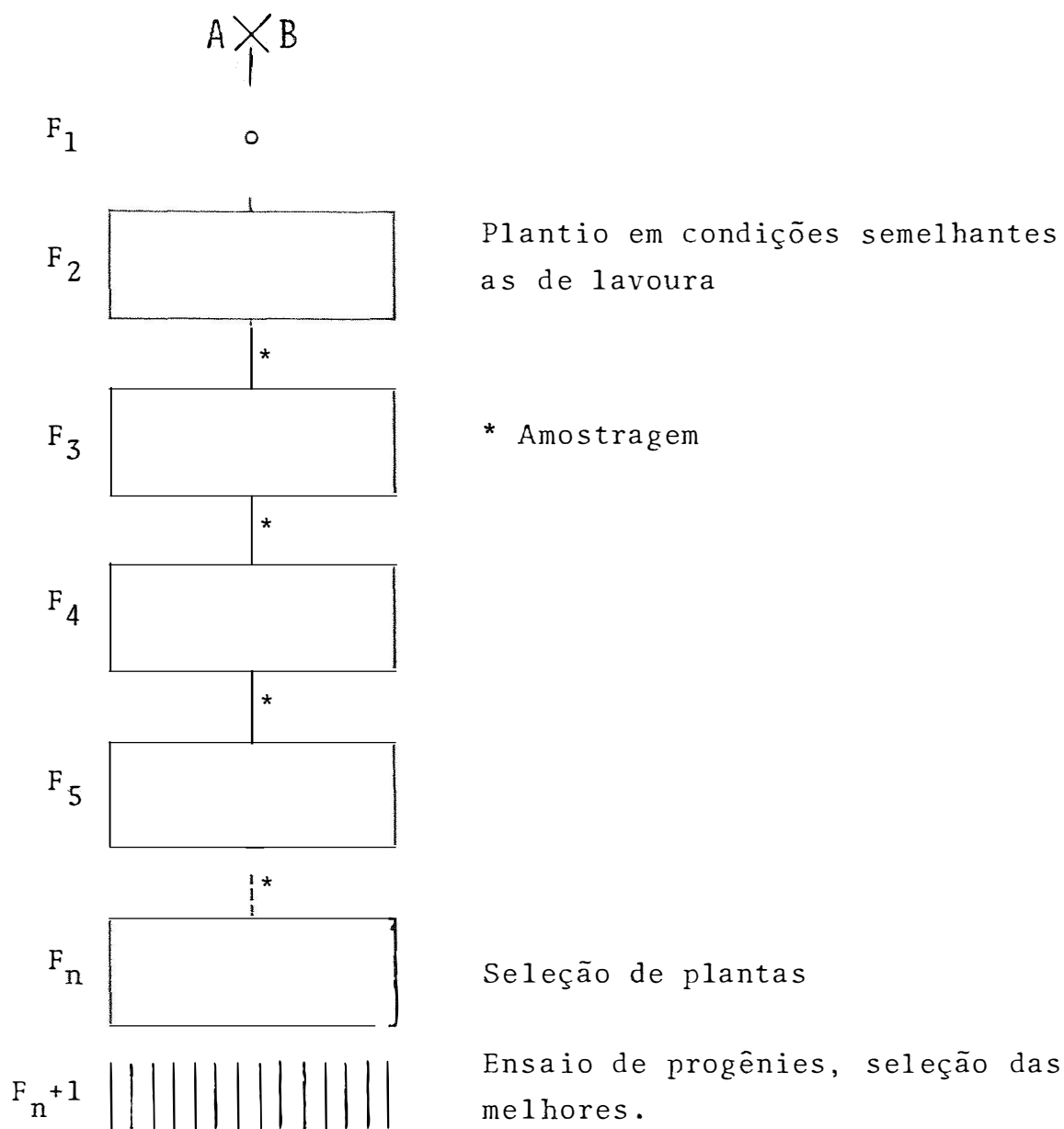


FIGURA 2. Esquema de seleção pelo método de Bulk. (simplificado)

Assim, do ponto de vista da utilização da variabilidade genética disponível após o cruzamento, temos que o método do pedigree, em 2 estágios de seleção, opera independentemente sobre os componentes "entre" e "dentro" da variância genética, enquanto o Método de Bulk capitaliza ambas, também, mas em um só estágio de seleção, uma vez que baseia-se na variabilidade individual de plantas. Por sua vez o SSD permite seleção "entre" linhas somente, e nas gerações F5 ou F6, embora trabalhe com uma população inicial maior e mantenha bom controle sobre o tamanho efetivo desta população através das gerações (EMPIG, 1975).

O método do SSD em seu conceito básico (procedimento de amostragem) foi apresentado pela primeira vez por Goulden em 1939, no 7º Congresso Internacional de Genética, em Edimburg - Escócia. Preocupado em reduzir o tempo normalmente necessário no melhoramento, quando utilizado os métodos de "bulk" e "pedigree", pensou em dividir esses processos globais em duas etapas distintas. A primeira seria a obtenção do maior número possível de linhas homozigotas ou com elevada homozigose; numa segunda etapa seriam selecionadas, dentre essas linhas, as que melhor combinassem as características superiores desejáveis. Assim, dissociando-se a seleção do processo de endogamia, poder-se-ia diminuir o tempo gasto com a primeira etapa, reduzindo-se a uma ou duas plantas a progênie de cada planta F2, e, assim por diante, até alcançar o F6, cujo plantio seria então realizado no campo

de seleção. Usando como exemplo o trigo, a geração F6 seria alcançada em dois anos apenas, ao invés de seis, como seriam necessários no método do "pedigree". E ainda, por requerer pequeno espaço para avançar as gerações, das três plantadas por ano, duas seriam feitas em casa de vegetação durante o inverno e a terceira no campo, no verão (Figura 3).

BRIM (1966), utilizando-se do esquema proposto por GOULDEN (1941), para avançar gerações até um nível de sejado de endogamia, comparou as vantagens desse método com o do "pedigree", no melhoramento da soja. Para alcançar a geração F6, partiu das plantas F2 selecionadas da população e utilizou somente uma semente de cada planta, como progenitora da geração seguinte, procedendo da mesma forma nas demais gerações. Chamou essa maneira de proceder de "Método do pedigree modificado", onde cada progênie no F6 corresponde diretamente a cada planta F2 selecionada.

As vantagens que BRIM (1966) encontrou comparando esse método com o do "pedigree", foram as seguintes:

1. menores espaços são necessários, uma vez que plantas em vasos corresponderiam a linhas no campo;
2. o tempo e o esforço gastos em colheita são bem menores;
3. cadernetas de campo e anotações são bastante reduzidas, uma vez que apenas o cruza -

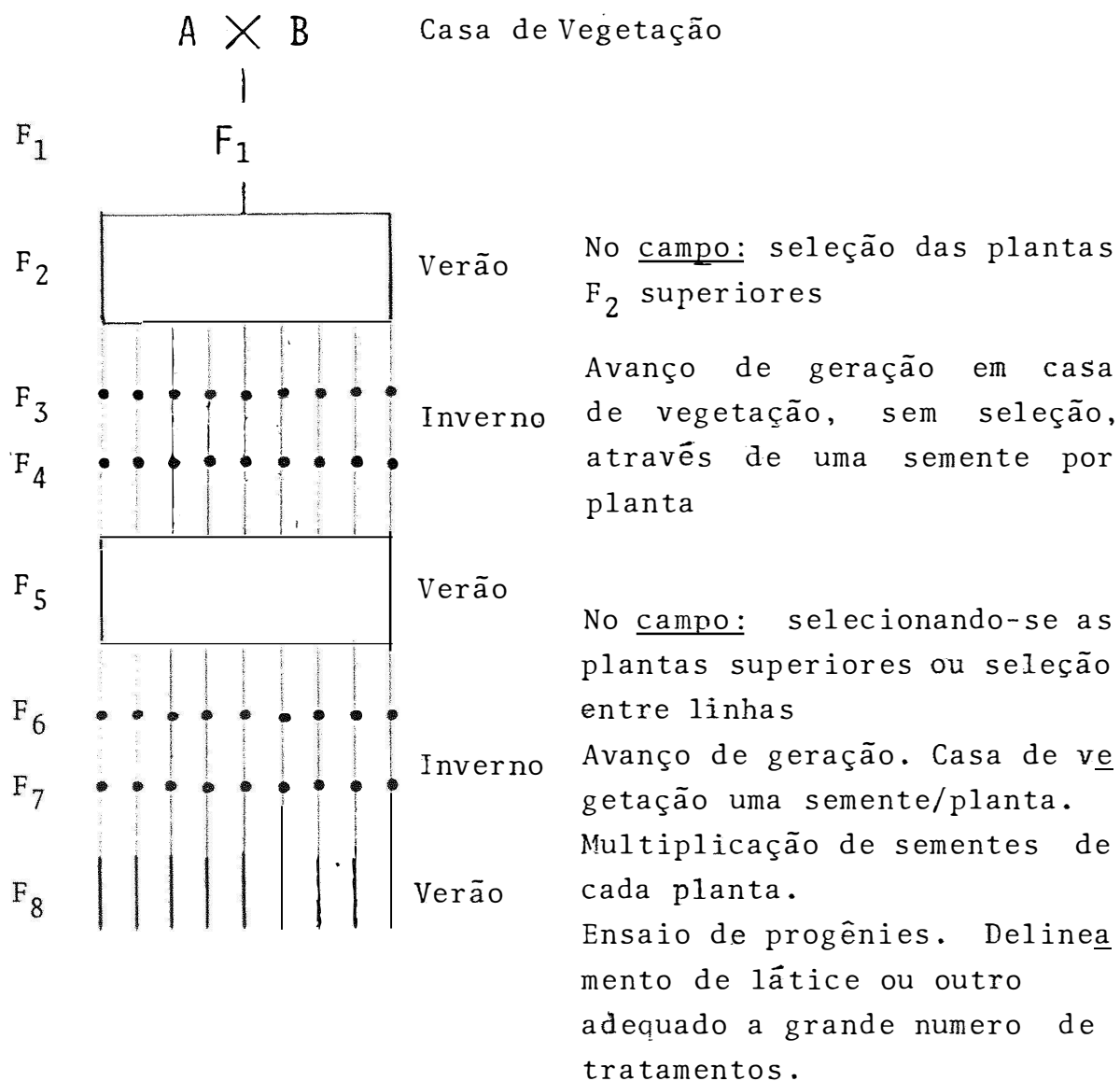


FIGURA 3. Esquema de seleção proposto por GOULDEN (1941), para o melhoramento de trigo.

- mento e a geração são registrados;
4. pode-se praticar alguma seleção para caracteres de alta herdabilidade, como por exemplo altura da planta, ciclo, resistência a doenças, qualidade da semente e outros;
 5. várias gerações podem ser feitas em um único ano; a partir de plantas F2 do campo pode-se obter sementes F6 através de plantios em estufa ou casas de vegetação;
 6. menor esforço é gasto na obtenção de homozigose para caracteres hereditários simples e descontínuos em expressão.

Quanto à aplicação desse método para culturas autógamas, BRIM (1966), entende que a mesma está condicionada ao tipo de variância genética predominante para os caracteres econômicos.

EMPIG e FEHR (1971) compararam esse método por eles denominado "Single Seed Descent" (SSD), (nome pelo qual é mais conhecido hoje) com outros métodos semelhantes, em três cruzamentos de soja, quanto à eficiência em manter genótipos superiores e a variância genética para os seguintes caracteres:

1. rendimento em grãos;
2. ciclo;
3. tamanho da semente;

4. altura da planta;
5. acamamento.

Concluíram ser o SSD o que menos é influenciado pela seleção natural e o que melhor pode ser utilizado em estufas ou em outros ambientes artificiais que diferem dos de cultivo.

CASALI (1973) procurou estimar o progresso de seleção em 9 cruzamentos de tomate, conduzidos pelos métodos do "pedigree" e do SSD. Os efeitos de cruzamento foram de maior amplitude que os efeitos de geração e altamente significativos para as 14 variáveis estudadas. A seleção pelo método do "pedigree" foi efetiva para caracteres de alta herdabilidade, sendo que após o F4 ela foi tão eficiente quanto o SSD (mesmo para herdabilidades altas). Para caracteres de baixa herdabilidade o SSD foi o mais efetivo. Assim, a combinação de seleção pelo método do "pedigree" até o F4, seguida pelo método SSD, foi proposta, o que oferecia as seguintes vantagens, segundo o autor:

1. o tempo gasto para se alcançar o F6 é reduzido em dois anos;
2. proporcionar maior utilização das vantagens e facilidades oferecidas pelas casas de vegetação e estufas, onde pode-se também impor condições que no campo não ocorrem em intensidade desejada para seleção

(temperaturas altas e baixas, infestação com insetos ou infecção com doenças);

3. grande número de linhas avançadas pode ser obtido, mantendo uma larga base genética no F6, comparando-se com aquela mantida pelo método do "pedigree";
4. grande ênfase de seleção pode ser dada a performance de famílias, aumentando a eficiência de seleção.

CASALI (1973) fez também estudo de simulação em computador para comparar a eficiência do SSD com a do "pedigree" e os resultados obtidos no campo concordaram com o esperado.

Mais recentemente BOERMA e COOPER (1975) avaliando 3 métodos de seleção (Pedigree, SSD e Early Generation Yielding Testing - EGT) em 4 populações segregantes de soja, chegaram a conclusões semelhantes as de BRIM (1966).

IKEHASHI e HILLERISLAMBERS (1977) trabalhando com arroz relataram ser possível colher plantas entre 100 a 110 dias após plantio, avançando-se gerações com densidades de 1000 plantas por m². Também reconhecem que para conseguir progressos em elevar os níveis de produtividade praticando seleção em gerações precoces, não é seguro.

As vantagens encontradas na literatura consul

tada na aplicação do método SSD, podem ser resumidas nas seguintes:

- são necessários menores espaços (vasos), menor tempo (várias gerações por ano), menor esforço (colheita e anotações simplificadas);
- grande número de linhas avançadas pode ser obtido, mantendo uma larga base genética no F6;
- grande ênfase de seleção pode ser dada na performance de famílias, com maior eficiência de seleção;
- pode-se praticar seleção para caracteres de alta herdabilidade (altura, ciclo, qualidade de semente e outros);
- é o melhor para ambientes artificiais e uso dessas facilidades, podendo-se praticar a seleção para fatores que não ocorrem no campo na intensidade desejada (temperaturas baixas e altas, infestação de insetos e infecções com doenças);
- os resultados de campo concordam com os esperados, o que é uma garantia para sua aplicação.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Para seleção pelo método do SSD usou-se progênies de 3 cruzamentos realizados em 1972 e 1973 na *Seção de Arroz e Cereais de Inverno* do Instituto Agronômico de Campinas. Esse material fazia parte dos trabalhos de melhoramento da seção, cuja ênfase estava sendo dada na combinação de características das variedades criadas pelo *International Rice Research Institute* (Filipinas), com as criadas pelo Instituto Agronômico de Campinas.

Paralelamente à seleção pelo método do SSD, as mesmas progênies seriam selecionadas pelo método do pedigree para no final comparar-se os 2 métodos. Tal não foi possível por motivo alheio à vontade do autor, sendo a causa principal a mudança de instituição do mesmo. Para contornar esse problema usou-se de dados de linhagens obtidas pelo método do pedigree, a partir de outros cruzamentos realizados no Instituto Agronômico do Paraná, em Londrina, em 1975 e

1976, para comparar a eficiência relativa dos dois métodos pelo *coeficiente de variação genético* (CVg).

Os três cruzamentos que deram origem aos materiais segregantes selecionados pelo método do SSD, tiveram a variedade Pérola como progenitor feminino e três variedades do International Rice Research Institute como polinizadoras: IR442-2-50, IR22 e CICA4.

Os cruzamentos com os respectivos números de plantas F2 selecionadas, são os apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Cruzamentos e plantas F2 selecionadas. (SSD).

Cruzamento	Progenitores	Nº plantas F2 selecionadas
C ₁	Pérola x IR442-2-50	61
C ₂	Pérola x IR22	51
C ₃	Pérola x CICA4	45

A variedade Pérola foi a mais cultivada no Estado de São Paulo, para as condições de sequeiro. É, ainda hoje, considerada entre as que possuem melhor tolerância a seca. É progenitora das principais variedades em distribuição atualmente no Estado de São Paulo e grande parte do Bra-

sil: IAC 1246, IAC 47 e IAC 25 para a cultura de sequeiro e o IAC 435 para as condições de cultivo irrigado. Possui porte alto, é suscetível ao acamamento e à bruzone (*Pyricularia oryzae*, Cav.). Apresenta grãos meio agulha, glabros, coloração de casca amarelo palha, de bom tipo comercial e qualidades culinárias. É da subespécie *Indica*, com as folhas pendentes, glabras, e baixo perfilhamento. Apresenta-se ainda às suas qualidades principais a rusticidade.

As variedades IR442-2-50, IR22 e CICA4 são criadas pelo International Rice Research Institute das Filipinas, sendo que esta última foi introduzida no Brasil pelo CIAT, da Colômbia. São todas de porte baixo, produtivas em condições de cultivo irrigado, de baixa tolerância à seca. Possuem boa arquitetura de planta com folhas e colmos eretos, de bom perfilhamento, resistentes às raças de *Pyricularia* que prevalecem em nossas condições, embora menos tolerantes ao *Helminthosporium* que a variedade Pérola. Seus grãos são do tipo agulha, finos, pilosos, de coloração de casca amarelo palha, de tipo comercial e qualidades culinárias inferiores ao Pérola. São também da subespécie *Indica*.

Este trabalho iniciou-se a partir das sementes das plantas F2 selecionadas, portanto já encerrando em si os genótipos das plantas F3, delas descendentes.

Independentemente dos objetivos do presente trabalho as plantas na geração F2 foram selecionadas (visual

mente) para porte baixo, folhas e colmos eretos, baixo nível de doenças, grão longo e de bom aspecto, baixa esterilidade de espiguetas e vigor geral da planta.

Por essa razão a população trabalhada pelo método do SSD já estava um pouco uniforme para algumas características, como porte baixo e folhas eretas.

Os procedimentos a partir das sementes das plantas selecionadas da população F2, foram os seguintes para cada cruzamento:

- De cada planta F2 retirou-se 1 semente que reunidas constituíram-se na "amostra" que deu origem a geração F3, perdendo-se a identidade das plantas F2 originais.

- Plantou-se a geração F3 em vasos comuns de barro usados em casa de vegetação, com aproximadamente 40 sementes por vaso. Nessas condições as plantas não perfilharam e produziram panículas pequenas, cada uma correspondente a uma planta dessa geração, que foram colhidas sem debulhar, e reunidas por cruzamento.

- Para o plantio da geração F4 retirou-se uma semente de cada panícula (planta) e semeou-se em vasos, como na geração F3, com aproximadamente 40 sementes por vaso, separando-se apenas por cruzamento.

- Procedeu-se da mesma maneira para a *formação da amostra* para plantio da geração F5. Para obtenção de sementes suficientes de cada planta para plantio de uma linha de 5 m na geração F6 em forma de ensaio (para avaliação de produção) semeou-se 1 semente por vaso individualizado (Figura 4).

3.1. Avaliação para produção no SSD

Com a quantidade de sementes obtida de cada planta F5 não foi, como era de se esperar, a mesma para todas as progênes, a limitação imposta pelas menos produtivas levou à utilização de um delineamento simplificado. Usou-se controle intercalar entre cada linhagem, formando 11 blocos com número variável de linhas e controles. As parcelas foram constituídas por um linha de 5 m com o espaçamento de 0,70 m entre linhas, perfazendo $3,5 \text{ m}^2$. Esquematizando a disposição no campo têm-se como segue, uma parte do ensaio para ilustrar o que ficou dito:

```

xxxxxxxxxxxxx   IAC 47 (controle)
-----
Linhagem 1
xxxxxxxxxxxxx   IAC 47
-----
Linhagem 2
xxxxxxxxxxxxx   IAC 47
-----
Linhagem 3
xxxxxxxxxxxxx   IAC 47

```

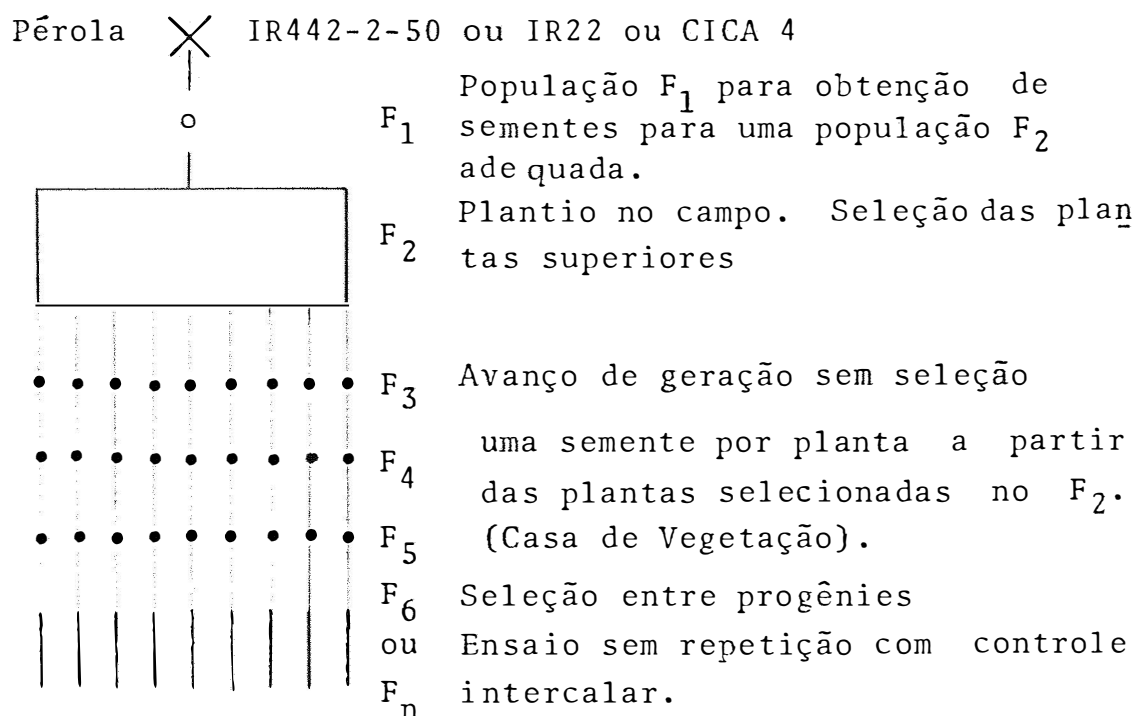


FIGURA 4. Esquema de seleção como foi conduzido no trabalho de dissertação. SSD.

Para o cálculo da produção faz-se o seguinte procedimento, assumindo-se que os *efeitos ambientais sobre o IAC 47 e as linhagens sejam semelhantes*:

- Mediu-se a produção de cada parcela (1 linha de 5 m) tomando-se o peso em gramas dos grãos em casca, abanados e secos (13% umidade).

- Comparando-se essa média, com a produção observada da linhagem correspondente, ou seja, inserida entre as duas repetições do controle adjacentes usadas para o cálculo dessa média, transformando a produção de cada linhagem em porcentagem sobre o controle respectivo (Tabela 3).

- Para dar uma idéia da produtividade das linhagens em kg/ha multiplicou-se as porcentagens pela média geral do IAC 47 no ensaio, em kg/ha, obtendo-se assim um valor em kg/ha das linhagens, comparáveis entre si (Tabela 3).

Tabela 3. Esquema do cálculo do valor corrigido das progê-
nias do SSD através do IAC 47 como controle. Exem-
plo.

Nº	Parcelas Tratº	Produção g/parcela	IAC 47 adjacente x gramas	% em rela- ção ao con- trole	Produção* corrigi- da kg/ha
1	IAC 47	1480			
2	L 2	0210	1655	12,68	534,15
3	IAC 47	1830			
4	L 3	0040	1750	2,28	96,17
5	IAC 47	1670			
6	L 5	0160	1690	9,46	399,81
7	IAC 47	1710			
8	L 10	0150	1725	8,69	366,55
9	IAC 47	1740			
10	L 14	0110	1590	6,91	291,46
11	IAC 47	1440			

* - Para o cálculo da produção em kg/ha, tirou-se a média do IAC 47 no ensaio que foi de 1476,33 g/parcela de 3,5 m², que corresponde a 4.218 kg/ha, e para cada linhagem calculou-se a respectiva porcentagem desse valor.

3.2. Estimação do coeficiente de variação genético entre as linhagens obtidas pelo método do SSD

Assumiu-se os efeitos ambientais sobre o controle e as linhagens são semelhantes e calculou-se a variância entre as linhagens, que teria confundido o componente devido ao erro ambiental que seria estimado pela variância do controle IAC 47. Assim a variância Genética das linhagens seria a variância das linhagens menos a variância do erro ambiental:

$$v_g^2 = v_L^2 - v_E^2$$

A v_E^2 foi estimada através do controle IAC 47 que sendo uma "linha uniforme" a sua variância seria a variância ambiental ($v_C^2 = v_E^2$). O cálculo foi feito pela fórmula de variância:

$$v_C^2 = \frac{\sum C^2 - \frac{(\sum C)^2}{N}}{N - 1}$$

3.3. Conceito do coeficiente de variação genético (CVg)

O coeficiente de variação genético é definido como sendo o desvio padrão genético expresso em porcentagem em relação à média, como na expressão:

$$CV_g = \frac{\sqrt{V_g^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

Para o caso em questão calculou-se a variância entre linhagens pela fórmula da variância.

$$V_l = \frac{\Sigma L^2 - \frac{(\Sigma L)^2}{N}}{N-1}$$

3.4. Ajuste de variância entre linhagens

Como a média das linhagens foi menor que a média do controle, após calculada a V_L^2 multiplicou-se a mesma por um fator ($R = X_c/\bar{X}_e$) para que as médias das progênies e dos controles se igualassem, e extrair a diferença entre as respectivas variâncias

$(V_I^2 - V_e^2)$ correspondente à variância genética (V_g^2):

Como $V_{KX}^2 = K^2 V_X^2$ temos que:

$$V_{RL}^2 = R^2 V_L^2$$

de sorte que para as linhagens obtidas pelo SSD o CV_g foi calculado assim:

$$CV_g = \frac{\sqrt{R^2 V_L^2 - V_E^2}}{R \bar{X}_L} \cdot 100$$

onde:

V_L^2 = variância entre linhagens (g/parcela)

V_E^2 = variância entre repetições do controle

IAC 47

\bar{X}_L = média das linhagens.

3.5. Cálculo do CVg das linhagens dentro de cada cruzamento

Para o cálculo do CVg das linhagens dentro de cada cruzamento, procedeu-se da mesma maneira, somente que utilizou-se das linhagens de cada cruzamento e dos controles correspondentes, calculando-se assim a variância ambiental para cada cruzamento.

3.6. Estimação do coeficiente de variação genético entre linhagens obtidas pelo método do pedigree

Utilizou-se para esse fim de linhagens do ensaio comparativo preliminar 80/81 conduzido em Londrina, no Instituto Agronômico do Paraná. O ensaio constou de 91 li-

nhagens de 7 cruzamentos, selecionadas pelo método do pedigree em delineamento experimental de blocos ao acaso com 6 repetições e parcelas de $2,5 \text{ m}^2$, ou seja, 1 linha de 5 m de comprimento entre linhas, de 0,50 m.

Admitiu-se o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = u + B_i + C_j + LK_{(j)} + E_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = observação

u = média

B_i = efeito do i ésimο bloco

C_j = efeito do j ésimο cruzamento

LK = efeito da K ésimο linhagem hierarquizada no j ésimο cruzamento

E = erro experimental.

O esquema da análise da variância com as esperanças dos quadrados médios, utilizado, foi esquematizado na Tabela 4.

Conforme o esquema da análise da variância ou Tabela 4 os coeficientes de variação genético foram calculados pelas seguintes expressões:

Tabela 4. Esquema da análise da variância em blocos ao acaso, com 6 repetições, 91 linhagens (7 cruzamentos) obtidas pelo método do pedigree.

F.V.	GL	QM	E(QM)
Blocos	b-1	QMB1	
Cruzamentos	c-1	QMC	$v_e^2 + bv_{4c}^2 + \sum \frac{k_j^2}{K} v_c^2$
Linhas/cruzamento	c(K-1)	QML/C	$v_e^2 + bv_{4c}^2$
L/C _a	k _a -1	QML/C _a	$v_e^2 + bv_{L/C_a}^2$
L/C _b	k _b -1	QML/C _b	$v_e^2 + bv_{L/C_b}^2$
L/C _c	k _c -1	QML/C _c	$v_e^2 + bv_{L/C_c}^2$
L/C _d	k _d -1	QML/C _d	$v_e^2 + bv_{L/C_d}^2$
L/C _e	k _e -1	QML/C _e	$v_e^2 + bv_{L/C_e}^2$
L/C _f	k _f -1	QML/C _f	$v_e^2 + bv_{L/C_f}^2$
L/C _g	k _g -1	QML/C _g	$v_e^2 + bv_{L/C_g}^2$
Erro	p/dif.	QME	v_e^2
Total	bck-1	-	

a. Coeficiente de variação genético entre linhagens de todos cruzamentos:

$$CV_g \text{ total} = \frac{\sqrt{v_e^2 + v_{4c}^2}}{\bar{X}}$$

onde: v_e^2 é a variância do erro e v_{4c}^2 é a variância devido a cruzamentos.

b. Coeficiente de variação genético entre cruzamentos:

$$CV_g = \frac{\sqrt{v_c^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

c. Coeficiente de variação genético entre linhagens dentro dos cruzamentos:

$$CVg_{L/C} = \frac{\sqrt{v_{L/C}^2}}{\bar{X}}$$

d. Coeficiente de variação genético entre linhagens dentro de cada cruzamento:

$$CVg_{Cj} = \frac{\sqrt{v_{L/Ci}^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

4. RESULTADOS

4.1. Resultados obtidos pelo método do SSD

Das 157 plantas "iniciais" selecionadas na geração F2, obteve-se na geração F6 45 linhagens, cujos dados de produção estão reunidos na Tabela 5, juntamente com os do controle, IAC 47.

Para dar uma idéia da produtividade das linhagens em kg/ha, os dados foram reunidos por cruzamento e com os respectivos valores originais e os corrigidos pelo controle intercalar em gramas por parcela e os valores correspondentes em kg/ha, nas Tabelas 6, 7 e 8.

Com os valores da Tabela 5 calculou-se o Coeficiente de variação genético entre linhagens obtendo-se a estimativa seguinte:

$$CV_{gl_{SSD}} = 79,89\%$$

TABELA 5 - SSD. Linhagens e Controles com as produções em g/parcela e sua disposição no campo (10 blocos).

Linhagem	Cruzamento	g/parcela
IAC 47	---	1480
L 2	C1	210
IAC 47	---	1830
L 3	C1	40
IAC 47	---	1670
L 5	C1	160
IAC 47	---	1710
L 10	C1	150
IAC 47	---	1740
L 14	C1	110
IAC 47	---	1440
L 16	C1	400
IAC 47	---	1510

IAC 47	---	1540
L 17	C1	600
IAC 47	---	1430
L 18	C1	420
IAC 47	---	1300
L 19	C2	1
IAC 47	---	1280
L 20	C2	220
IAC 47	---	1620
L 21	C2	140
IAC 47	---	1610

continuação

Linhagem	Cruzamento	g/parcela
IAC 47	---	1490
L 22	C2	360
IAC 47	---	1430
L 23	C2	800
IAC 47	---	1330
L 25	C2	860
IAC 47	---	1460
L 26	C2	330
IAC 47	---	1530

IAC 47	---	1750
L 28	C2	210
IAC 47	---	2190
L 29	C2	720
IAC 47	---	1830
L 30	C2	540
IAC 47	---	1530
L 31	C2	80
IAC 47	---	1450
L 32	C2	30
IAC 47	---	1120

IAC 47	---	1570
L 36	C3	140
IAC 47	---	1610
L 37	C3	300
IAC 47	---	1640
L 38	C3	440
IAC 47	---	1390

continuação

Linhagem	Cruzamento	g/parcela
L 39	C3	400
IAC 47	---	1290

IAC 47	---	1330
L 40	C3	360
IAC 47	---	1360
L 41	C3	30
IAC 47	---	1470
L 42	C3	85
IAC 47	---	1040
L 43	C3	190
IAC 47	---	1600
L 44	C3	60
IAC 47	---	1320

IAC 47	---	1460
L 45	C3	50
IAC 47	---	1580
L 46	C3	720
IAC 47	---	1510
L 47	C3	200
IAC 47	---	1610
L 48	C3	450
IAC 47	---	1240

continuação

Linhagem ou cruzamento	Cruzamento	g/parcela
IAC 47	---	1170
L 50	C3	60
IAC 47	---	1940
L 51	C3	630
IAC 47	---	1860
L 52	C3	640
IAC 47	---	1910
L 53	C3	200
IAC 47	---	1390

IAC 47	---	1430
L 54	C3	50
IAC 47	---	1440
L 55	C3	1
IAC 47	---	1200
L 56	C3	130
IAC 47	---	1400
L 57	C3	170
IAC 47	---	1280
L 58	-C3	210
IAC 47	---	0920

L 59	C3	240
IAC 47	---	1400
L 60	C3	430
IAC 47	---	1240
L 49	C3	200
IAC 47	---	2180
xxxx	---	xxxx
IAC 47	---	1080

TABELA 6 - Relação das 8 linhagens obtidas pelo método do SSD do cruzamento C1: Pérola x IR442-2-50.

C1 Linhagens	Gramas/parcela	Valores corrigidos	
		Gramas/parcela	Kg/ha
L 17	600	596	1700
L 18	420	454	1300
L 16	400	300	1140
L 02	210	187	530
L 05	160	140	400
L 10	150	128	360
L 14	110	102	290
L 03	040	034	100

TABELA 7 - Relação das 12 linhagens obtidas pelo método do SSD do cruzamento C₂ Pérola x IR22.

C2 Linhagens	Gramas/parcela	Valores corrigidos	
		Gramas/parcela	Kg/ha
L 25	860	910	2600
L 23	800	725	2070
L 29	720	529	1510
L 30	540	475	1360
L 26	330	326	930
L 22	360	311	890
L 20	220	224	640
L 28	210	157	450
L 21	140	128	360
L 31	80	79	230
L 32	30	34	100
L 19	1	1	3

TABELA 8 - Relação das 25 linhagens obtidas pelo método do SSD, do cruzamento C3: Pérola x CICA4.

C3	Linhagens	Gramas/parcela	Valores corrigidos	
			Gramas/parcela	Kg/ha
	L 46	720	688	1970
	L 52	640	501	1430
	L 51	630	490	1400
	L 60	430	481	1370
	L 48	450	466	1330
	L 39	400	441	1260
	L 38	440	429	1230
	L 40	360	395	1130
	L 58	210	282	810
	L 37	300	273	780
	L 59	240	253	720
	L 49	200	234	670
	L 43	190	212	610
	L 47	200	189	540
	L 57	170	187	530
	L 53	200	179	510
	L 56	130	148	420
	L 36	140	130	370
	L 42	85	100	280
	L 44	60	61	170
	L 50	60	57	160
	L 54	50	51	140
	L 45	50	49	140
	L 41	30	31	90
	L 55	1	1	3

Os coeficientes de variação genéticos, entre linhagens dentro de cada cruzamento, também foram calculados e encontram-se reunidos na Tabela 9.

Como resultado da seleção nos três cruzamentos pelo SSD reuniu-se na Tabela 10 o número de linhas cujas produtividades são semelhantes à da variedade Pérola, o único progenitor, entre os quatro, adaptado às condições de sequeiro.

4.2. Resultados referentes às linhagens obtidas pelo método do "pedigree"

Os coeficientes de variação genéticos para os sete cruzamentos estão reunidos na Tabela 11, onde podemos verificar os baixos CVg obtidos para as linhagens selecionadas pelo método do pedigree, onde dos sete cruzamentos quatro (Ca, Cc, Ce e Cl) apresentaram variância genética nula (valor mais adequado para F não significativo) e os demais: 7,6%; 32,18% e 9,67%, valores esses até 10 vezes menores que os obtidos para o método do SSD.

O coeficiente de variação genético entre cruzamentos foi de 10,24%.

Tabela 9. Cruzamentos, média e CVg obtidos entre linhagens, para cada cruzamento. Método SSD.

Cruzamentos	Nº de Linhagens	\bar{X} cruzamento g/parcela	CVg%
C ₁ Pérola x IR442	8	261,25	72,47
C ₂ Pérola x IR22	12	357,58	83,04
C ₃ Pérola x CICA4	25	255,44	78,05
Total	45	283,71	79,89

Tabela 10. Linhagens obtidas pelo método do SSD, com produ_{ti}vidades próximas do progenitor Pérola.

Cruzamentos	Amplitude	Nº de linhas superiores
C ₁	100 - 1700	1
C ₂	1 - 2600	3
C ₃	1 - 1970	1

Tabela 11. Coeficiente de variação genético entre linhagens de 7 cruzamentos - método do pedigree - total de 91 linhagens.

Cruza _{mento}	Genealogia	Nº Li- nhagens	CVg%	\bar{X} kg/ha
Ca	L18-6 x IAC 25	7	0,00	3304
Cb	IAC165 x Jaguari/L18-6	12	7,66	3876
Cc	IAC5067 x IAC 25/M1-48	3	0,00	3672
Cd	IAC164 x MorobereKan	5	32,18	2540
Ce	IAC5128 x EEPG369/L71-5	5	0,00	3068
Cf	F-3-7 x Batatais	26	0,00	4180
Cg	L18-6 x Polinização natural	33	9,67	3360
Total	Entre linhagens	91	13,52	3610

E o coeficiente de variação genético total, para as 91 linhagens, foi de 13,52%.

A Tabela 12, mostra as variâncias a partir dos quais se estimou os coeficientes de variação genéticos entre cruzamentos, total e dentro dos cruzamentos, e as significâncias pelo teste de F.

Na Figura 5 encontra-se a curva de distribuição das frequências das linhagens pelas produções em gramas/parcela de 3,5 m², corrigidas, no caso do SSD e na Figura 6 a das obtidas pelo pedigree em gramas/parcela de 2,5 m², mostrando visualmente o que os coeficientes de variação genéticos mostraram numericamente.

TABELA 12 - ANAVA DO ENSAIO EM BLOCOS AO ACASO com 6 repetições, com 91 linhagens de 7 cruzamentos selecionadas pelo método do pedigree.

F.V.	GL	QM	F	E (QM)
Blocos	5	674 568,24	17,69**	
Cruzamentos	6 1	212 051,56	31,78**	$Ve^2 + 6V_{L/C}^2 + 132,99V_C^2$
Linhas/cruzam.	84	76 244,50	2,00**	$Ve^2 + 6V_{L/C}^2$
L/Ca	6	66 485,71	1,74 ^{ns}	$Ve^2 + 6V_{L/Cc}^2$
L/Cb	11	71 192,30	1,87*	$Ve^2 + 6V_{L/Cb}^2$
L/Cc	2	46 288,89	1,21 ^{ns}	$Ve^2 + 6V_{L/Cc}^2$
L/Cd	4	288 986,67	7,58**	$Ve^2 + 6V_{L/Cd}^2$
L/Ce	4	77 081,67	2,02 ^{ns}	$Ve^2 + 6V_{L/Cc}^2$
L/Cf	25	47 253,23	1,24 ^{ns}	$Ve^2 + 6V_{L/Cf}^2$
L/Cg	32	77 636,40	2,04**	$Ve^2 + 6V_{L/Cg}^2$
Erro	450	38 132,61		Ve^2
Total	545			

**significância ao nível de 1% de probabilidade e, *ao nível de 5%.

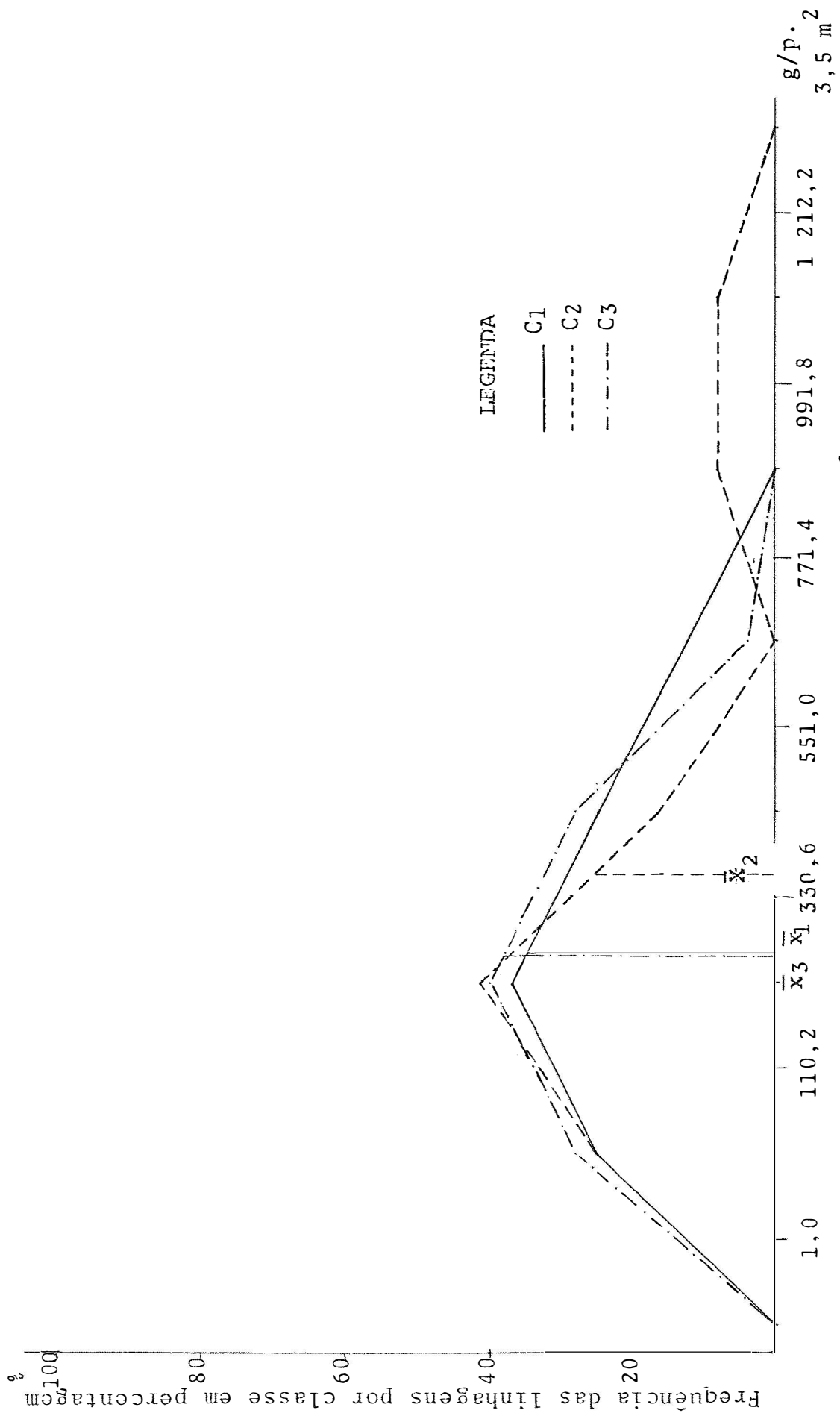


FIGURA 5. Curva de distribuição das linhagens obtidas pelo método do SSD por cruzamen

to: 1, 2 e 3.

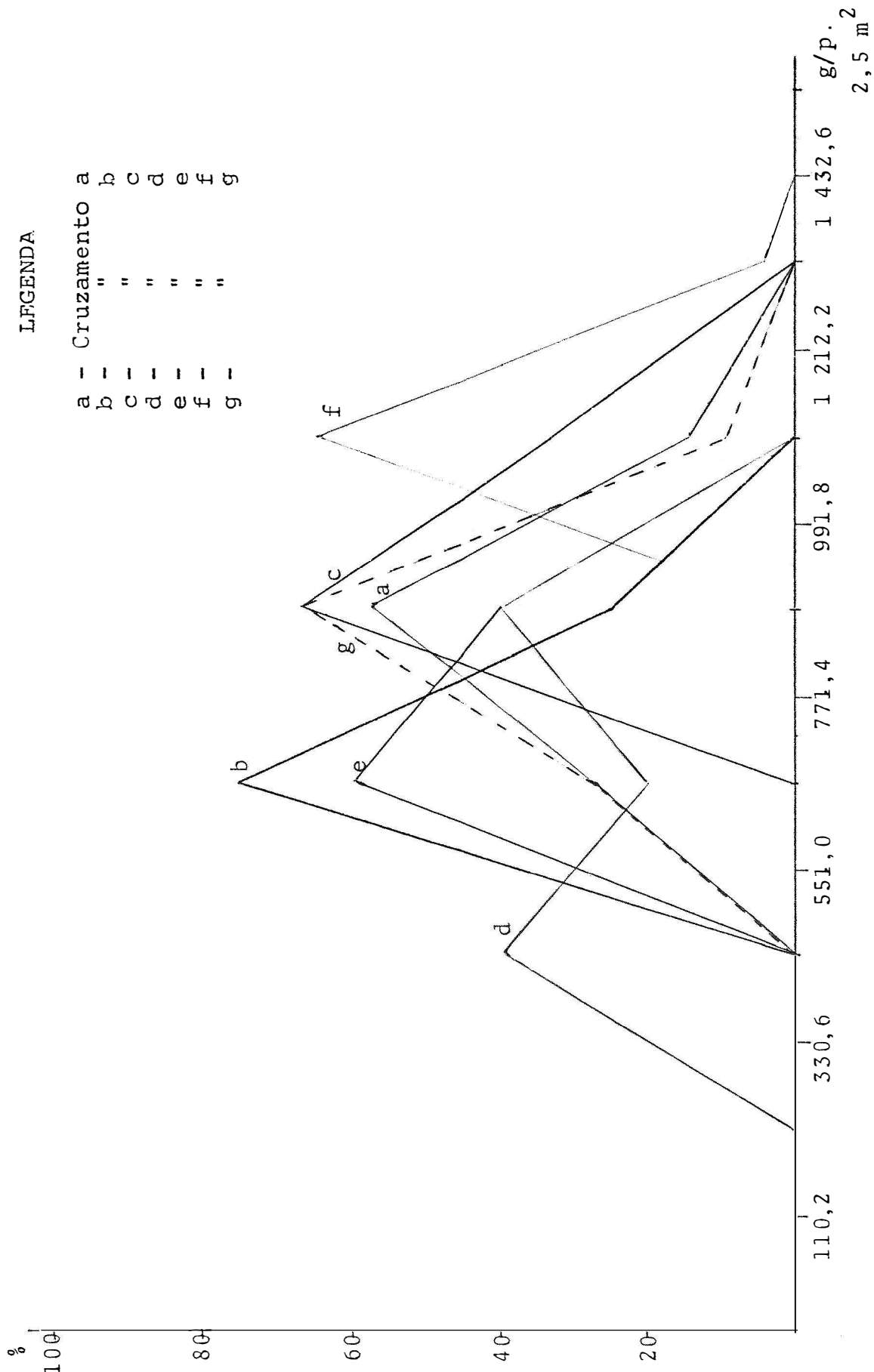


FIGURA 6. Curva de distribuição das linhagens pelo método do pedigree por cruzamento

Frequência das linhagens por classe em porcentagem

5. DISCUSSÃO

Todo método de melhoramento tem seus méritos, ou seja, um lugar dentro do contexto mais amplo do melhoramento de plantas. O SSD teria como um dos méritos conduzir à alta variabilidade entre progênies, no F6, principalmente para características de baixa herdabilidade, como produção e, portanto, alta variância genética, no caso expressa pelo Coeficiente de Variação Genético (CV_g).

A análise dos resultados encontrados neste trabalho, resumidos nas Tabelas 9, 10, 11 e 12, confirmam essa expectativa, onde o CV_g entre linhagens no método SSD foi superior ao encontrado para o pedigree, ou seja 79,89% e 13,52% respectivamente. Para os cruzamentos, os valores encontrados mostram uma diferença ainda maior a favor do SSD (C1 72,47%; C2 83,04%; C3 78,05%) em comparação ao pedigree em que 4 cruzamentos dos sete realizados, apresentaram va-

riância genética nula (cruzamentos a, c, e, f), e dos outros três, somente um apresentou um valor mais elevado, ou seja 32,18% (cruzamento d) e 7,66% e 9,67% para os cruzamentos b e g respectivamente.

O fato de o método do pedigree conduzir a baixos coeficientes de variação genéticos é, em parte, explicável pela contínua eliminação dos indivíduos inferiores "dentro" das linhas, como também das linhas inferiores (por seleção "entre"). De fato, na seleção pelo pedigree, no presente trabalho, fez-se uso do controle intercalar para aumentar a eficiência de seleção para a produção, exceto no caso do cruzamento d, onde os genótipos inferiores para produção foram mantidos, desde que apresentassem resistência ao acamamento, o que pode explicar sua média mais baixa e também maior CV_g . Da mesma forma, para o SSD parte da variação encontrada é devido a manutenção de genótipos extremamente inferiores, com produção de 3 kg/ha, como no caso das linhagens 19 e 55, e abaixo de 500 kg/ha, no caso das linhagens 3, 5, 10 e 14 do C1 e 21, 28, 31 e 32 do C2 e 56, 36, 42, 44, 50, 54, 45 e 41 do C3. Por isso é importante salientar que, entre as linhas superiores encontradas pelo SSD, a L23 e a L25 são de real valor agrônômico, e pelo menos uma linhagem de cada cruzamento foi considerada boa em comparação com os progenitores (variedade Pérola, no caso) combinando características desejáveis (por seleção no F2) e produtividade semelhante ao pai superior. Por esse motivo BOERMA e COOPER

(1975) ao comparar o SSD com o pedigree, utilizaram somente as mais produtivas 10, 20 ou 30 linhas (conforme o cruzamento), e os valores encontrados para variância genética para produção não diferiram daqueles do pedigree. As médias de todas as linhas e das cinco superiores e as mais produtivas de cada população também não mostraram diferenças entre os métodos.

Também uma adicional variabilidade pode conseguir o pedigree com a condução de vários cruzamentos. Como pode-se ver pelos resultados obtidos (Tabela 11) o CVg dentro dos cruzamentos foi de 8,83% enquanto entre as linhagens como um todo, havendo confundimento com cruzamentos, o CVg foi de 13,52%.

No caso do SSD as diferenças entre os cruzamentos também se fizeram notar, principalmente na sua efetividade (aquilatada pelas linhagens superiores encontradas) e na média das linhagens dos cruzamentos (357 g/parcela no C2 e 261 g/parcela e 255,44 g/parcela para os cruzamentos C1 e C3 respectivamente).

A seleção pelo método do SSD também poderia economizar tempo e melhorar a eficiência, trabalhando-se com maior número de plantas F2 iniciais e seguindo-se o esquema proposto na Figura 7, sem seleção na geração F2. No caso justificava-se a seleção uma vez que os pais eram muito diferentes quanto ao comportamento em condições de sequeiro,

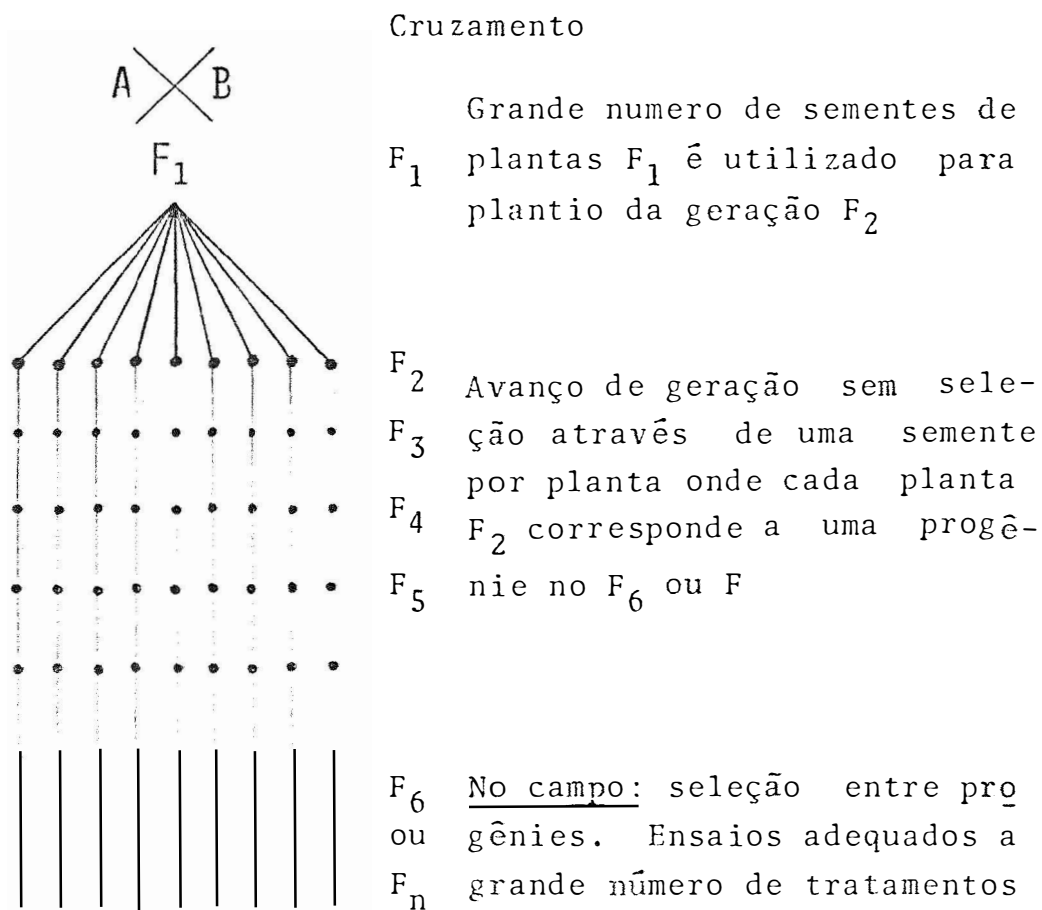


FIGURA 7. Esquema de seleção pelo método do SSD em sua concepção mais simples, com apenas uma geração no campo: F_6 ou F_n .

(sendo que os de sigla IR não produzem grãos na maioria dos anos agrícolas, em nossas condições) e de "tipos de planta" bastante contrastantes. Isto pode explicar as médias baixas desses cruzamentos.

Apesar dos progenitores utilizados e da pequena população inicial (157 plantas F2) e final (45 linhas F6) os resultados alcançados pelo SSD podem ser considerados bons, não só pela alta variabilidade (1 a 910 gramas/parcela) e razoável variância genética, como também pela eficiência em manter genótipos superiores, comparativamente aos pais, em cada cruzamento. O que de uma maneira ampla está de acordo com os resultados de EMPIG e FEHR (1971), BOERMA e COOPER (1975) e CASALI (1973).

Para a cultura de arroz as perspectivas são alvissareiras porque os resultados são bons e também as facilidades que a cultura oferece são várias.

A planta de arroz se presta a plantios densos (1000 pl/m^2) emitindo panículas pequenas mas com grãos férteis; também pode-se manter as plantas em condições de inundação, o que facilita a irrigação de vasos com plantios densos. Outra vantagem é a planta de arroz ser de "dias curtos", diminuindo o ciclo nos plantios de inverno, embora o frio atue no sentido inverso. Outro aspecto a considerar é a rusticidade da planta de arroz, facilidade de colheita (pa

nículas) manuseio e armazenamento dos grãos que não perdem facilmente o poder germinativo, como também não possuem dormência prolongada sendo fácil quebrá-la, se necessário.

Em resumo o arroz se presta bem ao avanço de gerações em condições artificiais, permitindo conduzir populações grandes e praticar alguma seleção para porte, tipo de grão, pilosidade, resistência a bruzone e problemas de solo, se conveniente.

Como dificuldades na aplicação do método para arroz temos a necessidade de condições artificiais adequadas, ou seja, casas de vegetação com aquecimento, que são dispendiosas. Apesar da facilidade em avançar gerações, a avaliação final em F₆, ou F_n, de grande número de linhas pode se constituir em problema, principalmente porque o melhorista precisa conduzir outras tantas populações, cujos objetivos não são apenas produção.

O método do SSD tende a assumir importância cada vez maior, na medida em que melhores informações estejam disponíveis sobre progenitores mais adequados e grande número de linhagens com boas características agronômicas tiverem sido criadas e numa etapa posterior utilizadas em cruzamentos para seleção pelo SSD. Conforme os resultados de Kaufmann, citado por IKEHASHI e HILLERISLAMBERS (1975), o método foi eficiente em romper platôs que se julgava haver sido atingidos para certos cruzamentos, já explorados. A escolha dos progenitores é de suma importância no SSD conforme

pondera IKEHASHI e HILLERISLAMBERS (1975), pois só é possível saber do sucesso ou não de um cruzamento no final, sendo impossível fazer essa avaliação no decorrer das gerações.

6. CONCLUSÕES

Dos resultados encontrados nesse trabalho pode-se concluir:

- a. o método do SSD conduziu a Coeficientes de Variação genéticos mais elevados que o método do pedigree, 79,89% e 13,52% respectivamente;
- b. não houve diferenças entre os CVg para os cruzamentos, diferindo as médias dos mesmos;
- c. o SSD foi eficiente em conduzir os genótipos produtivos e agronomicamente superiores, comparativamente ao progenitor superior (a variedade Pérola);
- d. o método é viável para o melhoramento da

cultura de arroz de sequeiro, e crescerá de importância à medida que forem criadas variedades agronomicamente superiores, pelos programas em andamento, sendo então utilizadas como progenitores.

7. LITERATURA CITADA

- BOERMA, H.R. e R.L. COOPER, 1975. Comparison of Three Selection Procedures For Yield in Soybeans. Crop. Sci. 15: 225-229.
- BRIM, C.A., 1966. A Modified pedigree Method in Soybeans. Crop Sci. 6: 220.
- CASALI, VICENTE W.D., 1973. Field and Computer Simulation Studies of Efficiency of SINGLE SEED DESCENT for Improvement of Self Pollinated Crops. (Tese para obtenção do título de Ph.D. - Purdue University, December, 1973).
- EMPIG, L.T. e W.R. FEHR, 1971. Evaluation of Methods for Generations Advance in Bulk Hybrid Soybeans Populations. Crop Sci. 11: 51-54.

EMPIG, L.T., 1975. Genetic Variances in Self Fertilized Populations Under Various Breeding Methods. Phil. Agr. 59: 205-211.

IKEHASHI, H. e D. HILLERISLAMBERS, 1977. Single Seed Descent With the Use of Rapid Generation Advance International Rice Research Conference, April 18-22, 1977. IRRI, Los Baños, PHILLIPPINES.

GOULDEN, C.H., 1941. Problems in Plant Selection. Proc. 7th International Genetics Congress, Edinburg: 132-133.