

GABRIEL GONÇALVES DOS REIS

**PROGRESSO GENÉTICO DE CARACTERES AGRONÔMICOS DO
ARROZ IRRIGADO EM MINAS GERAIS ENTRE 1998 E 2012**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

R375p
2013

Reis, Gabriel Gonçalves dos, 1987-

Progresso genético de caracteres agronômicos do arroz irrigado em Minas Gerais entre 1998-2012 / Gabriel Gonçalves dos Reis. – Viçosa, MG, 2013.

viii, 53 f. : il. ; 29 cm.

Inclui anexos.

Orientador: Roberto Fritsche Neto.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 22-29.

1. Arroz - Melhoramento genético - Estimativas. 2. Arroz - Cultivo - Estimativas. I. Universidade Federal de Viçosa.

Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22.ed. 633.182

GABRIEL GONÇALVES DOS REIS

**PROGRESSO GENÉTICO DE CARACTERES AGRONÔMICOS DO
ARROZ IRRIGADO EM MINAS GERAIS ENTRE 1998 E 2012**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia, para obtenção do título
de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 5 de julho de 2013.

Moacil de Alves Souza
(Coorientador)

Plínio César Soares
(Coorientador)

Pedro Crescêncio Souza Carneiro

Roberto Fritsche Neto
(Orientador)

“Não se preocupe, não tenha pressa. O que é seu, encontrará um caminho para chegar até você. Deus não demora, Ele capricha”.

- Caio F. Abreu -

*Aos meus pais Daniel Batista e Neuza
à minha irmã Marina
e à minha namorada Laura
Dedico.*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, por estar sempre junto a mim iluminando meus passos e mostrando os melhores caminhos a serem seguidos.

Aos meus pais Daniel Batista dos Reis e Neuza Maria Gonçalves dos Reis e à minha irmã Marina Gonçalves dos Reis pela formação pessoal.

À sociedade brasileira, por possibilitar minha formação acadêmica como Eng.º Agrônomo e Mestre em Fitotecnia.

À Universidade Federal de Viçosa, especialmente ao Programa de Pós Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Nível Superior pela concessão da bolsa de estudo.

Ao professor Roberto Fritsche-Neto por ter me iniciado na prática do melhoramento de plantas, pela orientação, pela amizade, pelo empenho, pelos conselhos técnicos e de vida e pela confiança em mim depositada, tudo isso contribuiu para o sucesso deste trabalho. Serei eternamente grato.

Aos amigos que fizeram parte do Programa Milho® UFV, Ítalo Stefanine Correia Granato, Debora Santos Caixeta, Lorena Guimarães Batista, Humberto Fanelli Carvalho, Ciro Humberto Almeida Alves, Gustavo Silva e Renata Oliveira Batista.

Em especial também à Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) e seus funcionários que se dedicaram ao longo destes anos, provendo resultados de qualidade. Aos colegas Dr. Plínio César Soares e Tiago da Silva Marques do programa de melhoramento de arroz, pelas sugestões e concessão dos dados.

Aos amigos da banda Seleção Sertaneja, Lucas de Ávila Silva, Tiago Custódio, Mateus Custódio, Marcelo Flávio Nepomuceno, Fernando Azambuja e Edson Alexandre por proporcionar muitos momentos de felicidade durante esta trajetória. À amiga Christiane Martins pelas conversas, apoio e alicerce nos momentos que estive ausente de Viçosa.

Por fim, a todos os amigos e familiares pelo apoio e confiança, que direta ou indiretamente contribuíram com a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

GABRIEL GONÇALVES DOS REIS, filho de Daniel Batista dos Reis e Neuza Maria Gonçalves dos Reis, nasceu em 01 de outubro de 1987, em Patrocínio, Minas Gerais.

Cursou o ensino básico, fundamental e médio no Colégio Atenas de 1º e 2º graus em Patrocínio-MG e formou-se neste mesmo colégio no dia 25 de novembro de 2005.

Entrou para o serviço militar obrigatório em Março de 2006 e encerrou as atividades em Dezembro deste mesmo ano no TG 04-020 em Patrocínio-MG.

Em março de 2007 ingressou no curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa com término em janeiro de 2012.

Em março do mesmo ano adentrou-se no curso de Pós-graduação em Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, sob a orientação do professor Roberto Fritsche-Neto. Defendeu a tese de mestrado em julho de 2013.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT.....	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	6
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	6
3.1 Material genético e condução experimental	6
3.2 Avaliação de caracteres	9
3.3 Análises estatístico-genéticas	10
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
4.1 Acurácia seletiva dos locais, análises de deviance e parâmetros genéticos	13
4.1.1 Produtividade	13
4.1.2 Peso de 100 grãos	14
4.1.3 Altura de Plantas	15
4.1.4 Dias para floração	16
4.1.5 Perfilhamento.....	16
4.1.6 Acamamento.....	17
4.2 Dinâmica do programa e desempenho das linhagens.....	18
4.3 Progresso genético.....	19
4.3.1 Produtividade	19
4.3.2 Peso de 100 grãos	20
4.3.3 Altura de Plantas	21
4.3.4 Dias pra floração	21
4.3.5 Acamamento.....	22
4.3.6 Perfilhamento.....	22
4.3.7 Sugestões para o programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais	23
5. CONCLUSÃO.....	24
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	24
7. ANEXOS	35

RESUMO

REIS, Gabriel Gonçalves, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2013. **Progresso genético de caracteres agronômicos do arroz irrigado em minas gerais entre 1998 e 2012.** Orientador: Roberto Fritsche-Neto. Coorientadores: Plínio César Soares e Moacil Alves de Souza.

A cada ano, nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's), são inseridas e avaliadas novas linhagens com potencial para serem recomendadas aos orizicultores, juntando-se àquelas remanescentes do ano anterior. Desta forma, é possível avaliar o progresso genético dos caracteres importantes para a cultura. Esta estimativa indica a eficácia da seleção e a necessidade do emprego de novos métodos e estratégias de seleção. Diante disso, o objetivo foi estimar o progresso genético de caracteres agronômicos no programa de melhoramento de arroz irrigado do estado de Minas Gerais entre 1998 e 2012. Para isso, foram avaliados os caracteres: produtividade de grãos ($\text{Kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), peso de 100 grãos (g), altura de plantas (cm), dias para floração (dias), perfilhamento (nota) e acamamento (nota) de 108 linhagens dos ECA's conduzidos em delineamento de blocos casualizados, com três a quatro repetições, em quatro regiões de Minas Gerais entre os anos de 1998 e 2012. Nem todos os locais foram contemplados em todos os anos agrícolas, de acordo com a acurácia seletiva nos mesmos. Para a obtenção de estimativas fiéis dos valores genéticos foi utilizada a técnica REML/BLUP. Os genótipos foram avaliados nos locais dentro de cada ano e entre os anos pela análise de deviance. Posteriormente, foi estimado o progresso genético e ambiental. Houve efeito significativo para efeito de genótipos e das interações genótipos x locais e genótipos x anos. O progresso genético observado no período foi de 195,91 $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$; 0,10 g; 1,50 cm; 3,17 dias; 0,01 pontos; e, -0,18 pontos para: produtividade de grãos, peso de 100 grãos, altura de plantas, dias para floração, acamamento e perfilhamento, respectivamente. Apesar de satisfatórios, novas estratégias devem ser empregadas, como: aumento da base genética do programa, aumento no número de repetições, delineamento em látice, utilização de índices de seleção, elevação da taxa de substituição e redução da taxa de manutenção das linhagens do programa.

ABSTRACT

REIS, Gabriel Gonçalves, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2013. **Genetic progress of agronomic traits of irrigated rice in Minas Gerais between 1998 and 2012.** Adviser: Roberto Fritsche-Neto. Co-advisers: Plínio César Soares and Moacil Alves de Souza.

Every year, at trials called as value for cultivation and use (VCU's), new rice lines, which have potential to be recommended for the rice farmers, are inserted and evaluated, joining the remaining ones from the last year. Therefore, it is possible to evaluate the genetic progress of the important characters for the crop. This estimative indicates the effectiveness of the selection and the necessity of using new selection methods and strategy. Thus, the objective was estimating the genetic progress of agronomic characters of the irrigated rice breeding program at the state of Minas Gerais between 1998 and 2012. For this, it were evaluated the characters: productivity of grains (Kg.ha^{-1}), 100-grain weight (g), plant height (cm), days until flowering (days), tillering (notes) and lodging (notes) of 108 rice lines of ACT's conducted at randomized block design, with three to four repetitions, at four different regions of Minas Gerais between the years of 1998 and 2012. Not all the sites were included in all crop years, according to their selective accuracy. To obtain true estimates of the genetic values it was used the technic REML/BLUP. The genotypes were evaluated at the sites in every year and between the years through the deviance analyses. After, it was estimated the environmental and genetic progress. There was a significant effect for genotype effect and of the interaction genotype x site and genotype x year. The genetic progress observed during the period was: $195,91 \text{ kg.ha}^{-1}$; 0,10 g; 1,50 cm; 3,17 day; -0,01 points; and, -0,18 points, for productivity, 100-grain weight, plant height, days until flowering, tillering and lodging, respectively. Even though the results were satisfactory, new strategies should be employed, such as increase the genetic base of the program, increase of the repetition number, lattice design, use of selection indexes, increase of the substitution rate and reduction of the maintaining rate of the rice lines of the program.

1. INTRODUÇÃO

Da Família *Poaceae*, o arroz é constituído por vinte e oito espécies, dentre elas cita-se: *Oryza barthii*, *Oryza glaberrima*, *Oryza latifolia*, *Oryza longistaminata*, *Oryza punctata*, *Oryza rufipogon* e *Oryza sativa*. Esta última é a principal espécie de arroz cultivada. É a terceira maior cultura cerealífera do mundo, ultrapassada apenas pelo milho e o trigo, sendo alimento básico da metade da população mundial (Neves, 2007).

O arroz desempenha papel estratégico tanto no aspecto econômico quanto social em todos os continentes por destacar-se pela produção e área de cultivo. Em 2011 a produção mundial foi de 772,8 milhões de toneladas em 164 milhões de ha, com produtividade média de 4403,7 kg.ha⁻¹ (Food Agriculture Organization, 2013). Deste total mais de 75% é oriunda do sistema de cultivo irrigado (Alonço *et al.*, 2005).

A China é o maior produtor mundial de arroz, atendo aproximadamente 30% do volume total produzido. O Brasil situa-se em 9º lugar, com uma produção correspondente a 1,8% e cerca de 50% da América Latina, com média anual de 12 milhões de toneladas e área colhida de 1,4 milhão de ha de arroz irrigado em 2010 (Da Silva, 2011).

A produção mundial de arroz a partir de 1970 cresceu a uma taxa média de 2,1% ao ano. No mesmo período, a área colhida com o cereal aumentou 0,4% ao ano e a produtividade 1,8% (Food Agriculture Organization, 2013). Desta forma, o aumento da produção orizícola tem ocorrido principalmente em produtividade, haja vista que o aumento da área contribuiu com apenas 20% do aumento da produção.

No Brasil cultiva-se arroz em todos os estados da Federação. Dos 11,6 milhões de toneladas produzidas em 2012, 84,8% foi colhida pela região centro/sul do país e os 15,20% restantes pela região norte/nordeste. Em Minas Gerais neste mesmo ano foram colhidas 65,6 mil toneladas do grão (Companhia Nacional de Abastecimento, 2012). Predomina-se neste estado o cultivo por pequenos agricultores de baixa renda, conseqüentemente, com pouco investimento tecnológico nas lavouras. Por este motivo, o melhoramento genético do arroz no estado é de extrema importância, pois sementes com bom potencial genético podem garantir produção satisfatória mesmo quando se emprega baixo nível de tecnologia em determinados anos agrícolas.

Neste estado o programa de avaliação e seleção de linhagens de arroz irrigado é realizado em parceria entre a Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG) e a Embrapa Arroz e Feijão. Normalmente, os programas de melhoramento genético são divididos em três fases, a primeira delas é a escolha dos genitores para formação da população base, posteriormente faz-se a seleção nos indivíduos superiores desta população, e por fim, realiza-se a avaliação destes genótipos selecionados em um número maior de ambientes para posterior recomendação. A fase intermediária e final do programa é constituída pelos ensaios comparativos preliminares (ECP's) e ensaios comparativos avançados (ECA's), este último equivale aos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU).

A avaliação do VCU é uma exigência básica para que a cultivar obtenha o registro nacional de cultivares no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) e ter sua comercialização liberada (Marinho *et al.*, 2011). Outra prerrogativa é a necessidade da avaliação em vários locais e anos, visando determinar o valor intrínseco do cultivar com suas propriedades de uso em atividades agrícolas, industriais, comerciais e, ou de consumo.

Vencovsky *et al.* (1988) demonstraram que é possível utilizar os dados de VCU's para estimação dos ganhos genéticos em um programa de melhoramento. Nesse sentido, por ser a produtividade o principal caráter avaliado nesses ensaios de VCU's, as maiorias dos trabalhos de progressos genéticos encontrados na literatura restringem aos dados de produção dos grãos (Atroch & Nunes, 2000; Rangel *et al.*, 2000; Santos *et al.*, 1999). Entretanto há outras variáveis que influenciam direta e indiretamente no sucesso de um cultivar. Segundo Cruz *et al.* (2012) é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, vários atributos favoráveis que lhe confira superioridade perante os demais.

Caracteres morfológicos como o perfilhamento influenciam significativamente a produção final em *Oryza sativa* L. De acordo com Yoshida (1981), a espécie possui caule composto por um colmo principal e número variável de colmos primários e secundários, chamados de perfilhos. Durante a emergência de cada perfilho, raízes adventícias surgem concomitantemente do mesmo nó, garantindo maior fixação ao solo, reduzindo o acamamento, e, possibilitando maior aquisição de nutrientes. O número de panículas nas plantas também se correlaciona com o grau de perfilhamento, haja vista que

em cada colmo, o último entrenó possui uma gema passível de se diferenciar em inflorescência. O número de panículas é determinado geneticamente de oito a doze dias após o estágio de perfilhamento máximo conforme Yoshida (1981), o que evidencia a possibilidade de progresso genético.

A complexa rede de relações entre os caracteres agronômicos pode ser observada também na altura de plantas, a qual depende do alongamento dos entrenós dos colmos, que por sua vez se correlaciona com a duração do crescimento vegetativo ou dias para a floração. O alongamento dos entrenós tem origem geralmente a partir da iniciação do primórdio floral nas cultivares precoces e de ciclo médio, porém antes da iniciação do primórdio floral nas de ciclo longo. As cultivares sensíveis ao fotoperíodo aumentam o número e o comprimento dos entrenós com o aumento de tempo de luz, porém as insensíveis não sofrem nenhuma influência. As características dos entrenós, tais como comprimento, diâmetro e espessura, integram-se às características de resistência ao acamamento (Vergara, 1965).

Plantas de porte alto e colmo pouco resistente acamam mais facilmente, imediatamente, a redução da seção transversal dos feixes vasculares reduz o movimento de fotoassimilados e nutrientes causando redução da produtividade. Contrário a isto, colmos mais curtos facilitam a respiração e aumentam o aproveitamento dos produtos fotossintéticos (Fageria, 1989). Desta forma, concentrar recursos nas linhagens de porte baixo a intermediários é o mais recomendado. No Brasil, no início da década de 80, os cultivares tradicionais de porte alto foram substituídos pelos modernos de porte baixo. Com isto houve um aumento substancial da produtividade do arroz irrigado em vários estados do país. No Rio Grande do Sul, o acréscimo foi em 30% (Carmona *et al.*, 1994) e, em Santa Catarina de 66% (Ishiy, 1985).

Neste contexto, o peso médio de grãos também é componente primário da produtividade. O endosperma da semente de arroz é constituído principalmente por amido, açúcares, gordura e proteínas. Entre esses, 80% do conteúdo endospermico é composto por amido, o qual é formado basicamente por dois tipos de macromoléculas, a amilose e amilopectina. A amilose possui peso molecular de 1×10^5 a $2 \times 10^6 \text{ g.mol}^{-1}$, já a amilopectina pode chegar a mais de 10^9 g.mol^{-1} (Santos, 2009). O amido deve muito de sua funcionalidade a estas duas substâncias, assim como à organização física delas dentro da estrutura granular. A proporção entre amilose e amilopectina é variável

conforme o genótipo, a depender da capacidade da conversão de fotoassimilados (Cereda, 2002). Grãos com maior teor de amilose apresentam textura mais firme após o cozimento, e por isso essa característica é avaliada durante o desenvolvimento de cultivares (Walter, 2008).

A busca por caracteres agrônômicos que proporcionam maiores produtividades, melhor qualidade com menor custo de produção, tem sido o principal objetivo dos programas brasileiros de melhoramento genético do arroz. As linhagens inseridas nos programas passam por processo de seleção para as características de interesse, gerando genótipos superiores passíveis de serem recomendados. No final do processo, caracteres utilizados para a recomendação de cultivares, possuem potencial para avaliar a eficiência do programa em um determinado período, pois segundo Vencovsky *et al.*, 1988, tal progresso é analisado através da superioridade genética dos materiais que estão participando dos ensaios em determinado ano em detrimento aos anos anteriores.

Ocasionalmente, a contribuição efetiva do melhoramento genético na elevação das médias dos cultivares disponibilizados aos produtores no decorrer dos anos, deve ser verificada (Borges *et al.*, 2009). Além do mais, conhecer o ganho genético é de fundamental importância em programas de melhoramento, pois permite averiguar seu sucesso, buscar novos métodos que venham a ampliar sua eficácia, orientar futuras ações de pesquisa e reavaliar as estratégias empregadas (Soares *et al.*, 2005; Menezes Júnior *et al.*, 2008).

Trabalhos desta natureza já foram realizados objetivando a estimação dos ganhos anuais em arroz (Rangel *et al.*, 2000; Souza *et al.*, 2007). Entretanto, na grande maioria destes estudos, são considerados apenas dados de produtividade e, as análises são realizadas com valores fenotípicos por metodologia de quadrados mínimos. Nesse contexto, devido aos elevados graus de desbalanceamentos (locais, repetições, anos, genótipos, etc.) e da dinâmica dos programas com a inserção e exclusão de genótipos, inviabiliza-se a obtenção de estimativas fiéis do verdadeiro valor genético dos materiais avaliados (Resende, 2002; Fritsche-Neto *et al.*, 2010). Searle *et al.* (1992) reiteram que apesar do método da análise de variância (ANOVA) ser útil no melhoramento de plantas, não é adequado à seleção genética quando há dados não balanceados, pois produz estimativas não exatas, além de tendenciosas diferenças entre os tratamentos genéticos. Nestes casos é

necessária a utilização de equações lineares de modelos mistos (Resende, 2002).

Sendo assim, para verificar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, o teste cientificamente recomendado é o da Razão de Verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* ou LRT), por meio de uma análise de deviance, a qual é uma estatística derivada da razão entre as verossimilhanças do modelo completo em relação ao modelo sem o efeito que se deseja testar, ou modelo reduzido. Esta análise foi sugerida por Resende (2007) e é análoga ao método de Nelder & Wedderburn (1972) para variáveis discretas, a qual indica a qualidade do ajuste do modelo.

A validação dos ensaios de campo tem sido feito historicamente pelo coeficiente de variação experimental. No entanto, seu uso tem sido criticado, uma vez que depende apenas da variação residual como proporção da média do experimento e serve para o único propósito de classificar os experimentos com médias semelhantes (Cargnelutti Filho & Storck, 2007; Resende & Duarte, 2007). Assim, é necessário agregar as variações de naturezas genéticas, proporcionalmente às variações residuais associadas ao caráter em avaliação. Legitimar a experimentação apenas com base no coeficiente de variação residual é propor que os dados estejam livres de efeitos genéticos. Caso isto ocorra, o melhorista poderá omitir causas de variações genéticas ofuscadas pela abordagem somente estatística (Resende & Duarte, 2007).

Diante do exposto, Henderson (1984) demonstra que o parâmetro estatístico mais importante no contexto da avaliação genotípica é a acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}), a qual se refere à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. Valores de acurácia próximos a 100% são o desejado, e para que isto ocorra, os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os valores genéticos estimados ou preditos devem ser os menores possíveis (Resende & Duarte, 2007).

Outro ponto chave para uma avaliação criteriosa é a escolha do método de estimação/predição dos valores genéticos. De tal forma que, o método escolhido deve propiciar a inferência mais acurada possível, pois é de interesse uma escolha fidedigna da superioridade dos melhores genótipos. Sendo assim, as avaliações genéticas dependem da exatidão nas estimativas dos componentes de variância, e da adequacidade das pressuposições dos

modelos à natureza das informações disponíveis. Atualmente tem sido empregada nestes casos a técnica da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Prditor Linear Não Viesado (REML/BLUP) (Resende, 2002).

O BLUP individual permite o uso simultâneo de informações de fontes diferentes como blocos, locais e anos ao utilizar todos os efeitos do modelo estatístico, o parentesco genético entre os indivíduos em avaliação através da covariância genética entre as observações, ponderar aqueles genótipos com desigual número de observações na mesma ou em diferentes gerações, permitindo então maximizar a acurácia seletiva (Resende, 2002).

Ainda conforme Resende (2002), o método BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos, porém na prática não se tem acesso aos seus verdadeiros valores. Assim, é necessário um método que os estime de forma eficiente. Tal estimação é feita por meio do REML. Neste caso as predições dos efeitos aleatórios são “forçadas” em direção à média geral (efeito “shrinkage”), penalizando estimativas baseadas em pequenas amostras, além de permitir o ajuste de diferentes variâncias de cada grupo de tratamento, ou seja, considerar variâncias heterogêneas (Resende, 2004).

De posse de ferramentas estatístico-genéticas mais precisas, o cálculo do progresso genético torna-se mais acurado, conseqüentemente, a avaliação e escolha das estratégias futuras visando o aumento da eficiência do programa, bem como aquelas já empregadas poderão ser avaliadas com mais exatidão.

2. OBJETIVOS

- i) Estimar o progresso genético das linhagens quanto a caracteres agrônômicos avaliados entre 1998 e 2012 no programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais;
- ii) Propor estratégias para o programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais para os próximos anos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético e condução experimental

Os dados utilizados nesse estudo são referentes aos Ensaio Comparativos Avançados (ECA's) realizados pela EPAMIG no programa de

melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais provenientes de quatro locais distintos do estado: Leopoldina, Lambari, Prudente de Morais e Janaúba (Tabela 1).

Tabela 1: Dados geográficos dos locais de condução dos ensaios do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, Brasil

Local	Latitude	Longitude	Altitude
Janaúba	16 ⁰ 12'38"	41 ⁰ 23'53"	745 m
Prudente de Morais	19 ⁰ 44'20"	44 ⁰ 08'18"	823 m
Leopoldina	21 ⁰ 43'54"	42 ⁰ 43'15"	370 m
Lambari	22 ⁰ 06'02"	45 ⁰ 26'16"	965 m

Fonte: United States Department of State Geographer (2013).

Foram avaliados 108 genótipos no período de 1997/98 a 2011/12. Em cada ano agrícola, foram conduzidos ensaios com 25 genótipos, com exceção do ano agrícola 1998/99, em que foram avaliados 26 (Tabela 2). O ano agrícola 2008/09 foi desconsiderado para análise devido a forte nebulosidade no período, o que inviabilizou a seleção. A variável peso de 100 grãos foi avaliada somente no período de 2002/03 a 2011/12, totalizando 61 genótipos.

Tabela 2. Identificação das linhagens e cultivares de *Oryza sativa* L. avaliadas nos VCU's de 1998 a 2012 no programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais

N	Identificação das linhagens e cultivares nos anos						
	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004
1	PR 380	CNA 8033	CNA 7556	JEQUITIBÁ	JEQUITIBÁ	JEQUITIBÁ	JEQUITIBÁ
2	CNA 8033	JEQUITIBÁ	JEQUITIBÁ	CNA 8369	CNA 8369	METICA 1	BR-IRGA 409
3	CNA 7204	PR 349	CNA 8369	CNA 8479	CNA 8479	BR-IRGA 409	CNA 8575
4	IAC 1289	CNA 7857	CNA 8479	METICA 1	METICA 1	URUCUIA	CNAi 8859
5	JEQUITIBÁ	CNA 7556 RIO	METICA 1	BR-IRGA 409	BR-IRGA 409	CNA 8575	CNAi 8868
6	PR 349	FORMOSO	URUCUIA	URUCUIA	URUCUIA	CNA 8728	CNAi 8872
7	CNA 7857	SC 138	CNA 8575	CNA 8575	CNA 8575	CNA 8731	CNAi 8874
8	CNA 7556 RIO	CNA 8369	CNA 8621	CNA 8621	CNA 8621	CNAi 8859	CNAi 8883 RIO
9	FORMOSO	CNA 8479	CNA 8622	CNA 8622	CNA 8622	CNAi 8868	GRANDE
10	CNA 8242	CNA 8485	CNA 8722	CNA 8728	CNA 8728	CNAi 8872	CNAi 9055
11	CNA 8244	CNA 8496	CNA 8728	CNA 8731	CNA 8731	CNAi 8874	CNAi 9056

12	CNA 8245	CNA 7550	CNA 8730	CNAi 8857	CNAi 8857	CNAi 8875	CNAi 9091
13	SC 138	METICA 1	CNA 8731	CNAi 8859	CNAi 8859	CNAi 8881	CNAi 9092
Continuação (Tabela 2)							
14	CNA 8369	BR-IRGA 409	CNA 8732	CNAi 8868	CNAi 8868	CNAi 8883	CNAi 9097
15	CNA 8450	URUCUIA	CNA 8760	CNAi 8872	CNAi 8872	CNAi 8885	CNAi 9088
16	CNA 8454	EPAGRI 109	EPAGRI 97-01	CNAi 8874	CNAi 8874	CNAi 8919	BRA 01253
17	CNA 8479	CNA 8573	EPAGRI 97-05	CNAi 8875	CNAi 8875	SC 158	BRA 01258
18	CNA 8485	CNA 8575	EPAGRI 97-06	CNAi 8879	CNAi 8879	PR 501	BRA 01296
19	CNA 8496	CNA 8616	PR 631	CNAi 8881	CNAi 8881	RIO GRANDE	BRA 01305
20	CNA 7550	CNA 8618	IRGA 97-05	CNAi 8883	CNAi 8883	CNAi 9055	BRA 01322
21	SC 141	CNA 8619	IRGA 97-10	CNAi 8885	CNAi 8885	CNAi 9056	BRA 01330
22	METICA 1	CNA 8621	IRGA 97-11	CNAi 8919	CNAi 8919	CNAi 9091	SELETA
23	CICA 8	CNA 8622	IRGA 97-28	SC 158	SC 158	CNAi 9092	OUROMINAS
24	BR-IRGA 409	CNA 8624	BR IRGA 409	PR 501	PR 501	CNAi 9097	BRA 01381
25	URUCUIA	CNA 8625	CARISMA	RIO GRANDE	RIO GRANDE	CNAi 9088	BRA 01383
26	-	CNA 8626	-	-	-	-	-
N	2005	2006	2007	2009	2010	2011	2012
1	JEQUITIBÁ	JEQUITIBÁ	JEQUITIBÁ	JEQUITIBÁ	RIO GRANDE	RIO GRANDE	RIO GRANDE
2	BR-IRGA 409	BR-IRGA 409	BR-IRGA 409	CNA 8575	CNAi 9091	CNAi 9091	CNAi 9091
3	CNA 8575	CNA 8575	CNA 8575	CNAi 8872	BRA 01330	BRA 01330	BRA 01330
4	CNAi 8859	CNAi 8859	CNAi 8872	CNAi 8874	SELETA	SELETA	SELETA
5	CNAi 8868	CNAi 8868	CNAi 8874	CNAi 8883	OUROMINAS	OUROMINAS	OUROMINAS
6	CNAi 8872	CNAi 8872	CNAi 8883	RIO GRANDE	BRA 02691	BRA 02691	BRA 02691
7	CNAi 8874	CNAi 8874	RIO GRANDE	CNAi 9091	BRA 02697	BRA 02697	BRA 02697
8	CNAi 8883	CNAi 8883	CNAi 9091	CNAi 9088	BRA 02706	BRA 02706	BRA 02706
9	RIO GRANDE	RIO GRANDE	CNAi 9092	BRA 01330	BRA 02708	BRA 02708	BRA 02708
10	CNAi 9091	CNAi 9091	CNAi 9088	SELETA	BRA 031001	BRA 031001	BRA 031001
11	CNAi 9092	CNAi 9092	BRA 01330	OUROMINAS	BRA 031006	BRA 031006	BRA 031006
12	CNAi 9097	CNAi 9097	SELETA	BRA 02691	BRA 031018	BRA 031018	BRA 031018
13	CNAi 9088	CNAi 9088	OUROMINAS	BRA 02697	BRA 041099	BRA 041099	BRA 041099
14	BRA 01330	BRA 01330	BRA 01381	BRA 02706	MGI 0503-2	MGI 0503-2	MGI 0503-2
15	SELETA	SELETA	BRA 02691	BRA 02708	MGI 0508-23	MGI 0508-23	MGI 0508-23
16	OUROMINAS	OUROMINAS	BRA 02697	BRA 031001	MGI 0517-25	MGI 0517-25	MGI 0517-25
17	BRA 01381	BRA 01381	BRA 02704	BRA 031006	BRA 041230	BRA 041230	BRA 041230
18	BRA 01383	BRA 02691	BRA 02706	BRA 031018	BRA 041236	BRA 041236	BRA 041236
19	BRA 02655	BRA 02697	BRA 02708	BRA 041099	MGI 0608-13	MGI 0608-13	MGI 0608-13
20	BRA 02691	BRA 02704	BRA 031001	BRA 041253	MGI 0608-22	MGI 0607-1	MGI 0607-1
21	BRA 02697	BRA 02706	BRA 031006	MGI 0503-2	MGI 0607-1	PREDILETA	PREDILETA
22	BRA 02704	BRA 02708	BRA 031018	MGI 0508-23	PREDILETA	MGI 0713-17	MGI 0713-17
23	BRA 02706	BRA 031001	BRA 041099	MGI 0517-25	MGI 0713-17	MGI 0714-17	MGI 0714-17
24	BRA 02708	BRA 031006	BRA 041241	BRA 041230	MGI 0714-17	MGI 0717-18	MGI 0717-18
25	BRA 02718	BRA 031018	BRA 041253	BRA 041236	MGI 0717-18	MGI 0714-19	MGI 0714-19

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições até o ano 2001/02. Desde então, foram utilizados três blocos.

A casualização dos genótipos, em cada bloco, foi feita uma única vez a cada ano, repetindo-se a mesma em todos os locais. Assim, em cada bloco, os genótipos tiveram os mesmos vizinhos em todos os locais dentro de cada ano, bem como preconiza Candido (2009).

As parcelas experimentais nos anos 1998, 1999 e 2008 a 2012 foram constituídas por cinco fileiras de plantas com 5,0 metros de comprimento, espaçadas de 30 cm, totalizando 7,50 m². A área útil considerada foram os 4,0 m centrais das três fileiras internas, ou seja, 3,6 m². Já nos anos 2001 a 2007 as parcelas foram compostas por seis fileiras de plantas e consideraram-se os 4,0 m centrais das quatro fileiras internas, totalizando área útil de 4,8 m².

Na fazenda experimental de Leopoldina (FELP) as mudas foram previamente semeadas em viveiros e transplantadas em espaçamento de 0,20 m na linha. Nas demais localidades, a semeadura foi realizada em linha com densidade de 300 sementes.m⁻². Os ensaios foram conduzidos em solos de várzeas com irrigação por inundação contínua. O início da irrigação deu-se em torno de 10 a 15 dias após a emergência das plântulas, no caso de plantio por sementes, ou quando as mudas se enraizaram no solo. O fim da irrigação sucedeu em torno de 10 dias antes da maturação da linhagem mais tardia presente no ensaio. A lâmina de irrigação foi sendo gradativamente aumentada conforme o desenvolvimento das plantas.

Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura para as regiões (Soares *et al.*, 2005).

3.2 Avaliação de caracteres

Em cada local de cada ano agrícola, foram avaliados seis caracteres agrônômicos conforme Embrapa (1977):

1. Altura da Planta: tomaram-se ao acaso 10 plantas por parcela e mediu-se a altura das mesmas desde o solo até a extremidade da panícula no ato da colheita;
2. Floração em dias: período em dias desde o plantio ou semeadura no viveiro até que 50% das plantas em cada parcela tivessem florescido;
3. Perfilhamento: avaliado por meio de notas de 1 a 9, realizado na época do florescimento. Sendo que 1 = Excelente, 3 = Bom, 5 = Médio, 7 = Ruim, 9 = Muito ruim.

4. Acamamento: avaliado por meio de notas de 1 a 5, realizada na época de maturação (colheita) sendo que 1 = ausência de acamamento, 2 = 1 a 25% das plantas acamadas, 3 = 26 a 50% das plantas acamadas, 4 = 51 a 75% de acamamento e 5 = 76 a 100% de plantas acamadas.
5. Produção de grãos em gramas por parcela útil, posteriormente convertida em quilos por hectare e corrigida para teores de umidade de grãos.
6. Peso de 100 grãos das panículas obtidos de uma amostra de 10 plantas de cada parcela.

3.3 Análises estatístico-genéticas

Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos para cada variável, submeteram-se os dados à análise por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP), conforme descrito por Resende (2002).

Inicialmente foram realizadas as Análises de Deviance (ANADEV) para locais dentro de cada ano, cujo teste para comparação dos efeitos do modelo é o da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test – LRT*) descrito por Fritsche-Neto (2011) nos seguintes passos: i) obter o ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obter a deviance $D = -2 \text{ Log L}$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) obter a diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR); iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição.

Para isso o seguinte modelo foi utilizado:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wi} + \mathbf{e}$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das médias fenotípicas dos genótipos; \mathbf{r} é o vetor dos efeitos de repetição dentro de local (assumidos como fixos) somados à média geral; \mathbf{g} é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; \mathbf{i} é o vetor da interação genótipo x local (assumidos como aleatórios), em que, $i \sim N(0, I_{gl})$, sendo $I_{gl} = I\sigma_{gl}^2$; \mathbf{e} é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de \mathbf{r} , \mathbf{g} e \mathbf{i} ao vetor \mathbf{y} .

As equações de modelo misto para a predição de **r**, **g** e **i** equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \lambda_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{W} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{r} \\ \mathbf{g} \\ \mathbf{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que, $\lambda_1 = \frac{1-h_g^2-h_i^2}{h_g^2}$ e $\lambda_2 = \frac{1-h_g^2-h_i^2}{h_i^2}$; onde, h_g^2 é a herdabilidade no sentido amplo dos genótipos; h_i^2 é o coeficiente de determinação da interação genótipo x local.

Visando determinar a relação dos coeficientes de variação genético/residual (CVg/CVe), denominado por coeficiente de variação relativo (CVR), as estimativas dos componentes de variância genotípica e residual, dados por $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$, respectivamente, foram utilizados para o cálculo do CVr:

$$CVR_r = \frac{CV_g}{CV_e} \quad CVg = \frac{\hat{\sigma}_g}{\bar{x}} \times 100 \quad CVe = \frac{\hat{\sigma}_e}{\bar{x}} \times 100$$

em que os desvios padrão genético e residual são determinados, respectivamente por: $\hat{\sigma}_g$ e $\hat{\sigma}_e \cdot \bar{x}$ é a média geral.

Tal relação é importante para o cálculo da acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}) cuja expressão, conforme Resende & Duarte (2007), é:

$$\hat{r}_{gg} = \left[1 - \frac{1}{1 + b \cdot CVr^2} \right]^{1/2}$$

Neste caso, b é o número de blocos do delineamento estatístico, e CVr , o coeficiente de variação relativo. Segundo estes autores, valores maiores que 0,70 apresentam classe alta de precisão, permitindo a inserção do local de avaliação nas análises.

Em seguida realizou-se a análise de deviance global envolvendo todos os anos, considerando o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xa} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wu} + \mathbf{e}$$

em que: **y** é o vetor das médias fenotípicas das genótipos; **a** é o vetor dos efeitos de repetição dentro de ano (assumidos como fixos) somados à média geral; **g** é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; **u** é o vetor da interação genótipo x ano (assumidos como aleatórios), em que, $u \sim N(0, U_{ga})$, sendo $U_{ga} = I\sigma_{ga}^2$; **e** é o vetor de erros,

sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de \mathbf{a} , \mathbf{g} e \mathbf{u} ao vetor \mathbf{y} .

As equações de modelo misto para a predição de \mathbf{a} , \mathbf{g} e \mathbf{u} equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \lambda_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{W} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{g} \\ \mathbf{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que, $\lambda_1 = \frac{1 - h_g^2 - h_u^2}{h_g^2}$ e $\lambda_2 = \frac{1 - h_g^2 - h_u^2}{h_u^2}$; onde, h_g^2 é a herdabilidade no

sentido amplo dos genótipos; h_u^2 é o coeficiente de determinação da interação genótipo x ano.

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos. Estes foram estimados pelo método REML, utilizando o pacote estatístico computacional Selegem-REML/BLUP (Resende, 2002).

No caso das variáveis categóricas nominais politômicas como é o caso do perfilhamento e acamamento, Resende (2002) explica que a quantidade de categorias igual a 5 usadas neste trabalho, ainda permite uma correta estimação e predição dos valores genéticos e componentes de variância via REML/BLUP sem a necessidade da transformação de dados.

Obtidas as estimativas dos valores genotípicos pelo método REML/BLUP, o progresso genético das características avaliadas pelo programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais entre 1998 e 2012 foi calculado através do contraste entre médias dos valores genotípicos (g) das linhagens e cultivares avaliadas no último e primeiro ano considerado.

Finalmente, foi utilizada a metodologia descrita por Moresco *et al.* (2004) para o cálculo da porcentagem de genótipos incluídos (I), excluídos (E), mantidos (M), e renovados (R) de um ano para o outro de acordo com as relações a seguir:

$$\%I = \frac{100xI}{M + E + I}$$

$$\%E = \frac{100xE}{M + E + I}$$

$$\%M = \frac{100xM}{M + E + I}$$

$$\%R = \frac{100xI}{M + I}$$

Para isto, foi utilizado o aplicativo computacional em genética e estatística - Genes (Cruz, 2006).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Acurácia seletiva dos locais, análises de deviance e parâmetros genéticos

4.1.1 Produtividade

Utilizaram-se ao todo 30 locais para análise de progresso genético desta variável (Tabela 3). Considerando que o estudo foi com base em quatro locais de Minas Gerais em 14 anos, o número total de locais passíveis de serem avaliados seria 56, o que não ocorreu devido à acurácia seletiva insuficiente de alguns locais e pelo fato de não ter ocorrido ensaios em determinadas ocasiões.

Este número poderia ser maior se, conforme Resende & Duarte (2007), aumentasse o número de repetições por ensaio, conseqüentemente aumentaria o grau de liberdade do resíduo. Assim, não é satisfatório fixar-se um número mínimo de repetições e um valor máximo para o coeficiente de variação experimental (C_{Ve}). Caracteres de produção, possuem baixo coeficiente de determinação genética, e o número de repetições empregado não permitiu atingir, no todo, a meta de 70% de acurácia seletiva ao se almejar valores de C_{Ve} próximos a 10%, e, por ser a experimentação realizada em vários locais e anos. Desta forma, recomendam-se ao menos quatro repetições por ensaio e a utilização do delineamento em látice que proporciona maior controle ambiental e contribui com a redução do C_{Ve}.

Houve diferença significativa entre os genótipos apenas nos anos de 1998, 2000 e 2003 (Tabela 6), entretanto verifica-se nesta mesma tabela, diferença significativa entre genótipos ao longo dos anos pela análise global. Isto indica que houve variabilidade genética, e a possibilidade de se obter progresso genético para produtividade no período considerado. Nesses três

anos os genótipos apresentaram comportamento diferencial quando submetidos aos diferentes locais de Minas Gerais, comprovado pela interação significativa para genótipos x locais.

Nos anos 2001, 2002, 2005, 2006 e 2010 foram considerados apenas um dos locais devido à acurácia seletiva (Tabela 3). Isto explica a falta de interação dos genótipos x locais nestes anos. De modo geral, estas interações foram significantes pela análise de deviance. Assim recomenda-se proceder a seleção para produtividade em ambientes específicos ao longo dos anos, pois o desempenho dos genótipos é alterado conforme o ambiente. Ademais, devido os ambientes terem sido suficientemente contrastantes para identificar a variabilidade genética entre os genótipos na maioria dos anos, constata-se que os ambientes utilizados são representativos da diversidade edafoclimática de Minas Gerais.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de locais, apresentaram baixas e moderadas magnitudes, o mesmo foi observado em nível de anos (Tabela 6). Isto é explicado por três motivos: o primeiro é a presença de interação significativa das linhagens x locais nos quais a variância genética é reduzida devido aos efeitos de ambientes contrastantes. O segundo é que as herdabilidades estimadas através de modelos mistos geram valores de menores magnitudes e mais próximas do real (Borges *et al.*, 2009). E por fim é grande o número de genes que controlam esta variável, tais genes são de baixo efeito e altamente influenciados pelo ambiente.

4.1.2 Peso de 100 grãos

Em todos os locais onde houve mensuração do peso de 100 grãos, esta variável apresentou altos valores de acurácia seletiva (Tabela 3). Apesar de ser controlada por muitos genes conforme relata Song *et al.* (2007), o peso de 100 grãos do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais sofreu pouca influência ambiental evidenciado tanto nos valores altos de acurácia seletiva (Tabela 3), quanto nos valores de herdabilidade (Tabela 7). Resultados semelhantes de herdabilidade para esta variável foi observado também por Akhtar *et al.* (2011).

Os genótipos diferiram estatisticamente pela análise de deviance quanto ao peso de 100 grãos em todos os anos avaliados com exceção de 2004 e

2005, indicando variabilidade genética para esta característica (Tabela 7). Isto se deve a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada genótipo como a área foliar disponível para fotossíntese (Horton, 2000), alterações em questões hormonais de acordo com o meio (Wu *et al.*, 2008) e a expansão celular do grão conforme Szekers *et al.* (1996).

Exceto no ano de 2005, houve comportamento diferencial dos genótipos frente às mudanças dos ambientes, evidenciado pela significância do efeito de interação genótipos x locais, de modo que a escolha de potenciais cultivares para cada ambiente específico é recomendada.

4.1.3 Altura de Plantas

Com exceção de Leopoldina no ano de 2001, Prudente de Moraes no ano de 2007, e Lambari em 2011, todos os locais onde houve avaliação foram considerados para as análises de progresso genético (Tabela 4). A altura de plantas obteve baixos valores de variação residual, conseqüentemente maiores valores de CVg/CVe, o que resultou em valores elevados de acurácia seletiva.

Pelas análises de deviance individual é possível observar que houve diferenças significativas do efeito de genótipos em todos os anos (Tabela 8). Isso indica que as linhagens utilizadas nos ensaios de VCU's apresentaram variabilidade genética para a altura de plantas. Não obstante, em todos os anos a interação genótipos x locais também foi significativa, ou seja, os genótipos apresentaram comportamento diferencial frente as mudanças dos locais de avaliação. Pela análise global, ou seja, considerando todos os ensaios ao longo dos anos, constatou-se diferença significativa para efeito de genótipo bem como para a interação genótipos x anos. Isto indica que houve diferenças genéticas entre os materiais ao longo dos anos.

A redução do porte em arroz é almejada pelo programa de melhoramento de plantas, tanto é que a média observada é relativamente menor comparada com o alcançado por Tabien *et al.* (2008). Esta variável possui efeito direto na produtividade de grãos, como observado por Prasad *et al.* (2001), de modo que a redução da altura promove ganhos em produtividade. O gene do porte baixo, *sd-1 (semidwarf gene)* é um dos responsáveis pelo controle da altura de plantas em arroz. Quando o genótipo possui caráter recessivo ocorre deficiência em giberelina, o hormônio do crescimento, reduzindo então o alongamento dos internódios. Os efeitos fisiológicos e bioquímicos decorrentes

deste gene têm sido estudados (Spielmeyer *et al.*, 2002; Itoh *et al.*, 2004). No caso do presente trabalho, as diferenças significativas encontradas entre os genótipos muito provavelmente deu-se pelos diferentes efeitos deste gene e outros reportados por Liu *et al.* (2006), no qual foram encontrados quinze *quantitative trait loci* (QTL's) distribuídos em oito cromossomos da espécie.

4.1.4 Dias para floração

Resultados semelhantes de acurácia seletiva foram encontrados para este caráter ao se comparar com a altura de plantas. No entanto, todos os locais avaliados foram considerados nas análises (Tabela 4). Todos os efeitos testados foram significativos em todos os anos, procedendo às mesmas conclusões da variável altura de plantas nesta análise (Tabela 9).

Os valores de herdabilidade para dias para floração foram de maior magnitude quando comparados com a altura. Ambos os caracteres são controladas por muitos genes mas o controle genético da altura parece ser mais simples em contraste com dias para floração (Ichitani *et al.*, 2002). Deduz-se que a variância genética dos dias para floração é maior, devido a interações inter e intra-alélicas envolvidas, principalmente ao se comparar o gene *Se 1* (*Photosensitivity-1*) localizado no cromossomo 6. Neste loco há três alelos *Se1-u*, *Se1-n*, e *Se1-e*, os dois primeiros são dominantes incompletos estimulando a fotossensibilidade, enquanto que o outro confere um período vegetativo um pouco mais longo (Yokoo & Kikuchi, 1977; Nishida *et al.*, 2002). Sano (1992) identificou um supressor de fotossensibilidade (*Su-Se1*) no mesmo cromossomo e um potenciador de extrema sensibilidade ao fotoperíodo (*En-Se1*) no cromossomo 7.

4.1.5 Perfilhamento

Considerando os 14 anos avaliados, esta foi a variável com menor número de locais analisados. Somente 26 dos 56 possíveis, devido aos valores insatisfatórios de acurácia seletiva (Tabela 5).

O perfilhamento é uma das importantes variáveis agronômicas no arroz, pois o número de perfilhos por planta determina o número de panículas, componente chave para a produção de grãos e controlada por muitos genes como descreve Li *et al.* (2003). Logo, linhagens portadoras de alelos favoráveis são valorizadas pelo programa. Pela análise de deviance individual (Tabela 10) nota-se que houve efeito significativo para o efeito de genótipo em seis anos de

avaliação, 2000, 2001, 2003, 2004, 2005 e 2010. No restante dos anos as linhagens presentes nos VCU's não apresentaram variabilidade genética para perfilhamento. Além disso, não foram todos os anos em que os ambientes foram capazes de causar comportamento diferencial dos genótipos, observado pela interação genótipos x locais (Tabela 10).

Com exceção de 1998, justifica-se a ausência de significância na interação devido a presença de apenas um local avaliado, correspondente a acurácia seletiva. Já na análise de deviance global, os genótipos apresentaram diferenças significativas entre si ao longo dos anos, bem como houve interação significativa na interação genótipos x anos. Neste contexto é possível constatar que a seleção foi viável, e que há possibilidade de ganhos genéticos para esta característica.

4.1.6 Acamamento

Observa-se que somente Prudente de Moraes, no ano de 2007, não obteve valor mínimo de acurácia seletiva. O baixo número de ensaios se deve também à falta de mensuração deste caráter em determinados locais ao longo dos anos (Tabela 5).

Ao verificar os resultados da análise de deviance individual (Tabela 11), observa-se ausência de efeito significativo de genótipo em todos os locais. Isto é explicado pelo fato das linhagens avaliadas nesta fase final do programa já serem superiores para esta característica, ou seja, todas apresentam o mesmo padrão de resistência ao acamamento. Pelo mesmo motivo, é verificado ausência de interação significativa entre genótipos x locais em praticamente todas as ocasiões. No entanto, isso nem sempre ocorreu, especialmente ao se avaliar os anos 1998, 1999, 2008, 2010 e 2011. Possivelmente estas diferenças observadas foram suficientes para diferir os genótipos ao longo dos anos pela análise global de deviance.

Apesar de a avaliação ter sido visual, por meio de notas, muitas são as variáveis envolvidas na resistência ao acamamento conforme cita Mahbub *et al.* (2006): alongação e espessura dos internódios, resistência do colmo, o ângulo foliar, espessura da epiderme e camada de cutícula. A organização dos feixes vasculares também influencia na resistência ao acamamento de acordo com a compactação do esclerênquima e células do parênquima, exibindo

menor quantidade de lacunas, conseqüentemente maior densidade e resistência ao acamamento.

Ookawa *et al.*(2010) adiciona outras variáveis a esta lista como número de panículas por planta e espiguetas por panícula e, conforme estes autores, são muitos os genes envolvidos, e estes são expressos através de efeitos aditivos e de interações gênicas, evidenciando desta forma que os resultados significativos de genótipo na análise global sugerem a possibilidade de progresso genético.

4.2 Dinâmica do programa e desempenho das linhagens

Quantifica-se a dinâmica de um programa de melhoramento pelas taxa média de substituição genotípica, composta pelas taxas de inclusão, exclusão, manutenção e renovação, mensurada entre um ano de avaliação e outro (Cruz & Carneiro 2003). Houve um equilíbrio no programa quanto à inclusão e exclusão de materiais, cuja porcentagem foi de 18% no período avaliado.

Já a taxa média de manutenção do programa no período considerado foi de 63% (Tabela 12). Atroch & Nunes (2000) e Soares *et al.* (1999) observaram valores de 56% e 38%, respectivamente, em seus programas de melhoramento. Segundo estes mesmos autores, valores relevantes da taxa média de manutenção permitem boas estimativa da variação ambiental entre os anos de avaliação, pois este efeito é função do contraste entre os genótipos comuns nos diferentes anos. Sendo assim, os efeitos provenientes do erro experimental e da interação genótipos x ambientes são reduzidos. Esta ideia também foi preconizada por Vencovsky *et al.* (1988), em que os ganhos genéticos poderiam ser maiores devido às melhores estimativas dos efeitos ambientais.

Taxas altas de manutenção, como ocorrido nos anos de 2002 a 2012 no programa limitam os ganhos genéticos das variáveis envolvidas, devido principalmente a pouca exploração da base genética disponível da cultura, disponibilizados em bancos de germoplasma, restringindo desta maneira o potencial a ser explorado da variabilidade genotípica de materiais elite. Outrossim, a taxa média de renovação no período considerado (1998 a 2012) foi de 26% (Tabela 12). Resultados semelhantes foram encontrados por Breseghello *et al.* (1999) em arroz irrigado para a região nordeste do Brasil, cuja taxa foi de 27%. Diferentemente, Soares *et al.* (1999) em Minas Gerais e

Atroch & Nunes (2000) no Amapá verificaram taxas de 44% e 46%, respectivamente.

Justificam-se as taxas médias de renovação aqui encontradas serem inferiores aos demais trabalhos, pois são cada vez mais estreitas as diferenças encontradas nas linhagens elites do programa (Tabela 13). De modo que, há alta proximidade nas médias de produtividade dos genótipos excluídos, incluídos e mantidos no programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais. O mesmo é observado para as demais variáveis analisadas (Tabelas 13, 14 e 15). Isto condiz com a proposta de Moresco (2003), na qual certo número de cultivares são lançados por ano, mas apenas parte delas são usadas pelos agricultores, pois a maioria deles preferem utilizar as mesmas já plantadas em anos anteriores. Entretanto, este programa de melhoramento lança uma nova cultivar no período médio de dois anos, indicando sua efetiva contribuição na liberação de novas cultivares e o aumento nas opções de cultivo aos produtores (Do Vale *et al.*, 2012).

4.3 Progresso genético

4.3.1 Produtividade

Observaram-se no ano 1997/98, que os valores genéticos das variedades oscilaram de forma mais expressiva comparado com os valores dos genótipos avaliados em 2011/12 (Tabela 16). Por isto, a média dos valores genéticos no primeiro ano foi inferior ao último ano considerado. Isto indica que as linhagens inseridas a cada par de anos foram, de modo geral, superiores geneticamente àquelas excluídas, promovendo um ganho genético de $195,91 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ no período considerado. Isto equivale a um aumento de $13,99 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$ obtido pelo melhoramento genético das linhagens do programa.

Os resultados se assemelham aos observados por Soares *et al.* (1999) para arroz de terras altas em Minas Gerais e Souza *et al.* (2007). Os primeiros alcançaram ganho genético médio anual de 1,26% para materiais precoces e 3,37% para aqueles de ciclo médio e tardio. Já os outros autores obtiveram 0,3% para precoces e 2,09% para tardias. Resultados satisfatórios também foram encontrados por Santos *et al.* (1999) no período de 1975 a 1980. Isto demonstra que o programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais vem acompanhando e dando continuidade ao progresso genético do arroz

neste estado. Isto é reiterado ao analisar as cultivares lançadas pelo programa durante este intervalo de avaliação (BRSMG Curinga – 2004 e BRSMG Seleta – 2004) as quais, além de superiores para outros atributos agronômicos, apresentaram médias superiores quanto à produtividade que as demais avaliadas nos ensaios de VCU deste programa (Santos *et al.*, 1999; Soares *et al.*, 1999).

Ao utilizar a metodologia REML/BLUP para prever e estimar os valores genéticos das linhagens do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais, em detrimento aos valores fenotípicos, Borges *et al.* (2009) estimou valores negativos de progresso genético, cujos valores foram de - 42,87 kg.ha⁻¹. Estes resultados contrastam com o deste trabalho, porém vale salientar que aqui não se utilizou a metodologia proposta por Venconvky *et al.* (1988) em que o progresso genético entre dois anos consecutivos é representado pela diferença fenotípica e ambiental conforme explica estes mesmos autores. Ao se considerar a base de cálculo do progresso genético apenas através do contraste dos valores genéticos das cultivares e linhagens avaliadas no último e primeiro ano, valores mais favoráveis e condizentes com a realidade do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais foram alcançados.

4.3.2 Peso de 100 grãos

O progresso genético das linhagens avaliadas no programa não foi expressivo para esta característica já que houve um aumento de apenas 0,10 gramas no peso de 100 grãos no período de 2002/03 a 2011/12 (Tabela 16). Porém vale salientar que de acordo com Breseguello *et al.* (2006), o germoplasma elite da Embrapa Arroz e Feijão atingiu recentemente relativa uniformidade de grãos na classe longo fino (agulhinha). Isto é algo difícil de ser alterado, haja vista que mudanças no padrão do grão acarretarão em dificuldades na comercialização dos mesmos devido à baixa aceitação no mercado. Isto indica que outras prioridades como elevação das médias de produtividade, eficiência no uso de recursos como nutrientes e água além de maior tolerância a doenças poderão ser almejados com maiores procedências pelos programas de melhoramento genético do arroz.

Na literatura encontram-se muitos trabalhos para progresso genético da produtividade e outras características agronômicas do arroz e demais culturas

(Peng & Krush, 2003; Abeledo *et al.*, 2003; Nersting *et al.*; 2006), porém poucos são os esforços no que tange ao peso de 100 grãos em arroz. Tão importante como a contribuição da produtividade, esta característica mensura o rendimento de grãos no processamento de subprodutos provindos do arroz, demonstrando sua importância para os produtores que dependem desta cultura.

4.3.3 Altura de Plantas

Geneticamente, o progresso foi positivo para esta característica, cujo valor foi de 1,50 cm na média do período (Tabela 17). Ao avaliar o progresso genético da altura de plantas do programa de melhoramento de arroz do estado no Texas nos Estados Unidos de 1944 a 1992, Tabien *et al.* (2008) acharam valores de redução próximos a 1,20 cm.ano⁻¹. Souza *et al.* (2007) encontrou, em seis décadas de melhoramento de arroz de terras altas no Brasil, redução de 21 cm.

Além da metodologia empregada no cálculo do progresso, baseada na regressão linear de valores fenotípicos, o período abrangido por estes trabalhos correspondem à descoberta das linhagens de porte baixo que muito contribuíram com a “Revolução Verde” conforme cita os mesmos autores. Tabien *et al.* (2008) afirmam que, provavelmente os programas de melhoramento não mais conseguirão avanços satisfatórios para a redução do porte. Porém vale salientar que a média geral da altura de plantas observados neste estudo foi de 91,21 cm (Tabela 8), bem próximo do ideal (Soares *et al.*, 1999) reiterando que as linhagens do programa já atingiram o porte satisfatório, próximos da arquitetura do tipo semi-anãs filipinas.

4.3.4 Dias pra floração

De acordo com as diferenças genéticas das linhagens no período avaliado, houve um incremento médio de 3,17 dias no tempo para floração (Tabela 17). Salienta-se que esta característica não foi a principal utilizada para se praticar a seleção dos melhores materiais ao longo destes 14 anos, pelo programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais (Souza *et al.*, 2007). Estes autores encontraram aumento de 10 dias para cultivares precoces e redução de 14 dias para as tardias entre as décadas de 1950 a 2000. Rangel *et al.* (2000) explicam que os programas de melhoramento se esforçaram em

manter linhagens com 85 a 90 dias de tempo médio para floração de forma que valores inferiores poderiam comprometer as produtividades.

O valor médio do ciclo das cultivares testadas nos VCU's foi de 101 dias (Tabela 9). Este valor incita que as linhagens do programa são de ciclo precoce tendo em vista que esta característica é definida naqueles materiais com ciclo menor que 120 dias no estado de Minas Gerais. Entretanto a super precocidade é algo a se buscar em um programa de melhoramento sem que ocorra comprometimento genético na produtividade, pois as cultivares superprecoces são colhidas antes da maturação do arroz vermelho, uma das principais espécies daninhas da cultura, propiciando redução no índice de sementes da invasora na lavoura. A colheita do cedo, proporciona também melhores remunerações para os orizicultores por entrar antes no mercado, além do que, em condições de clima quente e luminoso, o produtor tem a opção da segunda colheita chamada comumente de soca a custos baixos na mesma safra, conseqüentemente maiores lucratividades (Manfron *et al.*, 2004).

4.3.5 Acamamento

Os resultados mostram valores genéticos muito baixos tendendo a zero nas linhagens avaliadas para esta variável, principalmente ao se observar o primeiro ano de teste (Tabela 18). Maior oscilação dos valores genéticos foi observada no ano 2011/12, sendo que, valores positivos porém pouco significativos se predominaram, gerando um progresso genético de 0,01 na escala de pontuação para a característica.

Os ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) têm por finalidade avaliar as linhagens que se destacaram na fase intermediária do programa nos chamados ensaios de competição preliminares (ECP's), e valores expressivos de acamamento dificilmente estarão presentes nos genótipos avaliados nos VCU's pois limitam o potencial produtivo, e, nesta fase não se espera linhagens com este padrão de comportamento. Isto explica em parte, os inexpressivos valores de progresso genético encontrados para esta variável.

4.3.6 Perfilhamento

Foi observado que os valores genéticos das linhagens do programa se mantiveram próximos de zero para o perfilhamento, principalmente no primeiro ano avaliado. Desta forma, considerando as notas obtidas nos anos de 2011/12 em detrimento ao ano de 1997/98, houve um progresso genético de -0,18 nos

genótipos avaliados para esta característica (Tabela 18). Estes valores permitem inferir relativa constância no padrão de perfilhamento das linhagens avaliadas pelo programa no período considerado.

Vale salientar que a capacidade de perfilhamento é bastante influenciada pelo ambiente, de tal forma que o teor de nutrientes no solo principalmente o nitrogênio, a compactação do solo, o espaçamento entre linhas, a densidade de plantio, dentre outros alteram os desempenhos dos genótipos (Medeiros *et al.*, 2005). Apesar da densidade de semeadura ter se mantido constante durante os anos de avaliação, elevar o número de perfilhos seria o ideal respeitando o padrão de uniformidade da maturação dos grãos, já que o mercado consumidor é bastante exigente quanto à translucidez do endosperma, a qual depende da boa compactação dos grãos de amido e proteínas, evitando a formação de grãos gessados (Bangwaek *et al.*, 1994).

4.3.7 Sugestões para o programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais

Esforços devem ser tomados pelo programa em aumentar a base genética dos cultivares, uma vez que o grau de parentesco entre as linhagens testadas é relativamente alto já que foram originadas de cruzamentos entre poucos genitores, impedindo alcançar progressos genéticos mais expressivos para as variáveis aqui avaliadas.

Elevar a taxa de substituição e reduzir sensivelmente as taxas de manutenção das linhagens deve ser uma prioridade, pois a variabilidade genética contribuirá de forma mais efetiva para os ganhos com a seleção dos genótipos superiores, conseqüentemente o progresso genético será mais expressivo.

A seleção das linhagens superiores do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais tem sido feita ao longo dos anos com base nas médias fenotípicas obtidas de todos os locais testados a cada ano, mesmo quando há interação significativa entre genótipos x ambientes. Portanto, no presente trabalho fica evidente a necessidade em se realizar a seleção em ambientes específicos, haja vista que na grande maioria das vezes a análise de deviance da interação genótipos x locais foi significativa.

Aumentar o número de repetições de parcelas para quatro e utilizar um delineamento estatístico com maior controle ambiental como o látice, também é

recomendado, pois a redução do coeficiente de variação experimental, ocasionará maiores valores de acurácia seletiva.

Por fim, recomenda-se também o emprego de um índice de seleção na fase intermediária do programa de forma a otimizar o progresso genético, calculado na fase final do programa das demais variáveis além da produtividade, haja vista que se podem ponderar pesos àquelas de maior relevância para a variável principal. Nesse contexto, a utilização de índices não lineares ou não paramétricos que visem combinar informações das diversas características em um único valor, torna-se relevante na discriminação de genótipos de interesse ao melhoramento (Garcia & Souza Júnior, 1999).

5. CONCLUSÃO

O progresso genético observado nas linhagens e cultivares do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais no período considerado foram de 195,91 kg.ha⁻¹; 0,10 g; 1,50 cm; 3,17 dias; 0,01 pontos; e -0,18 pontos para produtividade de grãos, peso de 100 grãos, altura de plantas, dias para floração, acamamento e perfilhamento, respectivamente.

Apesar de satisfatórios, novas estratégias devem ser empregadas, como: aumento da base genética das linhagens do programa, seleção em ambientes específicos, utilização de índices de seleção na fase intermediária do programa, aumento no número de repetições para quatro, delineamento em látice, elevação da taxa de substituição e redução da taxa de manutenção das linhagens.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABELED, L. G., CALDERINI, D. F.; SLAFER, G. A. 2003. Genetic improvement of barley yield potentials and its physiological determinants in Argentina. *Euphytica*. 130:325–334.

AKHTAR, N.; NAZIR, M. F.; RABNAWAZ, A.; MAHMOOD T.; SAFDAR, M. E.; ASIF, M.; REHMAN, A. 2011. Estimation of heritability, correlation and path coefficient analysis in fine grain rice (*Oryza sativa* L.). *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 21(4) p. 660-664.

ALONÇO, A. S., et al. 2005 Cultivo do arroz irrigado no Brasil. Sistemas de Produção 3. Embrapa Clima Temperado.

ATROCH, A. L.; NUNES, G. H. S. 2000. Progresso genético em arroz de várzea úmida no Estado do Amapá. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.35, p.767-771.

BANGWAEK, C.; VERGARA, B.S.; ROBLES, R.P. 1994. Effect of temperature regime on grain chalkiness in rice. International Rice Research Newsletter, Manila, v. 19, n. 4, p. 8.

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

BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. 1999. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília. V.34, p.399-407.

BRESEGHELLO, F; CASTRO, E. M.; MORAIS, O. P. 2006. Progresso genético pelo melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa para os Estados de Goiás, Minas Gerais, Maranhão, Piauí e Mato Grosso. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão. 24 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento).

CANDIDO, L. S. 2009. Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas. 93p. Tese de doutorado. Piracicaba – SP.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. 2007. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.42, n.1, p.17-24.

CARMONA, P. S.; TERRES, A. L.; SCHIOCCHET, M. 1994. Avaliação crítica dos projetos do PNP-Arroz na área de melhoramento genético, no período de 1980 à 1990: estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. In: EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão. A pesquisa do arroz no Brasil nos anos 80: avaliação crítica dos principais resultados. Goiânia, p. 269-275.

CEREDA, M. P. 2002. Propriedades gerais do amido. In: Culturas de tuberosas amiláceas latino-americanas. Volume 1. Fundação Cargill, São Paulo – SP, 221 p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. 2012. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos 2011/12 - nono levantamento Junho/2012, 34.

CRUZ, C. D. & CARNEIRO, P. C. S. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Vol.2. Viçosa: Editora UFV, 2003. 585p.

CRUZ, C. D. 2006. Programa GENES: Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa, MG. 382p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume 1. 4ª ed. Editora UFV, Viçosa - MG.

DA SILVA, O. F. 2011. Panorama mundial do arroz. Agência Embrapa de Informação Tecnológica. Embrapa.

DO VALE, J. C.; SOARES, P. C.; CORNÉLIO, V. M. O.; REIS, M. S.; BORGES, W.; BISI, R. B.; SOARES, A. A.; FRITSCHÉ-NETO, R. 2012. Contribuição genética na produtividade do arroz irrigado em Minas Gerais no período de 1998 a 2010. *Bragantia*, Campinas, v. 71, n. 4, p.460-466.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (Goiânia, GO). 1977. Manual de métodos de pesquisa em arroz. Goiânia, 106p.

FAGERIA, N. K. 1989. Solos tropicais e aspectos fisiológicos das culturas. Brasília: EMBRAPA-DPU, 425p.

FOOD AGRICULTURE ORGANIZATION – FAO. 2013. FAO statistical data bases/agriculture/crops. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em: 28/05/2013.

FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M. C.; VENCOVSKY, R.; SOUZA JÚNIOR, C. L. 2010. Prediction of genotypic values of maize hybrids in

unbalanced experiments. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v.10, p.32-39.

FRITSCHÉ-NETO, R. 2011. Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. 28p. Tese de mestrado. Universidade Federal de Viçosa.

GARCIA, A. A. F. & SOUZA JÚNIOR, C. L. 1999. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. *Bragantia*, v. 58, n. 2, p. 253-267.

HENDERSON, C. R. 1984. Applications of linear models in animal breeding. University of Guelph, Guelph. 462 p.

HORTON, P. 2000. Prospects for crop improvement through the genetic manipulation of photosynthesis: Morphological and biochemical aspects of light capture. *Journal of Experimental Botany*. 51: 475–485.

ICHITANI, K.; INOUE, H.; NISHIDA, H.; OKUMOTO, Y.; TANISAKA, T. 2002. Interactive effects of two heading-time loci, *Se1* and *Ef1*, on pre-flowering developmental phases in rice (*Oryza sativa* L.) *Euphytica*. 126(2):227-234.

ISHIY, T.; BACHA, R. E.; FROSI, J. F. 1985. Melhoramento de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado em Santa Catarina. In : Reunião da cultura do arroz irrigado, Pelotas, 1985. Anais. Pelotas, CTATB/EMBRAPA, p.15-22.

ITOH, H.; TATSUMI, T.; SAKAMOTO, T.; OTOMO, K.; TOYOMASU, T.; KITANO, H.; ASHIKARI, M.; ICHIHARA, S.; MATSUOKA, M. 2004. A rice semi-dwarf gene, *Tan-Ginbozu* (D35), encodes the gibberellin biosynthesis enzyme, ent-kaurene oxidase. *Plant Molecular Biology*. 54(4):533-47.

LI, X.; QIAN, Q.; FU, Z.; WANG, Y.; XIONG, G.; ZENG, D.; WANG, X.; LIU, X.; TENG, S.; HIRUSHI, F.; YUAN, M.; LUO, D.; HAN, B.; LI, J. 2003. Control of tillering in rice. *Nature*. Vol 422: 618-621.

LIU, G.; XU, H.; YANG, J.; ZHU, J. 2006. Genetic analyses on tiller number and plant height per plant in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Zhejiang University*. 32 (5) 527-234.

- MAHBUB, M. A. A.; KHANAM, M.; RAHMAN, M. S.; HOSSAIN, M. A.; GOMOSTA A. R. 2006. Determination of lodging characters of some BRRI recommended rice varieties at three nitrogen levels during wet season in Bangladesh. *Bangladesh Journal of Botany*. 35(2) 117-124.
- MANFRON, P.A.; DOURADO NETO, D.; DARIO, G. J. A.; BONNECARRÈRE, R.A.G.; PILAU, F. G. 2004. Comportamento de soqueira do arroz irrigado. *Revista da FZVA*. Vol. 11, N.1 p. 31-42.
- MARINHO, C. D.; MARTINS, F. J.; AMARAL, S. C.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S.; DE MELLO, M.P. 2011 Revisiting the Brazilian scenario of registry and protection of cultivars: an analysis of the period from 1998 to 2010, its dynamics and legal observations. *Genetics and Molecular Research*, v. 10, n. 2, p. 792-809.
- MEDEIROS, R. D.; SOARES, A.A.; GUIMARÃES, R. M. 2005. Compactação do solo e manejo da água. i: efeitos sobre absorção de N, P, K, massa seca de raízes e parte aérea de plantas de arroz. *Ciência e Agrotecnologia*. Lavras, v. 29, n. 5, p. 940-947.
- MENEZES JÚNIOR, J. A. N.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. 2008. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. *Bragantia*, v.67, p.833-838.
- MORESCO, E. R.; FONSECA Jr., N. S.; FREIRE, E. C. 2004. Genetic gain of cotton yield in Mato Grosso State, Brazil. *Beltwide Cotton Conference Proceedings*.v.1, p.1100-1102.
- NELDER, J. A; WEDDERBURN, R. W. M. 1972.Generalized linear model. *Journal Royal Statistic Society*, v.135, p.370-384
- NERSTING, L. G.; ANDERSEN, S. B.; VON BOTHMER, R.; GULLORD, M.; JORGENSEN, R. B. 2006. Morphological and molecular diversity of Nordic oat through one hundred years of breeding. *Euphytica*. 150:327–337.
- NEVES, I. P. 2007. Dossiê técnico - cultivo de arroz. Rede de tecnologia da Bahia - RETEC/BA, 21.

NISHIDA H.; INOUE, H.; OKUMOTO, Y.; TANISAKA, T. 2002. A novel gene *ef1-h* conferring an extremely long basic vegetative growth period in rice. *Crop Science*. 42:348–354.

OOKAWA, T.; HOBBO, T.; YANO, M.; MURATA, K.; ANDO, T.; MIURA, H.; ASANO, K.; OCHIAI, Y.; IKEDA, M.; NISHITANI, R.; EBITANI, T.; OZAKI, H.; ANGELES, E. R.; HIRASAWA, T.; MATSUOKA, M. (2010). New approach for rice improvement using a pleiotropic QTL gene lodging resistance and yield. *Nature Communication*. November 30; 1: 132.

PENG, S. & KHUSH, G. S. 2003. Four decades of breeding for varietal improvement of irrigated lowland rice in the International Rice Research Institute. *Plant Production Science*. 6:157–164.

PRASAD, B.; PATWARY, A. K.; BISWAS, P. S. 2001. Genetic variability and selection criteria in fine rice (*Oryza sativa* L.) *Pakistan Journal of Biological Science*. 4 (10): 1888-1190.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARAES, E. P.; YOKOKURA, T. 2000. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.35, n.8, p.1595-1604.

RESENDE, M. D. V. & DUARTE, J. B. 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.37, n.3, p.182-194.

RESENDE, M. D. V. 2002. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 975 p.

RESENDE, M. D. V. 2004. *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Embrapa Florestas, Colombo. 65 p. (Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. 2007. *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 561p.

SANO, Y. 1992. Genetic comparisons of chromosome 6 between wild and cultivated rice. *Japanes Journal of Breeding*. 42: 561-572.

SANTOS, A. P. 2009. Extração e caracterização do amido do fruto-do-lobo (*Solanum lycocarpum* St. Hil) e elaboração de filmes biodegradáveis. 92p. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual de Goiás, Anápolis.

SANTOS, P. G.; SOARES, P. C.; SOARES, A. A.; MORAIS, O. P.; CORNÉLIO, V. M. O. 1999. Avaliação do progresso genético obtido em 22 anos no melhoramento do arroz irrigado em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.34, n.10, p.1889-1896.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. 1992. Variance components. New York: J. Wiley, 528 p.

SOARES, A. A.; SANTOS, P. G.; MORAIS, O. P.; SOARES, P. C.; REIS, M. S.; SOUZA, M. A. 1999. Progresso genético obtido pelo melhoramento do arroz de sequeiro em 21 anos de pesquisa em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília. v.34, p.415-424.

SOARES, P. C.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; SOARES, A. A. 2005. Genetic gain in an improvement program of irrigated rice in Minas Gerais. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v.5, p.142-148.

SONG, X; HUANG, W; SHI, M; ZHU, M; LIN, H. 2007. A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. *Nature Genetics*. Vol. 39. Number 5.

SOUZA, M. A.; MORAIS, O. P; HERÁ, R. E. C.; CARGNIN, A; PIMENTEL, A. J. B. 2007. Progresso genético do melhoramento de arroz de terras altas no período de 1950 a 2001. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.42, n.3, p.371-376.

SPIELMEYER, W.; ELLIS, M. H.; CHANDLER, P. M. 2002. Semidwarf (sd-1), "green revolution" rice, contains a defective gibberellin 20-oxidase gene. *Proceedings of the Natural Academy of Science. USA.*; 99(13): 9043–9048.

SZEKERES, M.; NE'METH, K.; KONCZ-KA'LMA'N, Z.; MATHUR, J.; KAUSCHMANN, A.; ALTMANN, T.; RE'DEI, G. P.; NAGY, F.; SCHELL, J.;

KONCZ, C. 1996. Brassinosteroids rescue the deficiency of CYP90, a cytochrome P450, controlling cell elongation and de-etiolation in Arabidopsis. *Cell*, 85: 171–182.

TABIEN, R. E.; SAMONTE, S. O. P. B; MCCLUNG, A. M. 2008. Forty-eight years of rice improvement in Texas since the release of cultivar bluebonnet in 1944. *Crop Science*. 48: p.2097–2106.

UNITED STATES DEPARTMENT OF STATE GEOGRAPHER. 2013. Software Google earth. Google. United States.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A. R.; GARCIA, J. C.; TEIXEIRA, N. M. 1988. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: Congresso nacional de milho e sorgo, Belo Horizonte. 1986. Anais..., Sete Lagoas: Embrapa/CNPMS, p.300- 307.

VERGARA, B.S.; LILIS, R.; TANAKA, A. 1965. Studies of the internode elongation of the rice plant. I. Relationship between growth duration and internode elongation. *Soil Science and Plant Nutrition*, Tokyo, v.11, p.246-250.

WALTER, M.; MARCHEZAN, E.; AVILA, L. A. 2008. Arroz: características e composições nutricionais. *Ciência Rural*. Vol. 38, n.4, p.1184-1192.

WU, C.; TRIEU, A.; RADAPARTHIBAN, R.; KWOK, S. F.; HARRIS, S.; ZHANG, K.; WANG, J.; WAN, J.; ZHAI, H.; TAKATSUTO, S.; MATSUMOTO, S.; FUJIOKA, S.; FELDMANN, K. A.; PENNELLA, R. I. 2008. Brassinosteroids Regulate Grain Filling in Rice. *The Plant Cell*. Vol. 20: 2130–2145.

YOKOO, M. & KIKUCHI, F. 1977. Multiple allelism of the locus controlling heading time of rice, detected using the close linkage with the blast-resistance. *Japanese Journal of Breeding*. 27: 123–130. (in Japanese with English summary).

YOSHIDA, S. 1981. Fundamentals of rice crop science. Los Baños: IRRI. 269p.

7. ANEXOS

Tabela 3. Presença dos ambientes ¹, número de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) com base na acurácia seletiva do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, para os caracteres produtividade e peso de 100 grãos, no período de 1998 a 2012

Acurácia seletiva (\hat{r}_{gg})										
Ano	Produtividade				NE	Peso de 100 grãos				NE
	Locais ¹					Locais ¹				
	JA	LA	LE	PM		JA	LA	LE	PM	
1998	0,79*	0,54	0,95*	0,94*	3	-	-	-	-	-
1999	0,78*	0,79*	0,93*	0,92*	4	-	-	-	-	-
2000	0,88*	0,83*	0,96*	0,92*	4	-	-	-	-	-
2001	0,82*	-	0,48	0,42	1	-	-	-	-	-
2002	0,85*	-	0,48	-	1	-	-	-	-	-
2003	0,54	0,81*	0,87*	-	2	0,97*	0,99*	0,99*	0,98*	4
2004	0,8*	-	0,9*	0,88*	3	0,98*	-	1,00*	-	2
2005	-	-	0,91*	-	1	-	-	0,99*	-	1
2006	0,85*	-	0,52	-	1	1,00*	-	0,99*	-	2
2007	0,84*	0,91*	0,91*	-	3	0,98*	0,99*	0,99*	-	3
2008	0,85*	-	0,84*	-	2	0,99*	0,99*	0,97*	-	3
2010	-	0,74*	0,32	-	1	1,00*	0,99*	0,99*	-	3
2011	0,72*	-	0,76*	-	2	1,00*	0,99*	0,99*	-	3
2012	0,87*	0,55	0,82*	-	2	0,99*	-	0,93*	-	2
Total	11	5	10	4	30	8	5	9	1	23

* Valores maiores que 0,70 de \hat{r}_{gg} indica a presença do local (PL). ¹Locais (JA: Janaúba; LA: Lambari; LE: Leopoldina; PM: Prudente de Moraes); NE: número de ensaios no ano.

Tabela 4. Presença dos ambientes¹, número de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) com base na acurácia seletiva do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, para os caracteres altura de plantas e dias para floração, no período de 1998 a 2012

Acurácia seletiva (\hat{f}_{gg})										
Ano	Altura de Plantas					Dias para floração				
	Locais ¹				NE	Locais ¹				NE
	JA	LA	LE	PM		JA	LA	LE	PM	
1998	0,87*	0,87*	0,96*	0,97*	4	1,00*	1,00*	0,98*	1,00*	4
1999	0,77*	0,97*	0,97*	0,95*	4	1,00*	0,99*	0,99*	0,97*	4
2000	0,94*	0,86*	0,97*	0,92*	4	1,00*	1,00*	0,99*	-	3
2001	0,90*	-	0,53	0,80*	2	1,00*	-	0,99*	0,98*	3
2002	0,84*	-	0,99*	-	2	0,99*	-	0,99*	-	2
2003	0,80*	0,82*	0,92*	0,90*	4	1,00*	1,00*	0,98*	0,97*	4
2004	0,93*	-	0,75*	0,99*	3	1,00*	1,00*	1,00*	0,95*	4
2005	-	0,92*	0,98*	-	2	-	1,00*	1,00*	-	2
2006	0,79*	0,86*	0,91*	-	3	1,00*	1,00*	0,90*	-	3
2007	0,81*	0,98*	0,93*	0,65	3	1,00*	1,00*	0,97*	0,91*	4
2008	0,90*	0,98*	0,90*	-	3	0,97*	0,99*	0,97*	-	3
2010	0,80*	0,74*	0,91*	-	3	1,00*	0,95*	1,00*	-	3
2011	0,83*	0,41	0,93*	-	2	1,00*	0,92*	0,99*	-	3
2012	0,90*	0,87*	0,84*	-	3	0,85*	0,97*	1,00*	-	3
Total	13	10	13	6	42	13	12	14	6	45

* Valores maiores que 0,70 de \hat{f}_{gg} indica a presença do local (PL). ¹Locais (JA: Janaúba; LA: Lambari; LE: Leopoldina; PM: Prudente de Moraes); NE: número de ensaios no ano.

Tabela 5. Presença dos ambientes¹, número de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) com base na acurácia seletiva do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, para os caracteres perfilhamento e acamamento, no período de 1998 a 2012

Acurácia seletiva (\hat{r}_{gg})										
Ano	Perfilhamento					Acamamento				
	Locais ¹				NE	Locais ¹				NE
	JA	LA	LE	PM		JA	LA	LE	PM	
1998	-	0,80*	0,92*	0,80*	3	1,00*	-	1,00*	1,00*	3
1999	-	0,53	0,95*	0,83*	2	0,76*	-	1,00*	1,00*	3
2000	0,64	0,91*	0,98*	0,86*	3	1,00*	-	1,00*	1,00*	3
2001	0,96*	-	0,95*	0,17	2	1,00*	-	1,00*	1,00*	3
2002	0,61	-	1,00*	-	1	1,00*	-	1,00*	-	2
2003	0,5	0,51	0,98*	0,85*	2	1,00*	-	1,00*	1,00*	3
2004	0,79*	0,94*	1,00*	0,78*	4	1,00*	1,00*	1,00*	1,00*	4
2005	-	0,88*	1,00*	-	2	-	1,00*	1,00*	-	2
2006	0,63	0,95*	0,56	-	1	1,00*	1,00*	1,00*	-	3
2007	0,58	-	0,51	0,90*	1	1,00*	-	-	0,2	1
2008	0,92*	-	0,69	-	1	1,00*	-	0,90*	-	2
2010	0,74*	-	0,76*	-	2	1,00*	1,00*	0,95*	-	3
2011	0,83*	0,69	0,87*	-	2	1,00*	-	0,96*	-	2
2012	0,58	-	0,66	-	0	-	-	0,96*	-	1
Total	5	5	10	6	26	12	4	13	6	35

* Valores maiores que 0,70 de \hat{r}_{gg} indica a presença do local (PL). ¹Locais (JA: Janaúba; LA: Lambari; LE: Leopoldina; PM: Prudente de Moraes); NE: número de ensaios no ano.

Tabela 6. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo dentro de local e ano, interações genótipo x local e genótipo x ano, estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) e médias da produtividade dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, Brasil, no período de 1998 a 2012

Efeitos	Produtividade (kg ha ⁻¹)														
	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2010	2011	2012	
Genótipo ¹	25,8***	1,9 ^{N.S.}	28,32***	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	3,18***	1,43 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,17 ^{N.S.}	0,36 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	
Genótipo x Local ¹	34,48**	46,49***	35,57***	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	5,66**	35,3***	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	49,49***	13,33***	0,00 ^{N.S.}	9,47***	26,4***	
h^2_g	0,08	0,06	0,33	0,17	0,20	0,22	0,10	0,30	0,24	0,04	0,08	0,14	0,01	0,01	
Média	5298	5566	4844	4693	8280	6217	4968	6130	6690	6019	7370	4892	5708	5335	
Efeitos	Produtividade (kg ha ⁻¹)														
Genótipo ¹						9,65***									
Genótipo x Ano ¹						2,29 ^{N.S.}									
h^2_g						0,13									
Média						5691									

(1) Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***p=0,01, **p=0,05, *p=0,10 e ns: não-significativo pelo teste χ^2 com 1 grau de liberdade.

Tabela 7. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo dentro de local e ano, interações genótipo x local e genótipo x ano, estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) e médias do peso de 100 grãos dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, Brasil, no período de 2003 a 2012

Efeitos	Peso de 100 grãos (g)									
	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2010	2011	2012	
Genótipo ¹	60,21***	0,57 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	16,33***	26,22***	38,65***	76,97***	19,36***	38,26***	
Genótipo x Local ¹	163,73***	173,29***	0,00 ^{N.S.}	144,73***	157,26***	111,49***	123,2***	19,27***	124,03***	

h^2_g	0,66	0,15	0,47	0,69	0,58	0,67	0,86	0,65	0,67	
Média	2,54	2,66	2,80	2,56	2,69	2,59	2,65	2,59	2,65	
Efeitos	Peso de 100 grãos (g)									
Genótipo ¹	139,05***									
Genótipo x Ano ¹	1,35 ^{N.S.}									

h^2_g	0,61									
Média	2,63									

(1) Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***p=0,01, **p=0,05, *p=0,10 e ns: não-significativo pelo teste χ^2 com 1 grau de liberdade.

Tabela 8. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo dentro de local e ano, interações genótipo x local e genótipo x ano, estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) e médias da altura de plantas dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, Brasil, no período de 1998 a 2012

Efeitos	Altura de Plantas (cm)													
	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2010	2011	2012
Genótipo ¹	4,64**	11,04***	25,62***	6,27**	9,11***	25,39***	11,71***	7,93***	20,12***	14,88***	18,39***	15,00***	28,63***	5,69***
Genótipo x Local ¹	16,95***	110,45***	59,74***	8,51***	15,7***	41,44***	62,01***	25,94***	5,27**	20,59***	29,47***	7,17***	4,14**	24,51***
h^2_g	0,01	0,22	0,34	0,29	0,39	0,36	0,35	0,44	0,35	0,34	0,41	0,30	0,44	0,20
Média	94,62	94,11	88,38	77,26	98,46	88,53	88,70	90,48	92,14	92,53	91,59	93,91	99,76	90,68
Efeitos	Altura de Plantas (cm)													
Genótipo ¹						74,53***								
Genótipo x Ano ¹						42,60***								
h^2_g						0,26								
Média						91,21								

(1) Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***p=0,01, **p=0,05, *p=0,10 e ns: não-significativo pelo teste χ^2 com 1 grau de liberdade.

Tabela 9. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo dentro de local e ano, interações genótipo x local e genótipo x ano, estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) e médias dos dias para floração dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, Brasil, no período de 1998 a 2012

Efeitos	Dias para Floração													
	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2010	2011	2012
Genótipo ¹	948,77***	44,70***	39,83***	7,30**	13,00***	41,80***	56,62***	18,77***	27,41***	26,16***	45,88***	22,79***	16,07***	21,85***
Genótipo x Local ¹	901,1***	350,44***	361,51***	457,15***	192,06***	236,80***	276,00***	196,33***	366,47***	314,82***	71,89***	145,19***	98,02**	42,46***
h^2_g	0,01	0,58	0,71	0,33	0,62	0,58	0,67	0,73	0,62	0,47	0,70	0,54	0,44	0,47
Média	102	97	103	90	91	100	106	107	103	107	107	105	105	111
Efeitos	Dias para Floração													
Genótipo ¹	116,25***													
Genótipo x Ano ¹	93,69***													
h^2_g	0,44													
Média	101													

(1) Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***p=0,01, **p=0,05, *p=0,10 e ns: não-significativo pelo teste χ^2 com 1 grau de liberdade.

Tabela 10. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo dentro de local e ano, interações genótipo x local e genótipo x ano, estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) e médias de perfilamento dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, Brasil, no período de 1998 a 2012

Efeitos	Perfilamento													
	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2010	2011	2012
Genótipo ¹	0,01 ^{N.S.}	2,24 ^{N.S.}	11,38 ^{***}	5,18 ^{**}	0,00 ^{N.S.}	22,28 ^{***}	17,91 ^{***}	8,44 ^{***}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	5,66 ^{**}	1,14 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}
Genótipo x Local ¹	0,00 ^{N.S.}	8,85 ^{***}	51,17 ^{***}	51,25 ^{***}	0,00 ^{N.S.}	0,08 ^{N.S.}	53,12 ^{***}	39,28 ^{***}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,52 ^{N.S.}	13,61 ^{**}	0,00 ^{N.S.}
h^2_g	0,00	0,19	0,30	0,35	0,45	0,58	0,30	0,47	0,38	0,29	0,32	0,25	0,14	0,00
Média	4,58	2,97	2,17	3,58	3,54	2,68	2,75	2,39	2,20	2,81	2,87	2,51	2,13	0,00
Efeitos	Perfilamento													
Genótipo ¹	30,16 ^{***}													
Genótipo x Ano ¹	15,18 ^{***}													
h^2_g	0,22													
Média	2,75													

(1) Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***p=0,01, **p=0,05, *p=0,10 e ns: não-significativo pelo teste χ^2 com 1 grau de liberdade.

Tabela 11. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo dentro de local e ano, interações genótipo x local e genótipo x ano, estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h_g^2) e médias de acamamento dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, Brasil, no período de 1998 a 2012

Efeitos	Acamamento													
	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2010	2011	2012
Genótipo ¹	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,01 ^{N.S.}	0,01 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}
Genótipo x Local ¹	240,54 ^{***}	50,04 ^{***}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	0,00 ^{N.S.}	36,28 ^{***}	114,25 ^{***}	89,56 ^{**}	0,00 ^{N.S.}
h_g^2	0,08	0,01	0,01	0,01	0,03	0,03	0,01	0,03	0,03	0,02	0,01	0,01	0,02	0,40
Média	1,00	1,03	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	1,58	1,26	1,66	2,32
Efeitos	Acamamento													
Genótipo ¹	43,25 ^{***}													
Genótipo x Ano ¹	0,01 ^{N.S.}													
h_g^2	0,11													
Média	1,14													

(1) Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***p=0,01, **p=0,05, *p=0,10 e ns: não-significativo pelo teste χ^2 com 1 grau de liberdade.

Tabela 12. Percentagem de inclusão, exclusão, manutenção e renovação de linhagens ao longo de 14 anos de avaliação de linhagens do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, Brasil

Ano	Inclusão (%)	Exclusão (%)	Manutenção (%)	Renovação (%)
1998/1997	-	-	-	-
1999/1998	31	28	42	42
2000/1999	38	40	21	64
2001/2000	38	38	25	60
2002/2001	0	0	100	0
2003/2002	19	19	61	24
2004/2003	29	29	43	40
2005/2004	22	22	56	28
2006/2005	11	11	79	12
2007/2006	11	11	79	12
2008/2007	17	17	67	20
2010/2009	22	22	56	28
2011/2010	4	4	92	4
2012/2011	0	0	100	0
Média	18	18	63	26

Tabela 13. Número de linhagens¹ e desempenho das linhagens novas, mantidas, excluídas e avaliadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2012

Anos	Produtividade								Peso de 100 grãos							
	I	MI	M	MM	E	ME	T	MT	I	MI	M	MM	E	ME	T	MT
1997/1998	0	-	15	5387	10	5164	25	5298	-	-	-	-	-	-	-	-
1999/1998	11	5559	9	5613	17	5541	26	5566	-	-	-	-	-	-	-	-
2000/1999	16	4692	10	5109	15	4668	25	4844	-	-	-	-	-	-	-	-
2001/2000	15	4613	25	4693	0	-	25	4693	-	-	-	-	-	-	-	-
2002/2001	0	-	19	8290	6	8248	25	8280	-	-	-	-	-	-	-	-
2003/2002	6	6427	15	6278	10	6125	25	6217	0	-1,00	15	2,51	10	2,59	25	2,54
2004/2003	10	4955	18	5023	7	4828	25	4968	10	2,69	18	2,66	7	2,68	25	2,66
2005/2004	7	6135	22	6193	3	5667	25	6130	7	2,83	22	2,80	3	2,76	25	2,80
2006/2005	3	6784	22	6711	3	6536	25	6690	3	2,39	22	2,57	3	2,49	25	2,56
2007/2006	3	6074	20	6028	5	5982	25	6019	3	2,73	20	2,69	5	2,71	25	2,69
2008/2007	5	7441	18	7426	7	7227	25	7370	5	2,71	18	2,62	7	2,53	25	2,59
2010/2009	7	4876	24	4884	1	5078	25	4892	7	2,70	24	2,66	1	2,59	25	2,65
2011/2010	1	5700	25	5708	0	-	25	5708	1	2,63	25	2,59	0	-	25	2,59
2012/2011	0	-	25	5335	0	-	25	5335	0	-	25	2,65	0	-	25	2,65
Média	6	5751	19	5905	6	5915	25	5858	4	2	21	3	4	3	25	3

¹I : número de genótipos novos em relação ao ano anterior; MI : média dos genótipos novos (renovados) em relação ao ano anterior; M : número de genótipos mantidos para avaliação no ano posterior; MM : média dos genótipos mantidos para avaliação no ano posterior; E : número de genótipos excluídos da avaliação no ano posterior; ME: média dos genótipos excluídos da avaliação no ano posterior; T: número de genótipos avaliados no ano; MT: Média dos genótipos avaliados no ano.

Tabela 14. Número de linhagens¹ e desempenho das linhagens novas, mantidas, excluídas e avaliadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2012

Anos	Altura de Plantas								Dias para floração							
	I	MI	M	MM	E	ME	T	MT	I	MI	M	MM	E	ME	T	MT
1997/1998	0	-	15	94,68	10	94,52	25	94,62	0	-	15	102	10	102	25	102
1999/1998	11	93,72	9	95,43	17	93,41	26	94,11	11	95	9	99	17	96	26	97
2000/1999	16	87,31	10	89,82	15	87,42	25	88,38	16	100	10	107	15	100	25	103
2001/2000	15	76,67	25	77,26	0	-	25	77,26	15	88	25	90	0	-	25	90
2002/2001	0	-	19	97,94	6	100,08	25	98,46	0	-	19	91	6	91	25	91
2003/2002	6	90,79	15	89,42	10	87,19	25	88,53	6	106	15	100	10	98	25	100
2004/2003	10	89,82	18	88,60	7	88,97	25	88,70	10	109	18	105	7	109	25	106
2005/2004	7	93,04	22	89,81	3	95,42	25	90,48	7	107	22	107	3	107	25	107
2006/2005	3	93,91	22	92,44	3	89,94	25	92,14	3	108	22	103	3	99	25	103
2007/2006	3	93,52	20	92,25	5	93,65	25	92,53	3	111	20	107	5	108	25	107
2008/2007	5	93,57	18	92,39	7	89,52	25	91,59	5	110	18	109	7	104	25	107
2010/2009	7	92,69	24	93,92	1	93,73	25	93,91	7	103	24	105	1	104	25	105
2011/2010	1	94,99	25	99,76	0	-	25	99,76	1	99	25	105	0	-	25	105
2012/2011	0	-	25	90,68	0	-	25	90,68	0	-	25	111	0	-	25	111
Média	6	91	19	92	6	92	25	92	6	103	19	103	6	102	25	102

¹I : número de genótipos novos em relação ao ano anterior; MI : média dos genótipos novos (renovados) em relação ao ano anterior; M : número de genótipos mantidos para avaliação no ano posterior; MM : média dos genótipos mantidos para avaliação no ano posterior; E : número de genótipos excluídos da avaliação no ano posterior; ME: média dos genótipos excluídos da avaliação no ano posterior; T: número de genótipos avaliados no ano; MT: Média dos genótipos avaliados no ano.

Tabela 15. Número de linhagens¹ e desempenho das linhagens novas, mantidas, excluídas e avaliadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU's) do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2012

Anos	Acamamento								Perfilhamento							
	I	MI	M	MM	E	ME	T	MT	I	MI	M	MM	E	ME	T	MT
1997/1998	0	-1,00	15	1,00	10	1,00	25	1,00	0	-1,00	15	4,57	10	4,60	25	4,58
1999/1998	11	1,03	9	1,03	17	1,03	26	1,03	11	3,04	9	2,72	17	3,11	26	2,97
2000/1999	16	1,00	10	1,00	15	1,00	25	1,00	16	2,26	10	2,05	15	2,26	25	2,17
2001/2000	15	1,00	25	1,00	0	-1,00	25	1,00	15	3,83	25	3,58	0	-1,00	25	3,58
2002/2001	0	-1,00	19	1,00	6	1,00	25	1,00	0	-1,00	19	3,49	6	3,13	25	3,41
2003/2002	6	1,00	15	1,00	10	1,00	25	1,00	6	1,60	15	2,47	10	2,99	25	2,68
2004/2003	10	1,00	18	1,00	7	1,00	25	1,00	10	2,69	18	2,77	7	2,71	25	2,75
2005/2004	7	1,00	22	1,00	3	1,00	25	1,00	7	2,52	22	2,33	3	2,82	25	2,39
2006/2005	3	1,00	22	1,00	3	1,00	25	1,00	3	1,76	22	2,15	3	2,56	25	2,20
2007/2006	3	1,00	20	1,00	5	1,00	25	1,00	3	2,53	20	2,81	5	2,83	25	2,81
2008/2007	5	1,58	18	1,58	7	1,58	25	1,58	5	2,87	18	2,86	7	2,88	25	2,87
2010/2009	7	1,26	24	1,26	1	1,27	25	1,26	7	2,73	24	2,48	1	3,24	25	2,51
2011/2010	1	1,69	25	1,66	0	-1,00	25	1,66	1	2,44	25	2,13	0	-1,00	25	2,13
2012/2011	0	-1,00	25	2,32	0	-1,00	25	2,32	-	-	-	-	-	-	-	-
Média	6	0,68	19	1,20	6	0,63	25	1,20	6	2,02	19	2,80	6	2,39	25	2,85

¹ I : número de genótipos novos em relação ao ano anterior; MI : média dos genótipos novos (renovados) em relação ao ano anterior; M : número de genótipos mantidos para avaliação no ano posterior; MM : média dos genótipos mantidos para avaliação no ano posterior; E : número de genótipos excluídos da avaliação no ano posterior; ME: média dos genótipos excluídos da avaliação no ano posterior; T: número de genótipos avaliados no ano; MT: Média dos genótipos avaliados no ano.

Tabela 16. Valores e progresso genético relativo à produtividade (Kg.ha⁻¹) e peso de 100 grãos (g) dos cultivares avaliados no primeiro e último ano considerado do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2012, Minas Gerais, Brasil

Produtividade				Peso de 100 grãos			
1997/98		2011/12		2002/03		2011/12	
Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1
1	-559,03	66	159,35	1	0,10	19	0,07
2	-667,16	69	451,92	2	-0,08	22	-0,20
3	322,89	78	33,39	3	-0,03	31	0,29
4	133,06	79	431,22	4	-0,03	32	-0,15
5	-247,41	80	119,00	5	-0,11	33	0,16
6	31,08	84	609,56	6	0,01	37	-0,04
7	216,77	85	158,26	7	0,11	38	0,16
8	480,39	87	410,06	8	-0,09	40	0,08
9	383,17	88	389,06	9	-0,07	41	0,06
10	-667,30	90	127,90	10	-0,02	43	-0,24
11	-574,69	91	347,45	11	0,00	44	-0,24
12	-582,93	92	134,41	12	0,01	45	-0,13
13	335,38	93	415,30	13	-0,06	46	0,14
14	204,63	96	40,49	14	-0,17	49	0,37
15	76,37	97	455,00	15	-0,14	50	-0,17

Continuação (Tabela 16)

16	113,12	98	430,02	16	-0,18	51	0,14
17	397,21	99	12,81	17	0,29	52	0,09
18	196,03	100	156,31	18	0,07	53	0,08
19	460,14	101	153,30	19	0,07	54	0,05
20	142,51	103	601,28	20	-0,04	56	0,22
21	117,57	104	-52,96	21	-0,10	57	0,02
22	503,56	105	-335,78	22	-0,20	58	0,14
23	77,69	106	-151,06	23	-0,22	59	0,06
24	-668,11	107	437,99	24	-0,18	60	0,11
25	156,30	108	-255,21	25	-0,21	61	0,08
Média Genotípica		Progresso genético		Média genotípica		Progresso genético	
1997/98	15,25	195,91		2002/03	0,05	0,10	
2011/12	211,16			2011/12	0,16		

¹ \hat{g} : valor genético individual dos genótipos avaliados.

Tabela 17. Valores e progresso genético relativo à altura de plantas (cm) e dias para floração (dias) dos cultivares avaliados no primeiro e último ano considerado do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2012, Minas Gerais, Brasil

Altura de Plantas				Dias para floração			
1997/98		2011/12		1997/98		2011/12	
Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1
1	-5,63	66	-2,80	1	-8,65	66	3,49
2	-3,90	69	0,54	2	-3,98	69	6,03
3	0,35	78	6,54	3	-2,83	78	2,20
4	1,23	79	6,69	4	-1,11	79	6,59
5	1,68	80	-5,30	5	-3,79	80	1,23
6	1,06	84	1,18	6	-4,21	84	4,61
7	-1,21	85	0,16	7	5,05	85	0,02
8	-3,84	87	2,67	8	1,23	87	4,17
9	-5,34	88	2,76	9	5,51	88	4,66
10	-0,88	90	3,42	10	-9,29	90	7,19
11	1,40	91	4,92	11	-6,92	91	6,37
12	1,93	92	5,45	12	-8,86	92	5,55
13	-4,31	93	-1,21	13	4,24	93	4,88
14	2,96	96	3,23	14	3,42	96	1,06
15	1,93	97	-0,31	15	-0,89	97	2,60

Continuação (Tabela 17)

16	2,28	98	-0,93	16	-1,32	98	4,07
17	3,91	99	8,47	17	7,69	99	7,37
18	4,26	100	9,49	18	-3,75	100	6,78
19	0,44	101	0,73	19	-1,08	101	0,92
20	-2,66	103	0,73	20	2,27	103	1,39
21	-1,94	104	1,32	21	2,34	104	4,58
22	2,65	105	0,04	22	6,30	105	-4,53
23	-2,29	106	-4,93	23	9,88	106	-7,73
24	1,69	107	-1,50	24	-6,25	107	1,39
25	5,32	108	-2,88	25	7,37	108	-3,18
Média Genotípica		Progresso genético		Média genotípica		Progresso genético	
1997/98	0,04	1,50		2002/03	-0,31	3,17	
2011/12	3,00			2011/12	4,47		

¹ \hat{g} : valor genético individual dos genótipos avaliados.

Tabela 18. Valores e progresso genético relativo a acamamento (nota) e perfilhamento (nota) dos cultivares avaliados no primeiro e último ano considerado do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2012, Minas Gerais, Brasil

Acamamento				Perfilhamento			
1997/98		2011/12		1997/98		2011/12	
Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1	Genótipo	\hat{g}^1
1	0,00	66	0,10	1	0,11	66	-0,76
2	-0,01	69	-0,15	2	0,33	69	-0,48
3	0,00	78	-0,12	3	-0,07	78	-0,24
4	0,00	79	-0,21	4	0,11	79	-0,64
5	-0,01	80	0,14	5	0,10	80	-0,03
6	-0,01	84	-0,14	6	0,21	84	-0,55
7	-0,01	85	0,12	7	-0,36	85	0,34
8	-0,01	87	0,06	8	-0,35	87	-0,37
9	-0,01	88	0,27	9	0,07	88	-0,22
10	0,00	90	-0,16	10	0,82	90	-0,43
11	0,00	91	-0,16	11	0,64	91	-0,43
12	0,00	92	-0,28	12	0,46	92	-0,32
13	-0,01	93	-0,05	13	0,19	93	-0,41
14	0,00	96	0,33	14	-0,46	96	-0,23
15	0,00	97	-0,13	15	-0,07	97	-0,74

Continuação (Tabela 18)

16	0,00	98	-0,13	16	-0,43	98	0,10
17	0,00	99	-0,20	17	-0,30	99	-0,45
18	-0,01	100	-0,13	18	-0,07	100	-0,24
19	-0,01	101	-0,04	19	0,07	101	0,13
20	-0,01	103	0,05	20	0,21	103	-0,25
21	0,00	104	-0,31	21	-0,43	104	-0,40
22	0,09	105	0,67	22	-0,15	105	0,67
23	0,00	106	0,49	23	-0,61	106	0,54
24	-0,01	107	-0,13	24	0,46	107	0,00
25	0,00	108	0,39	25	-0,85	108	0,46
Média Genotípica		Progresso genético		Média genotípica		Progresso genético	
1997/98	0,00	0,01		2002/03	-0,01		-0,18
2011/12	0,06			2011/12	0,40		

¹ \hat{g} : valor genético individual dos genótipos avaliados.