



VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE ARROZ IRRIGADO

PAULO HENRIQUE RAMOS GUIMARÃES¹; MATHEUS SOUZA BARROS²;
ODILON PEIXOTO DE MORAIS JÚNIOR¹; ORLANDO PEIXOTO DE MORAIS³;
PAULA PEREIRA TORGA³; PATRÍCIA GUIMARÃES SANTOS MELO⁴

¹ Eng. Agrônomo, Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG, Goiânia, GO, e-mail: paulohenriquerg@hotmail.com; odilonpmorais@gmail.com

² Eng. Agrônomo, Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG, Goiânia, GO, mbarros.agro@gmail.com

³ Pesquisador - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Arroz e Feijão, e-mail: orlando.morais@embrapa.br

³ Pesquisadora - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Arroz e Feijão, e-mail: paula.torga@embrapa.br

⁴ Professora da Universidade Federal de Goiás - GO, Setor de Melhoramento de Plantas, e-mail: pgsantos@gmail.com

Resumo: Este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade e a divergência genética da população CNA 12 de arroz irrigado. Para isto foram utilizados os dados de seis caracteres (brusone na panícula, altura de plantas, mancha de grãos, mancha parda, escaldadura e produção de grãos) provenientes do ensaio de rendimento de progêneses S_{0,2}, conduzido em Goianira, GO, no ano agrícola de 2010/11, em delineamento de blocos aumentados de Federer. Para estimação da divergência genética foram selecionadas três progêneses dentro de cada subpopulação que compõe a CNA 12, totalizando 54 progêneses selecionadas. Houve diferenças significativas entre tipo e progêneses dentro de tipo para todos os caracteres avaliados, indicando que as progêneses apresentaram comportamento diferenciado para cada caráter. Verificou-se que os CV_e obtidos foram baixos, denotando boa precisão na condução e obtenção das estimativas de cada uma das variáveis de interesse. Os caracteres avaliados apresentaram alta estimativa de herdabilidade e as estimativas do CV_g indicam que, de certa forma, há presença de variabilidade genética entre as progêneses avaliadas, o que possibilita a obtenção de ganhos por seleção. Por meio da técnica de agrupamento, realizada pelo método *UPGMA*, e tendo como medida de dissimilaridade a distância euclidiana, constatou-se a existência de considerável divergência genética entre as progêneses, indicando que a população possui variabilidade em relação a vários caracteres de interesse. A maior divergência foi observada entre a progênesis CNAX16226-15-B e a CNAX16215-13-B, enquanto a CNAX16221-2-B e CNAX16210-19-B foram as de maior similaridade. Por meio dos resultados obtidos é possível observar que a seleção recorrente tem sido um método eficiente na geração de populações de arroz de alta variabilidade.

Palavras-chave: *UPGMA*, medida de dissimilaridade, seleção recorrente.

Agradecemos a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG), pelo auxílio financeiro