

PATRÍCIA GUIMARÃES SANTOS

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM POPULAÇÕES
SEGREGANTES DE ARROZ IRRIGADO POR INUNDAÇÃO CONTÍNUA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. ANTÔNIO ALVES SOARES

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
1996

Ficha Catalográfica preparada pela Seção de Classificação e Catalogação da Biblioteca Central da UFLA

Santos, Patrícia Guimarães

Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de arroz irrigado por inundação contínua / Patrícia Guimarães Santos. -- Lavras : UFLA, 1996.

75p. : il.

Orientador: Antônio Alves Soares.
Dissertação (Mestrado) - UFLA.
Bibliografia.

1. Arroz irrigado - Parâmetro genético. 2. Parâmetro fenotípico. 3. Correlação. 4. Seleção Recorrente. 5. Melhoramento Genético

CDD-633.18587

PATRÍCIA GUIMARÃES SANTOS

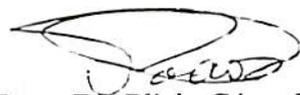
**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM POPULAÇÕES
SEGREGANTES DE ARROZ IRRIGADO POR INUNDAÇÃO CONTÍNUA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

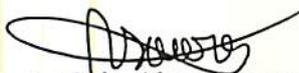
APROVADA em 12 de Fevereiro de 1996



Prof. Dr. Magno Antônio Patto Ramalho



Pesq. Dr. Plínio César Soares



Prof. Dr. Antônio Alves Soares

(Orientador)

Ao meu esposo Leonardo, que com muito amor compartilhou comigo essa conquista

Aos meus pais, Alcir e Sônia, pelo amor e incentivo em todas etapas da minha vida

Aos meus irmãos, Cíntia e Rodrigo e meu cunhado José Márcio

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade de realização do curso de mestrado.

À Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), pelo apoio concedido para condução deste trabalho.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) por meio do Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAF), pela ajuda na realização deste trabalho.

À Fundação de Amparo a Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG) que tornou possível a execução deste trabalho.

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, pela concessão da bolsa de estudo.

Ao orientador Antônio Alves Soares pela dedicação, disponibilidade, paciência, ensinamentos e amizade demonstrados que, com muita simplicidade ensinou-me muito.

Ao professor Magno Antônio Patto Ramalho pela contribuição valiosa dada durante a realização deste trabalho, demonstrando sempre disponibilidade e capacidade na transmissão de conhecimentos.

Ao pesquisador Plínio César Soares pela disponibilidade, sugestões e críticas apresentadas para o êxito deste trabalho.

Ao meu esposo Leonardo que além do amor e compreensão dedicados, foi também um grande consultor científico.

Aos professores do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, em especial ao professores do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, João Bosco, César Samuel e Lisete, pela amizade e ensinamentos transmitidos.

Ao Núcleo de Estudo de Genética (GEN) pelo apoio e oportunidades oferecidas que tanto colaboraram para minha formação profissional.

À pesquisadora da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais Wanda, juntamente com os funcionários da Fazenda Experimental de Lambari e Cambuquira, pela valiosa colaboração na condução dos experimentos.

Aos amigos do curso de Genética e Melhoramento de Plantas: Marcelo, Valéria, Farias, Paulo Roberto, Paulo Martins, Erich, Sérgio, João Acássio, Giovana, Eduardo, Renata, Ângela, Vilma, Leonardo, Cláudia, João, André, Mauricio, Hélia, Joelson, Mônica, Flávia Avelar, Cátia, Juscélio, Cíntia, Luciana, Gustavo, Glauber, Gabriela, Haroldo, Jaime, Osvaldo, Ângela Abreu, Pedro, Luis, Flávia, Leandro e Cláudio.

Aos amigos de outros cursos de pós-graduação pelo convívio e amizade.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, pelos auxílios prestados.

Aos funcionários da Biblioteca da UFLA, pelo atendimento e correções das referências bibliográficas.

À Associação de Pós-graduandos, por representar nossa classe sempre procurando atender nossas necessidades em busca de novas conquistas.

A todos que estiveram presentes e contribuíram de alguma forma para realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

PATRÍCIA GUIMARÃES SANTOS, filha de Alcir Guimarães de Souza e Sônia Solange Santos Guimarães, natural de Uberlândia, Estado de Minas Gerais, nasceu em 19 de janeiro de 1969.

Graduou-se no curso de Engenharia Agrônômica em julho de 1993 pela Universidade Federal de Uberlândia - UFU, Estado de Minas Gerais.

Foi bolsista do Programa Especial de Treinamento (PET), do curso de Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia, instituído pela Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), durante o período de fevereiro de 1992 a julho de 1993.

Em agosto de 1993 iniciou o curso de mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, na Universidade Federal de Lavras - UFLA, concluindo-o em fevereiro de 1996.

SUMÁRIO

	página
LISTA DE TABELAS	viii
LISTA DE FIGURAS	xi
RESUMO	xiii
SUMMARY	xv
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 Origem e Espécies Cultivadas	3
2.2 Melhoramento Genético do Arroz Irrigado no Mundo	3
2.3 Melhoramento Genético do Arroz Irrigado no Brasil	7
2.4 Uso da Seleção Recorrente no Melhoramento Genético do Arroz	9
2.4.1 Sintetização da População Base	10
2.4.2 Avaliação das Populações Segregantes	12
2.4.3 Obtenção de linhagens	15
2.4 Estimativa de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos	16
3 MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1 Material Avaliado	23
3.2 Localização, Instalação e Condução do Experimento	24
3.3 Análise Estatística dos Dados	26
3.4 Estimativa dos Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos e Fenotípicos	28
3.5 Estimativa dos Coeficientes de Correlação	31
3.6 Erro da Estimativa do Coeficiente de Correlação Genética	34
3.7 Teste de Significância da Correlação Fenotípica	35
4 RESULTADOS	36

5 DISCUSSÃO	60
6 CONCLUSÕES	68
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	69

LISTA DE TABELAS

Tabela		página
1	Estimativas de herdabilidade (%) para alguns caracteres da cultura do arroz, obtidas por diferentes métodos e populações.....	19
2	Linhagens e cultivares com suas respectivas participações relativa na formação da população CNA-IRAT 4/0/3.....	23
3	Doenças avaliadas em todos experimentos e suas respectivas épocas de avaliação.....	25
4	Esquema da análise de variância com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios.....	27
5	Esquema da análise de variância conjunta (anos ou locais), com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios.....	28
6	Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos de cada geração e da análise conjunta.....	29
7	Esperança matemática dos produtos médios utilizados na análise de cada par de caracteres.....	31
8	Resumo das análises de variância dos ensaios de avaliação de famílias S _{0.2} (precoce e ciclo médio) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha),	

- altura de plantas (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Lambari-MG, 1992/1993..... 47
- 9 Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (%) da geração $S_{0:2}$, herdabilidade realizada (%) e herdabilidade pela regressão pai-descendência (%), obtidas dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ (precoce e ciclo médio), para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de plantas (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Lambari, 1992/1994..... 48
- 10 Resumo das análises de variância dos ensaios de avaliação de famílias $S_{0:3}$ (precoce e ciclo médio) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de plantas (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Lambari-MG, 1993/1994..... 49
- 11 Resumo das análises de variância dos ensaios de avaliação de famílias $S_{0:3}$ (precoce e ciclo médio) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de plantas (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Cambuquira, 1993/1994..... 50
- 12 Estimativas das herdabilidades no sentido amplo (%) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de planta (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita, obtidas dos ensaios de avaliação das famílias da geração $S_{0:3}$, (precoce e ciclo médio) em Lambari e Cambuquira, 1993/1994..... 51

13	Resumo da análise de variância conjunta envolvendo as gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de planta (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita, para os ensaios de ciclo precoce e médio, avaliados em Lambari-MG, 1992/1993 e 1993/1994.....	52
14	Resumo da análise de variância conjunta dos ensaios de Lambari e Cambuquira (precoce e médio), geração $S_{0:3}$ para os caracteres produção de grãos(Kg/ha), altura de planta(cm), floração(dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. 1993/94.....	53
15	Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração $S_{0:2}$, ensaio precoce. Lambari - MG, 1992/1993.....	54
16	Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração $S_{0:2}$, ensaio de ciclo médio. Lambari - MG, 1992/1993..	55
17	Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração $S_{0:3}$, ensaio precoce. Lambari - MG, 1993/1994.....	56
18	Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração $S_{0:3}$, ensaio do ciclo médio. Lambari - MG, 1993/1994.	57
19	Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração $S_{0:3}$, ensaio precoce. Cambuquira - MG, 1993/1994.....	58
20	Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração $S_{0:3}$, ensaio de ciclo médio. Cambuquira - MG, 1993/1994.....	59

LISTA DE FIGURAS

Figura		página
1	Esquema do método de seleção recorrente utilizado pelo Centro de Nacional de Pesquisa em Arroz e Feijão (CNPAP), para avaliação de famílias $S_{0:2}$	14
2	Distribuição de frequência para produção de grãos obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:2}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1992/1993.....	41
3	Distribuição de frequência para produção de grãos obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1993/1994.....	42
4	Distribuição de frequência para produção de grãos obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Cambuquira, 1993/1994.....	43
5	Distribuição de frequência para altura de plantas obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:2}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1992/1993.....	44

- 6 Distribuição de frequência para altura das plantas obtidas dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1993/1994..... 45
- 7 Distribuição de frequência para altura de plantas obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Cambuquira, 1993/1994..... 46

RESUMO

SANTOS, Patrícia Guimarães. **Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos de Populações Segregantes de Arroz Irrigado por Inundação Contínua**. Lavras: UFLA, 1996. 75p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia, Genética e Melhoramento de Plantas)*.

A avaliação de populações segregantes em ensaios com repetições tem sido uma alternativa encontrada pelos melhoristas para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético. Assim, são obtidas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos que auxiliam o melhorista na tomada de decisões. Neste trabalho, estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas utilizando famílias do programa de seleção recorrente das populações de arroz irrigado CNA-IRAT4PR/1/1 ciclo precoce e CNA-IRAT4ME/1/1 ciclo médio, conduzidas em duas localidades (Lambari e Cambuquira) do estado de Minas Gerais. Em Lambari avaliaram-se famílias $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ nos anos agrícolas 1992/1993 e 1993/1994, respectivamente. No ensaio de Cambuquira, testaram-se apenas famílias $S_{0:3}$ em 1993/1994. O delineamento experimental utilizado foi um látice 10 x 10 com 3 repetições. Os caracteres avaliados foram: produção de grãos (PR), altura de plantas (AL), número de dias para floração (FL), incidência de mancha parda (MP), brusone da folha (BF), brusone do pescoço (BP), escaldadura da folha (EF), mancha de grãos (MG) e mancha estreita (ME). A população de ciclo médio mostrou ser promissora para a continuidade do programa de seleção recorrente, em função da sua produção média e a variabilidade disponível para a seleção. No material de ciclo precoce, devido a menor precisão experimental, o mesmo fato não foi constatado. As estimativas da herdabilidade, de modo geral, a partir dos componentes de variância, foram superiores às obtidas pela herdabilidade

*Orientador: Antônio Alves Soares. Membros da Banca: Magno Antônio Patto Ramalho e Plínio César Soares.

realizada e pela regressão genitor-descendente. A contribuição da interação famílias x anos, para a variação fenotípica total, foi pequena, indicando que não há necessidade das avaliações das famílias serem realizadas em outras gerações além de $S_{0:2}$. A interação famílias x locais não foi expressiva, isso possibilitou inferir que, nas próximas avaliações, os experimentos podem ser conduzidos em apenas um dos locais. A correlação genética negativa observada entre nota de danos de brusone e produção grãos evidencia a necessidade de obtenção de materiais cada vez mais resistentes a essa enfermidade nos programas de seleção recorrente.

SUMMARY

ESTIMATIVES OF GENETIC AND PHENOTYPIC PARAMETERS OF SEGREGATING POPULATIONS OF PADDY RICE

Evaluation of segregating populations, in trials with replications, has been an alternative found by breeder to raise the efficiency of the genetic breeding programs. Thus, estimatives of genetic and phenotypic parameters are obtained which help the plant breeder in decision-making. In this work, estimatives of genetic and phenotypic parameters were performed by using families of the recurrent selection program of the paddy rice populations CNA-IRAT 4PR/1/1 early cycle and CNA-IRAT 4ME/1/1 medium cycle carried on in two locations (Lambari and Cambuquira) of the state of Minas Gerais. At Lambari, $S_{0.2}$ and $S_{0.3}$ families were assessed in the agricultural years 1992/1993 and 1993/1994, respectively. In Cambuquira trial, only $S_{0.3}$ families in 1993/1994 were tested. The design utilized was a 10x10 lattice with three replications. The characters evaluated were: grain production (GP), plant height (PH), number of days for bloom (BL), incidence of brown spot (BS), leaf blast (LB), neck blast (NB), leaf scald (LS), grain spot (GS) and narrow spot (NS). The population of medium cycle proved to be promising for proceeding the recurrent selection program, in terms of its average yield and available variability for selection. In the material of early cycle, owing to the lower experimental precision, the very fact was not found. The heritability estimatives, in a general way, from the components of variance were superior to those obtained by the performed heritability and parent-offspring regression. The contribution of the family x year interaction, to the total phenotypic variation was small, denoting that there is no need for the evaluations of the families to be accomplished in other generations besides $S_{0.2}$. The family x location interaction was not expressive, that enables to infer that, in the next evaluations,

the experiments can be conducted in only one of those locations. The negative genetic correlation stood out among scores of blast damage with grain yield, stressing the need for obtaining resistant material in the recurrent selection programs.

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do arroz irrigado no Brasil teve início no Estado do Rio Grande do Sul, através do Instituto Rio Grandense do Arroz (IRGA) e da Estação Experimental de Arroz (EEA), fundada em 1918. No final da década de trinta, o Instituto Agrônômico de Campinas (IAC) também iniciou suas pesquisas com o melhoramento do arroz irrigado. Numa primeira etapa, estas instituições usavam materiais de coleta e introduções, sobretudo dos Estados Unidos, que eram selecionados, aproveitando ao máximo a variabilidade existente entre eles. Posteriormente, foram iniciados trabalhos utilizando a hibridação controlada, visando a obtenção de novas cultivares. Os materiais utilizados eram de porte alto, frondosos, apresentavam baixo potencial para produção de grãos, susceptibilidade ao acamamento, baixa resistência à doenças e baixa resposta ao uso de fertilizantes.

Com a criação da EMBRAPA e de diversas instituições estaduais de pesquisa na década de setenta, o melhoramento genético de arroz no Brasil sofreu um novo direcionamento, onde foi promovido um intenso trabalho de coleta de germoplasma, introduções de instituições internacionais e um amplo programa de hibridação.

Dentre as introduções destaca-se a IR 8 que foi a primeira cultivar moderna de porte semi-anão com alto potencial de produção de grãos, a qual revolucionou a produtividade das lavouras brasileiras de arroz irrigado. Posteriormente, novas cultivares do tipo moderno introduzidas e/ou desenvolvidas no Brasil vieram a ser amplamente cultivadas no país, substituindo praticamente todas as cultivares do tipo tradicional.

O ganho genético de produtividade de grãos ocorrido no início com a introdução das cultivares modernas em Minas Gerais foi muito expressivo na década de setenta e em menor magnitude na década de oitenta (Soares, 1992), evidenciando assim, o incremento da produtividade de arroz alcançado no estado. Entretanto, nenhum genótipo avaliado recentemente superou as cultivares lançadas no final da década de setenta e início de oitenta.

Uma das principais causas da diminuição do ganho genético é o estreitamento excessivo da base genética das cultivares utilizadas (Rangel, Zimmermann e Neves, 1992). Outra causa do decréscimo do ganho genético é que o melhoramento genético de arroz no Brasil utiliza predominantemente o método genealógico para a condução das populações segregantes. Este método como originalmente proposto depende em grande parte da eficiência da seleção visual nas primeiras gerações segregantes. Contudo, foi constatado para a cultura do arroz irrigado que a seleção visual apresenta baixa eficiência (Cutrim, 1994). Além dessa desvantagem, o método genealógico não permite a recombinação dos materiais segregantes selecionados, para que se possa aproveitar os alelos favoráveis que estão em indivíduos diferentes.

Uma das opções para ampliar a base genética e aumentar as chances de recombinação nos programas de melhoramento genético seria a sintetização de populações de ampla base genética e condução destas através de seleção recorrente. Com a seleção recorrente espera-se aumentar a frequência dos alelos favoráveis na população sem exaurir sua variabilidade genética.

Assim, as estimativas periódicas das variâncias genéticas e fenotípicas das populações sob seleção recorrente não só orientam os melhoristas na condução da seleção como avaliam o potencial genético dessa população, para futuros ciclos seletivos. Desse modo, foi desenvolvido este trabalho com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos de populações segregantes de arroz irrigado em dois ensaios, precoce e ciclo médio, em duas localidades do Estado de Minas Gerais.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Origem e Espécies Cultivadas

É preconizada a existência de dois centros de origem do arroz. O principal é o Sudoeste Asiático, onde a Índia teria sido o primeiro país a cultivá-lo, devido a abundância de espécies selvagens encontradas, provavelmente há mais de 10.000 anos; o segundo centro de origem ou secundário é a África (De Datta, 1981).

O gênero *Oryza* é composto de 28 espécies em todo mundo, sendo cultivadas apenas *Oryza sativa* L. e *Oryza glaberrima* Steud, esta última originária da África e está gradualmente sendo substituída pela *Oryza sativa* L. (González, 1985). Essa espécie é subdividida em dois grupos : Indica e Japônica. As cultivares tradicionais do tipo Índica são utilizadas nos trópicos e têm como características porte alto, robustas, folhosas, leve pubescência ou glabras, folhas de coloração verde clara, colmo fraco com tendência ao acamamento, grãos longos, estreitos, translúcidos e tende a dar um arroz cozido com grãos "soltos". Já as do tipo Japônica são cultivadas nas zonas temperadas, apresentam porte baixo, altamente produtivas, maior resposta a nitrogênio, folhas estreitas, verde-escuro e pilosas, grãos arredondados e aglutinam-se com o cozimento.

2.2 Melhoramento do Arroz Irrigado no Mundo

O melhoramento genético do arroz irrigado iniciou-se no começo do século XX na Ásia e foi baseado na seleção entre os materiais locais dos agricultores que foram selecionados para produtividade e qualidade de grãos. A seleção foi realizada visando a eliminação de material fora do padrão utilizado ou misturas. O próximo passo foi seleção massal em tais cultivares. Em seguida, tentou-se utilizar o método da hibridação para combinar fenótipos desejáveis em uma

mesma cultivar. Para isso foram feitas introduções de materiais de países e regiões vizinhas, que foram cruzados com os materiais locais. Os primeiros trabalhos foram realizados em uma única estação experimental com avaliação das famílias em experimentos sem repetição. Há informações que pesquisadores da Indonésia foram provavelmente os primeiros a realizar seleção de materiais híbridos numa estação experimental em Bogar e em cada uma das seis estações regionais em Java. Isto proporcionou uma evolução de cultivares adaptadas para toda Java e seus diferentes tipos de solo e clima (De Datta, 1981).

Na Índia, os trabalhos de melhoramento de arroz iniciaram em 1911 em “East Bengal” (hoje Bangladeste) e visavam obter cultivares com diferentes ciclos, alta produtividade, boa qualidade de grãos, tolerância a inundação, salinidade e seca, além de resistência ao acamamento e brusone (De Datta, 1981).

A produtividade do arroz ficou estagnada, por séculos, em 1,0 - 1,5 t/ha na maioria dos países asiáticos até o final da década de 1950. Segundo Jennings, Coffman e Kauffman (1981), isso ocorreu devido a utilização do método massal por vários anos, o que não resultou em ganhos significativos no aumento da produtividade de grãos em arroz. Somente no Japão ocorreram aumentos graduais de produção de $\pm 1,3$ t/ha a 900 anos a.c. para 2,5 t/ha no final do século XIX. Esses aumentos também foram evidentes no período de 1916 a 1966, onde o rendimento do arroz em casca aumentou de 3,7 t/ha para 5,0 t/ha. Isso porque, a partir de 1927, um esforço para o melhoramento do arroz foi organizado, com o objetivo de desenvolver cultivares adequadas a 12 regiões ecológicas. Além disso, durante 60 anos (1920-1980), foi dada maior ênfase para altos rendimentos com aplicação mais pesada de fertilizantes, resistência à brusone, problemas de solo, viroses, colmos curtos para resistência ao acamamento, alto perfilhamento, tolerância ao frio e qualidade de grão (De Datta, 1981).

O melhoramento genético do arroz nos Estados Unidos iniciou-se em 1909 e, desde então, foram desenvolvidas cultivares com maturação precoce, grãos longos, porte moderado e adaptadas à aplicação de altas doses de fertilizantes. É preciso salientar que, em 1970, somente 8,8% da área cultivada com arroz nos Estados Unidos utilizavam cultivares de grãos pequenos e 41,5 % utilizavam grãos médios. A área restante era plantada com cultivares que apresentavam grãos longos, tais como: Bluebelle, Della e Belle Patna (De Datta, 1981).

A época que caracteriza a hibridação “índica x japônica” com seus objetivos muito claramente definidos e planejamento sistemático, representa uma transição do melhoramento antigo para o moderno (De Datta, 1981). Isso porque, como já foi salientado, as cultivares do tipo

japônica apresentam várias características favoráveis, sendo ideal utilizá-las nos trópicos. Entretanto, a introdução direta das japônicas nos trópicos não foi favorecida por várias razões. Primeiro, a maioria das cultivares japônicas amadurecem muito cedo por causa do comprimento do dia e sensibilidade à temperatura, resultando no crescimento atrofiado e baixo rendimento. Em segundo lugar, populações da Ásia Tropical preferem grãos que propiciam uma boa qualidade de cozimento, como mostra as cultivares índicas. Em terceiro lugar, nas cultivares japônicas faltam a dormência desejada dos grãos para as cultivares tropicais que amadurecem no final da estação chuvosa (Yoshida, 1981). Com estas considerações ficou evidente a necessidade de proceder a hibridações entre materiais dos grupos japônicas e índicas.

Como resultado das recomendações da Comissão Internacional de Arroz (IRC), o programa de hibridação “índica x japônica” foi iniciado em 1951 sob a supervisão da FAO (Food and Agriculture Organization). Este projeto representou o primeiro esforço internacional para o melhoramento cooperativo do arroz em várias nações. Todos os países da Ásia Tropical participaram do projeto enviando sementes das melhores cultivares índicas para cruzarem com as japônicas. Nos Estados Unidos, o cruzamento “índica x japônica” conduziu a um grande número de cultivares comerciais no fim da década de trinta (De Datta, 1981).

Contudo, o avanço mais significativo no melhoramento genético do arroz nos anos recentes foi o descobrimento da importância e utilidade das cultivares semi-anãs chinesas: Dee-geo-woo-gen, I-geo-tze e Taichung Native 1. Elas portam o mesmo alelo recessivo do gene que reduz o comprimento dos internódios, produzindo plantas anãs sem contudo afetar as panículas e as espiguetas. O alelo da Dee-geo-woo-gen para o nanismo foi introduzido em um grande número de cultivares e linhas índicas melhoradas e mais recentemente nas japônicas (Jennings, Coffman e Kauffman, 1985). Entre essas hibridações, merece destaque a que envolve as cultivares Dee-geo-woo-gen e Tsai-yuan-chung que originou a linhagem Tainchung Native 1 (TN1) lançada em 1956. A TN1 respondia a altos níveis de N permitindo a obtenção de produtividade de até 8,1 t/ha que era bem acima da obtida na época. Desta forma, a TN1 foi considerada a primeira cultivar índica de alta produtividade e seu desenvolvimento foi considerado um dos eventos mais significativos na história do melhoramento genético do arroz. Isto mostrou também ser possível aumentar o potencial de rendimento do arroz índica através do melhoramento realizado apenas dentro grupo. Assim, surgiu um novo caminho para o melhoramento do arroz tropical (Yoshida, 1981).

O Institute Research Rice International (IRRI), criado em 1960 pela fundação FORD e ROCKFELLER em cooperação com o governo Filipino, começou em 1962 um programa de

melhoramento, com ênfase à resposta crescente a níveis de N, resistência a doenças e a insetos, insensibilidade ao fotoperíodo, dormência de grãos, alto rendimento de beneficiamento, qualidade de grãos, lenta senescência de folhas e tolerância a baixas temperaturas. Um dos cruzamentos realizados foi o da Dee-geo-woo-gen com Peta. Esta, originária da Indonésia e popularmente conhecida na Filipinas, sendo uma cultivar alta e de elevado perfilhamento. Deste cruzamento foi selecionada e lançada em 1966 a cultivar IR 8 que possui folha ereta, alto perfilhamento, insensibilidade ao fotoperíodo, semi-anã e colmos rígidos. Como principal característica, destaca-se o seu grande potencial produtivo devido a possibilidade do emprego de altas doses de N sem que ocorra o acamamento da planta. Essa linhagem foi considerada a primeira cultivar de arroz indica altamente produtiva adaptada a climas tropicais. Seu impacto foi elegantemente descrito como: Arroz anã - um gigante na Ásia Tropical. Tornou-se conhecida como "O arroz milagroso" (Yoshida, 1981).

A Dee-geo-woo-gen foi utilizada como uma fonte genética de estatura semi-anã para ambas cultivares IR 8 e TN1. Sua utilidade é comparada a da NORIN 10 para o trigo Mexicano (Ambas são originadas da Ásia).

Outras cultivares seguiram a IR 8 como a IR 5, IR 20, IR 22 e IR 24. Estas tiveram progressivamente período de cultivo mais curto e uma melhor resposta ao bom manejo. A difusão de tais cultivares altamente produtivas e de ciclo curto encorajaram os agricultores a realizarem dois a três cultivos por ano sob irrigação, com aplicação pesada de nitrogênio. Esta tecnologia trouxe muitos grãos para o mercado e, em consequência do cultivo contínuo, os problemas com doenças e pragas foram incrementados. Por isso, os pesquisadores do IRRI deram maior ênfase a obtenção de cultivares resistentes a insetos e doenças. Como fruto desse trabalho, foi obtida, entre outras, a linhagem IR 36 cultivada em mais de 10 milhões de hectares no mundo. Ela era resistente a quatro das principais doenças e também às pragas mais prevalentes no arroz. Ademais, desenvolvia em uma grande gama de ambientes, era tolerante a várias condições adversas de solo, aliada a uma boa qualidade dos grãos e precoce, pois amadurecia em 110 dias. Entre seus ancestrais estão a IR 8 e TN 1 e uma espécie selvagem da Índia. Daí por diante, muitas cultivares espalharam-se pelo mundo todo para uso direto ou como progenitores em programas de melhoramento genético do arroz.

O melhoramento genético de arroz se estendeu também até América do Sul, especialmente na Colômbia, com cooperação do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) e o Instituto Colombiano Agropecuário (ICA). O programa desenvolveu cultivares superiores com

alto potencial produtivo, melhorando o tipo de planta, sementes com alto vigor, estatura semi-anã e folhas eretas, maturação precoce (90-120 dias), resistente a brusone e a ferrugem da bainha e boa qualidade de grãos para cozimento (De Datta, 1981). Desse programa surgiram as cultivares CICA - 4, desenvolvida através da população segregante IR 930-31-1-1b, resistente a folha branca (hoja blanca) e altamente resistente ao vetor *Sogatodes*, a cultivar IR 22 e a cultivar CICA - 9. Esta última, lançada em 1976, foi utilizada não somente no cultivo de arroz irrigado na Colômbia, mas também como arroz de sequeiro na Costa Rica e Panamá e apresentava alto potencial de produção e maior resistência a doenças (De Datta, 1981).

2.3 Melhoramento Genético do Arroz Irrigado no Brasil

comparação e seleção

Os portugueses introduziram o arroz na África Ocidental e na parte sul da África Oriental e só no começo do século XVIII, por volta de 1745, é que foi introduzido no Brasil, mais exatamente no Maranhão. As primeiras informações sobre área cultivada datam de 1792, mas somente em 1908 foi encarado sob bases científicas (Souza et al. 1986).

A cultura do arroz com sistema de irrigação por inundação contínua teve início no Rio Grande do Sul em 1903, utilizando cultivares dos Estados Unidos e Itália, ambas de grãos longos. A partir de 1918 foi fundada a Estação Experimental do Arroz (EEA), pertencente ao Instituto Riograndense do Arroz (IRGA), onde eram realizados trabalhos de seleção aproveitando variações em alguns caracteres observados no material introduzido, visando a obtenção de novas cultivares (Pedroso, 1982).

Em 1961, a Estação Experimental do Arroz lançou uma nova cultivar, EEA-404, obtida através de hibridação controlada. Essa cultivar teve uma rápida difusão por ter boa capacidade produtiva, resistência a brusone e boa aceitação dos grãos pelos consumidores, sendo até hoje uma das mais cultivadas entre as cultivares tradicionais. Posteriormente, outras cultivares foram obtidas através de hibridação, dentre elas: EEA - 304, EEA - 406, EEA - 405, EEA - 201. Esta última foi a primeira cultivar de grãos curtos (Pedroso, 1982).

A partir do início da década de setenta, devido a utilização intensiva de práticas culturais, como aplainamento do solo, adubação racional e utilização de defensivos químicos no controle de plantas daninhas, pragas e doenças, a lavoura arrozeira do Rio Grande do Sul tornou-se exigente em relação as cultivares. Daí a introdução de novas cultivares de procedência norte-americana. Essas cultivares, apesar de exigirem um melhor manejo, tinham como vantagens a redução das

perdas por acamamento, maior resposta em produção de grãos e adição de fertilizantes, e maior valor comercial dos grãos. Nesta mesma época, foram introduzidas do CIAT as cultivares Cica 4, Cica 8, e Cica 9, IRGA-408, BR/IRGA-409 e BR/IRGA-410. A primeira cultivar introduzida foi a Cica-4, a qual serviu principalmente como precursora de uma nova concepção em termos de arroz irrigado no Estado (Pedroso, 1982).

O Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) teve também papel muito importante no desenvolvimento do melhoramento genético do arroz irrigado no Brasil. À semelhança do EEA, procedeu-se a introdução de vários materiais dos Estados Unidos e posteriormente promoveu cruzamentos de cultivares locais e introduzidas. A IAC 120 e IAC 435 foram as principais cultivares do tipo tradicional lançadas para o sistema irrigado (Cutrim, 1994).

Na década de setenta, o IAC, assim como a EEA, começou a utilizar as cultivares do tipo moderno todavia, ao contrário da EEA, concentrou suas atividades na introdução de linhagens provenientes do IRRI (International Rice Research Institute).

Com o objetivo de impulsionar e coordenar a pesquisa com a cultura de arroz no Brasil, em 1974 foi criado pela EMBRAPA o Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão (CNPAP) em Goiânia, Goiás. O CNPAP começou seu trabalho com arroz em 1976. Os dois primeiros anos foram dedicados a coleta nacional e internacional de germoplasma. A partir daí foram realizados os primeiros cruzamentos e avaliação das populações segregantes (Guimarães & Moraes, 1987).

As comissões técnicas regionais de avaliação foram organizadas em 1983. Essas comissões foram constituídas por 35 instituições, envolvendo institutos e empresas estaduais de pesquisa, universidades, centros nacionais e estações experimentais, sob a coordenação do CNPAP. Foram denominadas de CTArroz I (região Sul), CTArroz II (regiões Centro-Oeste e Sudeste) e CTArroz III (regiões Norte e Nordeste). As comissões têm como função coordenar o processo de avaliação de cultivares e linhagens de arroz criadas pelos diferentes programas de melhoramento nacional ou internacional, definindo estratégias, critérios e opinando sobre a conveniência de lançamento de cultivares (Cutrim, 1994).

A história do melhoramento genético do arroz em Minas Gerais concentra-se, basicamente, na Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), criada em 1974. Até então, alguns trabalhos comparativos entre cultivares e linhagens de arroz foram conduzidos em Minas Gerais, principalmente pelo extinto Instituto de Pesquisa Agropecuária do Centro-Oeste (IPEACO) e pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), sendo recomendadas naquela época as

cultivares IAC 435 e IAC 120, para lavouras em várzeas irrigadas ou em baixadas úmidas (Soares & Soares, 1984).

O programa de melhoramento de arroz irrigado da EPAMIG é desenvolvido em integração com a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Universidade Federal de Lavras (UFLA) e Universidade Federal de Viçosa (UFV) e tem como objetivo selecionar cultivares adaptadas às várzeas de Minas Gerais e que possibilite a utilização de alta tecnologia. Desde então, a pesquisa não tem medido esforços na obtenção de cultivares superiores e, como resultado desse trabalho, foram lançadas várias cultivares tais como: Inca, MG1, MG2, Sapucaí e Capivari, que, além de possuírem alto potencial produtivo, tem grãos da classe longo fino ("agulhinha") e são tolerantes às principais doenças e ao acamamento (Soares & Ramalho, 1994).

Os referidos autores quantificaram os avanços genéticos obtidos pelo programa de melhoramento de arroz irrigado da EPAMIG e verificaram que do ano agrícola de 1974/75 a 1992/93, o ganho genético médio anual foi de 5,2 %. Esse ganho foi expressivo quando comparado com outras culturas, mas deveu-se principalmente ao ganho obtido no ano agrícola de 1977/78 quando um grupo de materiais pouco produtivos como a Bluebelle, a Chorinho, a Amarelão IAO, a De Abril e a Belle Patna foram substituídas por um grupo de genótipos com alto potencial para produção de grãos, como a BG 90-2, a Inca e a IAC 899.

2.4 Uso da Seleção Recorrente no Melhoramento Genético do Arroz

O elevado progresso genético para rendimento de grãos obtido no Brasil na década de setenta não se manteve na década seguinte. As diferenças entre rendimento das progênes elites e as melhores testemunhas não foram significativas. Uma das causas, possivelmente, foi o estreitamento da base genética das cultivares utilizadas nos cruzamentos. Quando o acervo de genes é pequeno, a diversidade genética se reduz e, em consequência, a possibilidade de que o melhorista obtenha um incremento no rendimento de grãos é muito baixa; logo, o risco de vulnerabilidade genética é muito alto (Rangel, Zimmermann e Neves, 1992).

Visando tornar o programa de melhoramento genético do arroz irrigado mais dinâmico, para que seja criada uma maior variabilidade genética nas populações, o CNPAF iniciou um programa de seleção recorrente (SR) cuja técnica visa aumentar a frequência dos alelos favoráveis das populações, mediante a aplicação cíclica de seleção e intercruzamento (Ikehashi & Fujimaki, 1990). Com a SR, o melhorista almeja que os grupos de ligação sejam rearranjados

continuamente, sem a necessidade de grandes populações segregantes, porque as possibilidades de recombinação dos caracteres aumentam nos intercruzamentos que ocorrem depois de cada ciclo de seleção e envolve um grande número de progenitores para formar a população básica e portanto aumenta a variabilidade genética disponível no cultivo (Doggett, 1992 citado por Rangel, 1992). O uso da SR no melhoramento do arroz foi facilitado com a descoberta de um alelo recessivo que confere a esterilidade masculina (ms). A introdução desse alelo nas populações, proporciona um alto índice de recombinação de maneira simples e econômica. Assim, colhendo-se somente as sementes produzidas pelas plantas macho-estéreis, assegura-se a obtenção de sementes oriundas de cruzamentos com as plantas férteis da população e a conservação do alelo ms na mesma (Taillebois & Guimarães, 1987).

O método da seleção recorrente possui basicamente três etapas: a primeira é a formação da população base, que constitui-se em um dos principais pontos a ser considerado ao se conduzir um trabalho de seleção recorrente, pois é ela que determina o sucesso ou fracasso do método (Rangel e Neves, 1995). A população base deve ser formada por pais que tenham o melhor comportamento possível para os caracteres a serem melhorados e que representem diferentes ancestrais para que se possa maximizar a divergência genética (Fehr, 1987). A segunda etapa seria a avaliação e seleção das famílias, onde dois aspectos são fundamentais para maximizar o sucesso com a seleção: a) amostragem de um número adequado de indivíduos que representem a variabilidade da população; b) ensaios de avaliação adequados que permitam identificar as diferenças genéticas entre os indivíduos analisados (Rangel e Neves, 1995). A terceira etapa ocorre com a recombinação das famílias selecionadas formando uma nova população, a partir da qual pode-se iniciar outro ciclo de seleção para posterior recombinação e assim por diante.

2.4.1 Sintetização da População Base

A metodologia empregada pelo CNPAF para o desenvolvimento das populações base de arroz irrigado utiliza como fonte de macho esterilidade genética, um mutante da cultivar IR 36, obtido através de mutagênico químico. Este mutante carrega um alelo recessivo (ms) que, em homozigose, induz a esterilidade dos grãos de pólen. Utiliza-se também como fonte de macho esterilidade as plantas macho-estéreis de uma população já criada (Rangel e Neves, 1995).

O processo de sintetização caracteriza-se por uma série de cruzamentos manuais entre os progenitores e a fonte do alelo ms, seguidos de retrocruzamentos. Os retrocruzamentos são necessários para recuperar o conjunto gênico dos progenitores e permitir que todos os citoplasmas estejam presentes na população.

Após esta fase, ter-se-ão progênies férteis, com genótipos homozigóticos ou heterozigóticos. É preciso então, uma geração de autofecundação para que as plantas com alelos de macho-esterilidade possam se expressar. Estes fenótipos, que são facilmente identificáveis durante a floração, são necessários para a recombinação no campo.

As sementes obtidas das autofecundações são misturadas para compor a nova população. O plantio destas sementes no campo permitirá a polinização cruzada das plantas macho-estéreis pelas férteis, o que caracterizará o primeiro ciclo de recombinação. Após três recombinações, considera-se, então, sintetizada a nova população, cuja composição final é estabelecida em função da participação percentual de cada progenitor utilizado.

Segundo Rangel (1992), foram sintetizadas pelo CNPAF/EMBRAPA, quatro populações:

a) CNA-IRAT 4 - Sintetizada através do intercruzamento de 10 cultivares/linhagens do grupo indica. Para tanto, nove cultivares foram utilizadas como parentais masculinos em cruzamento com a IR 36. Indivíduos F_1 's foram retrocruzados, como parentais masculino, com as cultivares, de modo a ter todos os nove citoplasmas representados na população. As sementes F_2 das plantas heterozigotas foram misturadas formando a população CNA-IRAT 4/0/0. Esta população sofreu três recombinações que originaram a população CNA-IRAT 4/0/3. Posteriormente, a população sofreu uma seleção massal, obtendo-se 100 famílias $S_{0:1}$ das quais foram escolhidas 15 e selecionadas 10 plantas/família. As plantas selecionadas foram intercruzadas, originando a população CNA-IRAT 4/1/1. Desta população foram extraídas as populações precoce (CNA-IRAT 4PR) e de ciclo médio (CNA-IRAT 4ME).

b) CNA-IRAT P - Sintetizada através do intercruzamento de plantas macho-estéreis da população de arroz de sequeiro (grupo japônica) CNA-IRAT 5/0/2 com 15 cultivares/linhagens de arroz irrigado (grupo indica). As sementes F_2 foram misturadas para formar a CNA-IRAT P/0/0 que sofreu duas recombinações originando a CNA-IRAT P/0/2.

c) CNA 1 - Sintetizada a partir de 70 plantas macho-férteis precoces colhidas na população CNA-IRAT 4/0/5. Sementes em quantidades iguais de cada planta foram misturadas constituindo a população. Nessa população, foi feita a introgressão de genes de três novos genótipos, sendo duas fontes de precocidade (Javaé e CNA 6860) e uma fonte de qualidade de grãos (Bluebelle). Posteriormente, a população foi recombinação originando a CNA 1.

d) CNA 5 - Sintetizada a partir de componentes da população CNA 1, das cultivares comerciais Metica 1, BR-IRGA 409 e CICA 8, das fontes de resistência múltipla a brusone e mancha de grãos da IRI 342 e Basmati 370 e das cultivares tradicionais de arroz de várzea De Abril, Paga Dívida, Quebra Cacho e Brejeiro. A seleção das cultivares tradicionais foi feita através de estudos de divergências genéticas, utilizando-se técnicas multivariadas, entre 72 cultivares tradicionais de arroz de várzea úmida analisadas (Rangel e Neves, 1995).

2.4.2 Avaliação das Populações ou Famílias Segregantes

No melhoramento de populações de arroz irrigado, o CNPAF tem empregado o método de seleção recorrente em famílias $S_{0:2}$ (Rangel, 1992), cujo esquema é mostrado na Figura 1. As etapas do processo são as seguintes:

a) Ano 1 (safra) - Obtenção das famílias. As populações originais segregando 50% de plantas macho-férteis (Msms) para 50% de plantas macho-estéreis (msms), são semeadas para seleção de plantas $S_{0:1}$ macho-férteis. São colhidas cerca de 250 plantas por população.

b) Ano 1 (entressafra) - Multiplicação das famílias. Parte das sementes $S_{0:1}$ são armazenadas e parte são plantadas com o objetivo de aumentar a quantidade de sementes para os ensaios de avaliação de rendimento. Simultaneamente com a multiplicação é feita a seleção das 200 melhores famílias considerando-se principalmente resistência às doenças e tipo de grão. Sementes das plantas de cada família são colhidas em "bulk" constituindo as famílias $S_{0:2}$. As famílias $S_{0:1}$ segregam na proporção de 75 % de plantas macho-férteis (Ms_) para 25 % de plantas macho-estéreis (msms).

c) Ano 2 (safra) - Avaliação das famílias $S_{0:2}$. As 200 famílias $S_{0:2}$ são avaliadas em ensaios cujo delineamento experimental são os Blocos Aumentados de Federer. A parcela é constituída de três sulcos de 5 m de comprimento. A seleção das famílias superiores é feita baseando-se na produtividade média, resistência às doenças e tipo de grão. A intensidade de seleção utilizada é de 25 % garantindo um tamanho efetivo de $N_e = 50$. Os ensaios são conduzidos nas regiões I, II e III. As famílias $S_{0:2}$ selecionadas em cada local são utilizadas para extração de linhagens para aquele local específico. Das famílias superiores nos vários locais dentro de cada região são misturadas sementes remanescentes $S_{0:1}$ em quantidades iguais para recombinação.

d) Ano 2 (entressafra) - Recombinação das famílias selecionadas. A recombinação é feita utilizando-se 2400 plantas oriundas das sementes remanescentes $S_{0:1}$ que são misturadas e semeadas em lote isolado. Para se ter um bom nível de recombinação, as plantas são transplantadas em três épocas (800 plantas/época) espaçadas uma da outra de sete dias. Na floração as plantas macho-estéreis são identificadas e na maturação as sementes destas plantas são colhidas individualmente. Quantidades iguais de sementes de cada planta macho-estéril são misturadas para formar a população de ciclo 1.

A frequência de plantas macho-estéreis nas famílias é de grande importância para que se tenha uma boa recombinação. Assim, ao se recombinar famílias $S_{0:1}$, tem-se uma proporção de três plantas macho-férteis para uma macho-estéril, o que fornece no campo uma boa frequência de plantas estéreis. A recombinação de famílias em gerações de autofecundação mais avançada, por exemplo $S_{0:2}$, acarretará em uma redução da frequência de plantas estéreis, o que poderá prejudicar a recombinação. Além do mais, o número de indivíduos necessários para representar esta geração é menor, pois existe uma maior variabilidade na geração $S_{0:1}$.

e) Ano 3 (safra) - Início de novo ciclo de seleção. A população de ciclo 1 é plantada para seleção de plantas macho-férteis. Inicia-se o próximo ciclo de seleção que é conduzido da mesma maneira do itens a), b), c), e d) descritos acima.

Com este esquema, cada ciclo é completado em dois anos.

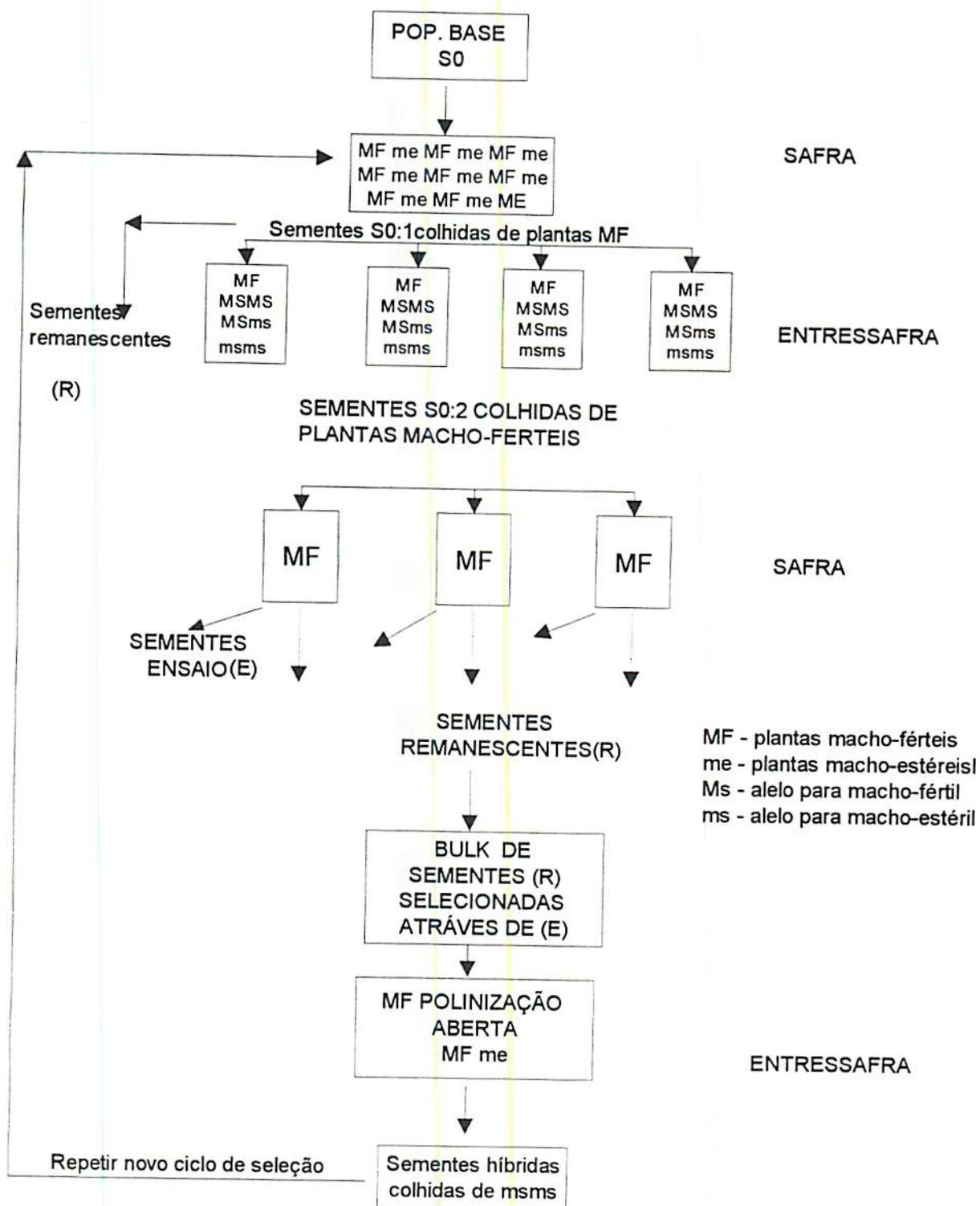


FIGURA 1 - Esquema do método de seleção recorrente utilizado pelo Centro Nacional de Pesquisas em Arroz e Feijão - CNPAF, para avaliação de famílias S_{0.2}.

2.4.3 Obtenção de Linhagens

Simultaneamente com o melhoramento da população, inicia-se o processo de extração de linhagens. Baseando-se nos ensaios de avaliação de famílias $S_{0:2}$ que constitui em um teste precoce em gerações segregantes, seleciona-se as famílias que possuem maiores chances de fornecer linhagens superiores, principalmente para rendimento de grãos. As famílias são conduzidas até $S_{0:7}$ pelo método genealógico. Os passos para extração de linhagens em população segregando para um gene de macho-esterilidade são os seguintes:

- a) Ano 1 (safra) - Seleção de plantas macho-férteis. As famílias $S_{0:2}$ colhidas em bulk no ensaio de avaliação são plantadas em lote não isolado para seleção de plantas macho-férteis.
- b) Ano 1 (entressafra) - Eliminação do gene de macho-esterilidade e avanço de geração. As sementes das plantas macho-férteis cuja constituição genética para o gene de macho-esterilidade é MsMs e Msms, são plantadas na entressafra mantendo a estrutura de família, ou seja, cada planta constitui uma família $S_{0:4}$. As famílias segregando para o gene de macho-esterilidade são eliminadas. As famílias que não possuem este gene são colhidas individualmente em bulk.
- c) Ano 2 (safra) - Seleção. As famílias $S_{0:5}$ são submetidas a uma seleção entre e dentro de famílias.
- d) Ano 2 - (entressafra) - Avanço de geração. As famílias $S_{0:6}$ são avançadas para $S_{0:7}$ e simultaneamente multiplica-se sementes para os ensaios de avaliação.
- e) ano 3 - (safra) - Avaliação das linhagens. A avaliação das linhagens para rendimento e outras características agronômicas é feita através das Comissões Técnicas Regionais de arroz dentro da Rede Nacional de Avaliação de Arroz Irrigado (RENAI).

2.5 Estimativa de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos é uma informação útil para ajudar os melhoristas na tomada de decisões. Ela auxilia na escolha dos parentais, no modo de condução das populações segregantes e no efeito da seleção entre outros caracteres que não aqueles sob seleção. No caso da cultura do arroz, estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos ainda são incipientes se comparados a outras espécies, principalmente o milho, mas, mesmo assim, já existem resultados que possibilitam fazer algumas inferências.

Existem várias metodologias que podem ser utilizadas na estimativa dos parâmetros genéticos. Uma das mais utilizadas, inclusive na cultura do arroz, são os cruzamentos dialélicos (Lopes, 1984). Pode-se utilizar de delineamentos especiais (Comstock & Robinson, 1952) que permite estimar a variância genética e os seus componentes. É comum também aproveitar os experimentos de melhoramento onde as famílias de diferentes gerações são avaliadas (Nei, 1960; Morais, 1992). Nesses experimentos é possível estimar a variância fenotípica, genética e ambiental. Se forem usadas famílias de gerações diferentes ou o método genealógico, é possível também estimar os componentes da variação genética, que é composta de (Souza Júnior, 1989):

$$\sigma_G^2 = (1 + F)\sigma_A^2 + (1 - F)\sigma_D^2 + 4FD_1 + FD_2 + F(1 - F)\tilde{H}$$

σ_A^2 : variância aditiva, associada aos efeitos médios dos genes;

σ_D^2 : variância genética devida aos efeitos de dominância, isto é, associada aos efeitos de interação intra-alélicas;

D_1 : covariância genética entre os efeitos médios dos genes e os efeitos de dominância dos homozigotos;

D_2 : variância genética associada aos efeitos de dominância dos homozigoto;

\tilde{H} : quadrado da depressão pela endogamia.

F: coeficiente de endogamia

Os parâmetros D_1 , D_2 e \tilde{H} são em função da endogamia, isto é, dependem da probabilidade da existência de indivíduos endogâmicos na população. Dos cinco parâmetros relacionados, somente D_1 pode ser negativo uma vez que é uma covariância entre os efeitos

aditivos e de dominância dos homozigotos. Para o caso de um loco com dois alelos, D_1 é negativo para $p < 0,5$ e \tilde{H} é igual a σ_D^2 .

É importante salientar que para as populações oriundas de cruzamentos entre apenas duas linhagens completamente endogâmicas ($F=1,0$), onde as frequências dos alelos segregantes são 0,5, isto é, $p=q=0,5$, tem-se segundo Souza Júnior (1989):

$$D_1 = D_2 = 0$$

$$\tilde{H} = \sigma_D^2$$

$$\sigma_G^2 = (1 + F)\sigma_A^2 + (1 - F^2)\sigma_D^2$$

Para populações não endogâmicas:

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

Morais (1992) avaliou o potencial de uma população de arroz irrigado, utilizando as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, onde foram obtidas as estimativas de σ_A^2 , σ_D^2 , D_1 , D_2 e \tilde{H} . Para duas características, produção de grãos e número de panículas por planta, a variância devido a dominância mostrou-se, juntamente com a variância aditiva, importante como componente de variância genética. Quanto as demais características, altura de planta, comprimento de panícula e peso de 100 grãos, a variância genética observada era explicada pelo modelo contendo apenas variância genética aditiva (σ_A^2). Caf. 3

Poucos são os trabalhos feitos no Brasil usando cruzamentos dialélicos na cultura do arroz, podendo citar Lopes (1984) que estudou a natureza e a magnitude dos parâmetros genéticos dos componentes de rendimento de grãos em arroz, em dois ambientes (seco e úmido). A análise dialélica mostrou que a variância genética de cada característica, número de panículas por planta, número de espiguetas por panícula, percentagem de grãos cheios e peso de mil grãos, foi devida aos efeitos aditivos e de dominância. Entretanto, a componente aditiva foi maior que a componente de dominância, sugerindo que a média de cada cultivar é uma boa indicação do seu potencial, como paternal, num programa de melhoramento. Caf. 3

Como a estimativa da variância genética não possibilita comparações entre materiais genéticos, uma outra estimativa que tem sido bastante utilizada pelos melhoristas é o coeficiente de herdabilidade (h^2). Esta estimativa permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que ela reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

A herdabilidade pode ser expressa no sentido amplo (h^2_a), e no sentido restrito (h^2_r), sendo que a primeira tem como numerador a variância genética total e a segunda, apenas a variância aditiva. Desta forma, a herdabilidade no sentido restrito reflete a proporção da variação total presente que é herdável. Ela é importante para se predizer o ganho esperado com a seleção; assim, a unidade deve ser aquela em que a seleção será praticada. Se a seleção for entre médias de progênies, a estimativa de h^2 deve ser ao nível de médias, contudo, se for realizada uma seleção de indivíduos dentro das progênies, isto é, uma seleção massal, utiliza-se a herdabilidade ao nível de indivíduos (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

São apresentadas na Tabela 1 algumas estimativas de h^2 para os principais caracteres da cultura do arroz. Pode ser observado que existe uma ampla variação para as estimativas obtidas, mesmo para um dado caráter. Esta variação é em função das condições ambientais em que as estimativas foram obtidas, da variabilidade genética presente nos materiais utilizados em cada caso e também do método usado na obtenção da estimativa. Analisando as estimativas de herdabilidade para produção de grãos, observa-se que houve variação, onde são encontrados valores altos, mesmo sendo um caráter controlado por vários genes. Portanto, existe a possibilidade de sucesso com a seleção. O mesmo pode-se dizer para o caráter altura de plantas onde as estimativas foram altas. Para os demais caracteres, de uma forma geral, pode-se inferir que seus valores foram de médio a alto, o que significa a possibilidade de obter sucesso com a seleção.

Além da herdabilidade, as estimativas de correlações que medem o grau de associação entre dois ou mais caracteres são também de grande importância nos programas de melhoramento, pois há preocupação em aprimorar o material, não para uma característica isolada, mas para um conjunto de caracteres simultaneamente (Vencovsky e Barriga, 1992). É também de interesse, saber quais as trocas que ocorrem em um caráter quando a seleção é aplicada em outro.

TABELA 1 - Estimativas de herdabilidade (%) para alguns caracteres da cultura do arroz, obtidas por diferentes métodos e populações.

MÉTODO UTILIZADO	P R O	A L T	N D F	C P	N P P	N E P	P G C	P M G	P C G	I M P	I B P	FONTE
Componente de Variância (h^2_a)	51,9 a 54,8	--	48,93 a 59,31	--	--	--	--	--	--	19,80 a 47,57	36,30 a 52,68	Rangel, Zimmermann, e Neves (1995)
Famílias de MI (h^2_i)	27,85	70,28	--	60,95	17,25	--	--	--	64,53	--	--	Morais (1992)
Famílias de IS (h^2_i)	68,73	95,10	--	87,18	47,30	--	--	--	95,52	--	--	Morais (1992)
Dialelo Circulante	24,0	62,9	--	25,2	44,3	--	--	--	54,9	--	--	Morais, Castro e Sant'Ana (1995)
Dialelo (h^2_i)	--	--	--	--	41,54 a 60,26	61,18 a 66,56	32,60 a 62,92	70,95 a 75,31	--	--	--	Lopes (1984)
Componente de Variância (h^2_a)	--	--	86,56 a 91,61	71,07 a 82,46	56,16 a 72,72	--	--	--	--	--	--	Nei (1960)
Componente de Variância (h^2_a)	--	--	93,54 a 95,27	63,31 a 73,65	35,20 a 37,25	--	--	--	--	--	--	Nei (1960)
Componente de Variância (h^2_i)	69,0 a 85,0	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	Vieira (1995)

PRO - produção; ALT - altura; NDF - nº de dias para florescimento; CP - comprimento de panícula; NPP - nº de panículas/planta; NEP - nº de espiguetas/panícula; PGC - peso de grãos cheios; PMG - peso de mil grãos, PCG - peso de cem grãos; IMP - incidência de mancha parda; IBP - incidência de brusone do pescoço.

Falconer (1987) distingue duas causas básicas de correlação entre caracteres: genética e ambiental. A pleiotropia, que é a propriedade de um gene controlar dois ou mais caracteres, é a responsável pela correlação genética permanente entre os caracteres. Já a ligação gênica, pode ser responsável pela ocorrência de correlação entre caracteres, porém essa correlação é transitória, isto é, ela desaparece quando a população atinge a condição de equilíbrio para os genes que afetam as duas características.

A correlação ambiental mede o grau de associação entre caracteres devido a fatores ambientais. Ela ocorre sempre que dois ou mais caracteres forem influenciados pelos mesmos fatores ambientais. Será positiva quando o efeito ambiental atuar na mesma direção em ambos os caracteres e negativa em caso contrário. As correlações genéticas e de ambiente, muitas vezes, diferem em magnitude e, algumas vezes, em sinal. A diferença em sinal entre as duas correlações indica que as causas genéticas e de ambiente afetam os caracteres através de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer, 1987).

A importância da correlação genética na seleção simultânea para mais de um caráter é salientada por Chandraratna (1964), citado por Soares (1987). Esse mesmo autor afirma que o sinal e a magnitude dessa correlação determinam a direção e a intensidade da resposta correlacionada.

Nei (1960), trabalhando com duas populações obtidas de cruzamentos biparentais, mostrou que na população 1 houve um decréscimo da correlação genética à medida em que avançavam as gerações, enquanto na população 2 nenhuma tendência foi encontrada. Isto porque nesta população as correlações genéticas foram menores para quase todos os pares de caracteres e essa tendência foi mascarada pelo erro amostral. Na população 1 foi encontrada uma alta correlação entre número de dias para florescimento, comprimento de colmo e comprimento de panículas ao menos nas gerações iniciais, mas estes caracteres não apresentaram nenhuma correlação na população 2.

Correlações entre produção de grãos e outros 10 caracteres, em 24 cultivares e linhagens de arroz, foram estudadas por Sindhu (1973), o qual obteve correlações positivas de produção de grãos com número de perfilhos, comprimento de panícula, número de espiguetas por panícula e peso de 100 grãos. Não havendo associações antagônicas entre os caracteres, o autor conclui que se poderia melhorar linearmente a produtividade pela seleção individual ou simultânea desses caracteres.

Saini e Gagneja (1975) investigando também as associações existentes entre o rendimento e alguns caracteres de importância econômica, em trabalho envolvendo 40 cultivares semi-anãs de arroz, observaram que a produção de grãos apresentou-se positivamente correlacionada com altura de planta, dias para emissão da panícula, comprimento de panícula e número de espiguetas por panícula. Em outro trabalho foram observadas também correlações positivas entre produção e brusone do pescoço e produção e mancha parda (Rangel, Zimmermann e Neves, 1995). Estes autores também encontraram altas correlações negativas entre florescimento com incidência de brusone do pescoço e com incidência de mancha parda em duas populações de arroz irrigado. Estes resultados mostram que o melhoramento no sentido de menor ciclo e maior resistência a estas doenças pode ser prejudicado. As altas correlações positivas entre brusone do pescoço e mancha parda evidenciaram que pode-se obter resistência simultânea para estas duas doenças nas populações em estudo.

A interação genótipos por ambientes assume papel fundamental na manifestação fenotípica de um determinado caráter. Ela ocorre porque o desempenho dos genótipos não é consistente nos vários ambientes, isto é, reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos às mudanças do ambiente. É um fenômeno amplamente disseminado entre as plantas e animais, sendo o principal complicador do trabalho dos melhoristas, exigindo que o melhoramento seja conduzido nas condições em que o genótipo será utilizado (Ramalho, Santos e Pinto, 1989).

As causas da interação tem sido atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada genótipo cultivado. Como os genótipos se desenvolvem em sistemas dinâmicos em que ocorrem constantes mudanças, desde a semeadura até a maturação, há geralmente um comportamento diferenciado dos mesmos em termos de resposta às variações ambientais.

Quando os genótipos são avaliados em mais de um ambiente, há possibilidade de identificar a interação genótipo por ambientes. Um problema que ocorre quando os genótipos não são avaliados nos ambientes representativos da região para onde se quer fazer a seleção, é que as estimativas da variância genética podem não representar o seu verdadeiro valor, ou seja, podem conter componentes da interação de genótipos por ambiente, e isto é ainda mais acentuado quando a avaliação é realizada somente em um ambiente. Portanto, as estimativas da variância genética podem ser afetadas pelas interações de genótipos por ambientes, constituindo-se em uma das causas dos erros associados a ela, superestimando os seus valores (Takeda, 1990).



A avaliação da interação genótipos x ambientes torna-se de grande importância no melhoramento, pois, no caso de sua existência, há possibilidades de o melhor genótipo em um ambiente não o ser em outro. Este fato influencia o ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade. Pela importância desta interação, cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e, ou, seu aproveitamento (Cruz e Regazzi, 1994).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material Avaliado

Utilizaram-se famílias fornecidas pelo Centro Nacional de Pesquisa em Arroz e Feijão (CNPAF), extraídas das populações CNA - IRAT 4PR/1/1 (precoce) e CNA-IRAT 4ME/1/1 (ciclo médio), que originaram-se da população CNA-IRAT 4/0/3 (Taillebois e Neves, 1989). Os algarismos correspondem, respectivamente, ao número da população, número de ciclos de seleção e número de recombinação. As linhagens e cultivares que participaram da formação dessa população encontram-se na Tabela 2. Na obtenção das famílias, as populações foram conduzidas de acordo com a metodologia preconizada por Rangel (1992).

TABELA 2 - Linhagens e cultivares com suas respectivas participações relativa na formação da população CNA-IRAT 4/0/3.

Cultivares/linhagens	Participação relativa
BG 90-2	8,33
CNA 7	8,33
CNA 3815	8,33
CNA 3848	8,33
CNA 3887	8,33
Colômbia 1	8,33
Eloni	8,33
Nanicão	8,33
Upr 103.80.1.2	8,33
IR 36 (msms)	25,00

3.2 Localização, Instalação e Condução do Experimento

Testaram-se 99 famílias da geração $S_{0:2}$ de ciclo médio e a testemunha CICA 8, e 99 famílias de ciclo precoce da geração $S_{0:2}$ e a testemunha BR-IRGA 409, na Fazenda Experimental da EPAMIG, localizada no município de Lambari-MG, no ano agrícola de 1992/93. As sementes destas famílias foram colhidas em “bulk” e deram origem às famílias da geração $S_{0:3}$, que foram novamente avaliadas no ano agrícola seguinte, em Lambari-MG e Cambuquira-MG, ambas localizadas no Sul de Minas. Lambari está situada a uma altitude de 845 m, latitude $21^{\circ}58' S$ e longitude $45^{\circ}23' W$ e Cambuquira a 900 m de altitude, latitude de $21^{\circ} 51' S$ e longitude de $45^{\circ} 17' N$.

Para todos os experimentos, utilizou-se o delineamento em látice 10×10 , com três repetições. Cada parcela foi constituída de uma linha de dois metros de comprimento, sendo que o espaçamento entre elas foi de 0,30m. O plantio foi realizado por semeadura direta utilizando-se 400 sementes/m².

O preparo do solo constou de uma aração e gradagem 60 dias antes do plantio e de uma gradagem e nivelamento manual dos tabuleiros às vésperas da instalação dos experimentos. Efetuou-se uma adubação de plantio com 500 Kg/ha da fórmula 4-14-8, e em torno de 60 dias após a emergência das plântulas, procedeu-se a adubação de cobertura com uma aplicação de 200 Kg/ha de sulfato de amônia. A formação das lâminas de água iniciou-se cerca de 20 dias após a germinação e foi mantida até próximo a maturação das famílias mais tardias. As plantas daninhas foram controladas através de capina manual e a colheita foi processada quando os grãos atingiram a umidade de 20 a 22 %.

Em cada experimento avaliaram-se os seguintes caracteres:

- **Produção de grãos (PR)** - obtida através da pesagem dos grãos de cada parcela útil, após limpeza e secagem uniforme ao sol até atingirem 13% de umidade e expressa em Kg/ha.
- **Floração média (FL)** - número de dias da semeadura a floração média (50% das panículas floridas)
- **Altura de planta (AL)** - tomada de 5 plantas competitivas da parcela, na fase de maturação. Foi obtida medindo-se a altura da planta do solo até a extremidade da panícula do perfilho mais alto (colmo principal).

- **Incidência de doenças** - avaliações feitas de acordo com o Manual de Métodos de Pesquisa em Arroz do CNPAF (EMBRAPA, 1977). As doenças avaliadas são mostradas na Tabela 3.

TABELA 3 - Doenças avaliadas em todos experimentos e suas respectivas épocas de avaliação.

Doença	Época
Mancha Parda (MP) <i>Drechslera oryzae</i>	leitura feita na fase de enchimento do grão.
Brusone da folha (BF) <i>Pyricularia oryzae</i>	leitura feita no estágio de maior infecção no campo, aos 45 dias do plantio.
Brusone do pescoço (BP) <i>Pyricularia oryzae</i>	leitura feita na fase de maturação do grão.
Escaldadura da folha (EF) <i>Rynchosporium oryzae</i>	leitura feita na fase de enchimento do grão.
Mancha estreita (ME) <i>Cercospora oryzae</i>	leitura feita na fase de enchimento do grão.
Mancha de grãos (MG) <i>Helminthosporium oryzae</i>	leitura feita às vésperas da colheita.

As leituras para todas as doenças de folhas foram feitas seguindo uma escala, onde eram dadas as seguintes notas:

- 1 - menos de 1% de lesão
- 3 - 1 a 5% de lesão
- 5 - 6 a 25% de lesão
- 7 - 25 a 50% de lesão
- 9 - 50% a 100% de lesão

As mesmas notas foram dadas para mancha de grão, onde eram examinadas as glumas manchadas.

3.3 Análise Estatística dos Dados

Procedeu-se a análise de variância para cada carácter avaliado, considerando os efeitos das famílias como sendo aleatório. O esquema da análise de variância é mostrado na Tabela 4. O modelo estatístico segundo Cochran e Cox (1966) é dado por:

$$y_{ijk} = \mu + r_i + b_{(i)j} + t_k + e_{ijk}$$

onde:

y_{ijk} : valor observado na parcela experimental que recebeu o tratamento k no bloco j da repetição i;

μ : efeito fixo da média geral;

r_i : efeito aleatório da repetição i;

$b_{(i)j}$: efeito aleatório do bloco j dentro da repetição i;

t_k : efeito aleatório do tratamento k;

e_{ijk} : efeito aleatório do erro experimental da parcela que recebeu o tratamento k no bloco j da repetição i. Admite-se que os erros são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2 .

TABELA 4 - Esquema geral da análise de variância, com as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios.

Causas de Variação	QM	E (QM)
Repetição	Q_1	
Bloco d. repetição	Q_2	
Tratamento (ajustado)	Q_3	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$
Erro efetivo	Q_4	σ_e^2
Total		

σ_g^2 : variância genética entre tratamentos

σ_e^2 : variância ambiental

r : número de repetições

Posteriormente, foi efetuada a análise de variância conjunta, envolvendo os dois anos em um mesmo local e também os dois locais quando foram avaliadas as famílias $S_{0.3}$. A seguir é mostrado o modelo estatístico, onde os efeitos de famílias foi aleatório e ambiente fixo.

$$y_{kjl} = \mu + t_k + a_l + b_{(l)j} + (ta)_{kl} + \bar{e}_{(l)kj}$$

onde:

y_{kjl} : valor observado do tratamento k, no bloco j dentro do ambiente l

μ : média geral

t_k : efeito aleatório do tratamento k

a_l : efeito fixo do ambiente l (local ou ano)

$b_{(l)j}$: efeito do bloco j dentro do ambiente l

$(ta)_{kl}$: efeito da interação tratamento k e ambiente l

$e_{(l)kj}$: erro experimental médio

O esquema da análise de variância conjunta é mostrado na Tabela 5, onde encontram-se o quadrado médio com suas respectivas esperanças matemáticas. Sendo que para o cálculo das estimativas da interação foi usada a restrição mostrada por Vencovsky e Barriga (1992).

TABELA 5 - Esquema geral da análise de variância conjunta (anos ou locais), com as respectivas esperanças matemáticas do quadrado médio

Causas de variação	QM	E(QM)
Ambiente (A)		
Tratamento (F)	Q6	$\sigma_e^2 + rl\sigma_g^2$
Interação F x A	Q7	$\sigma_e^2 + r\frac{1}{l-1}\sigma_{ga}^2$
Erro médio	Q8	σ_e^2

σ_g^2 : variância genética entre tratamentos

σ_{ga}^2 : variância da interação tratamentos e ambientes

σ_e^2 : variância ambiental

l : número de ambientes

r : número de repetições

3.4 Estimativas dos Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios, apresentadas nas Tabelas 4 e 5, foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos (Tabela 6).

TABELA 6 - Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos de cada geração e da análise conjunta.

Estimativas	Individual	Expressão para as estimativas
σ_{gl}^2	Variância genética entre famílias no ambiente I	$\frac{Q_3 - Q_4}{r}$
σ_{F1}^2	Variância fenotípica média entre as famílias no ambiente I	$\frac{Q_3}{r}$
σ_{e1}^2	Variância do erro no ambiente I	Q_4
h_{a1}^2	Herdabilidade no sentido amplo no ambiente I	$\frac{Q_3 - Q_4}{Q_3}$
CV_{gl}	Coefficiente de variação genético entre as médias das famílias no ambiente I, sendo X a média das famílias	$\frac{\hat{\sigma}_{gl}}{\bar{X}}$
Conjunta		
σ_B^2	Variância genética entre famílias na análise conjunta (ano x família e local x família)	$\frac{Q_6 - Q_8}{rL}$
σ_F^2	Variância fenotípica média entre as famílias na análise conjunta	$\frac{Q_6}{rl}$
σ_{fa}^2	Variância da interação famílias X ambientes	$\frac{Q_7 - Q_8}{\frac{1}{r(1-1)}}$
σ_e^2	Variância do erro	Q_8
h_a^2	Herdabilidade no sentido amplo	$\frac{Q_6 - Q_8}{Q_6}$

Também foram obtidas outras estimativas de herdabilidade, utilizando os seguintes procedimentos:

i) Estimativa da regressão (b) entre as famílias nas sucessivas gerações (Smith e Kinman, 1965):

$$h_{23}^2 = \frac{b}{2r_{xy}}$$

onde:

r_{xy} : coeficiente de parentesco entre as sucessivas gerações de autofecundação

Nyquist (1991) mostra que quando se considera a geração F_2 como referência, o valor de $r_{xy} = (1 + F_p)/2$, sendo que $F_p = F_2 = S_0 = 0$, logo, para este trabalho a estimativa de herdabilidade será igual a b ($h^2 = b$).

b : coeficiente de regressão linear entre a média da geração i e da geração i + 1.

$$b = \frac{\text{cov}_g(2,3)}{\hat{\sigma}_{S_{0.2}}}$$

$\text{cov}_g(2,3)$: covariância entre a média dos pais ($S_{0.2}$) e a média de seus descendentes ($S_{0.3}$).

$\hat{\sigma}_{S_{0.2}}$: variância fenotípica da geração $S_{0.2}$

ii) Herdabilidade realizada, segundo procedimento apresentado por Fehr (1987) e Ramalho, Santos e Zimmermann (1993) e utilizando os dados médios de Lambari nas gerações $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$:

$$h_{23}^2 = \frac{GS_3 / m_3}{ds_2 / m_2}$$

onde:

GS_3 : ganho com a seleção na geração dos descendentes (geração $S_{0:3}$), isto é, a média na geração $S_{0:3}$ dos indivíduos selecionados na geração $S_{0:2}$, menos a média geral dos indivíduos da geração $S_{0:3}$;

ds_2 : diferencial de seleção do pai, isto é, a média dos indivíduos selecionados na geração $S_{0:2}$ menos a média geral dos indivíduos dessa geração;

m_2 e m_3 : as médias das famílias nas gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$, respectivamente.

3.5 Estimativa dos Coeficientes de Correlação

Para obtenção dos coeficientes de correlação, realizou-se análise de variância para cada caráter e para a soma de cada par de acordo com Geraldi (1977), com o objetivo de estimar os produtos médios e suas respectivas esperanças matemáticas (Tabela 7).

TABELA 7 - Esperança matemática dos produtos médios utilizados na análise de cada par de caracteres.

CV	QM _x	QM _y	QM _(x+y)	PM _(x,y)	E(PM)
Famílias	Q ₁	Q ₂	Q ₃	PM ₁ = ½ (Q ₃ -Q ₁ -Q ₂)	COV _{e(x,y)} + rCOV _{g(x,y)}
Erro	Q ₄	Q ₅	Q ₆	PM ₂ = ½ (Q ₆ -Q ₄ -Q ₅)	COV _{e(x,y)}

De posse das E(PM) foram obtidas as seguintes estimativas:

a) Estimativa da covariância fenotípica entre os caracteres x e y, na geração S_{0.2} ou S_{0.3}:

$$\hat{CÔV}_{\bar{F}_i(x,y)} = \frac{PM_1}{r}$$

b) Estimativa da covariância genética entre os caracteres x e y, na geração S_{0.2} ou S_{0.3}:

$$\hat{CÔV}_{g_i(x,y)} = \frac{PM_1 - PM_2}{r}$$

c) Estimativa da covariância do erro ou ambiental entre os caracteres x e y, na geração S_{0.2} ou S_{0.3}:

$$\hat{CÔV}_{ei(x,y)} = PM_2$$

A partir das estimativas da variância mostradas anteriormente e das estimativas de covariância, foram obtidos os coeficientes de correlação, utilizando as seguintes expressões (Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993 e Cruz e Regazzi, 1994):

a) Coeficiente de correlação fenotípica:

$$r_{\bar{F}_i(x,y)} = \frac{\hat{CÔV}_{\bar{F}_i(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}_i(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}_i(y)}^2}}$$

onde:

$r_{\bar{F}_i(x,y)}$: correlação fenotípica para os caracteres x e y;

$\hat{CÔV}_{\bar{F}_i(x,y)}$: covariância fenotípica para os caracteres x e y;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_i(x)}^2$: variância fenotípica para o caráter x ;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_i(y)}^2$: variância fenotípica para o caráter y ;

b) Coeficiente de correlação genética:

$$r_{Gi(x,y)} = \frac{C\hat{O}V_{gi(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gi(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{gi(y)}^2}}$$

onde:

$r_{Gi(x,y)}$: correlação genética para os caracteres x e y ;

$C\hat{O}V_{gi(x,y)}$: covariância genética para os caracteres x e y ;

$\hat{\sigma}_{gi(x)}^2$: variância genética para o caráter x ;

$\hat{\sigma}_{gi(y)}^2$: variância genética para o caráter y ;

c) Coeficiente de correlação ambiental:

$$r_{Ei(x,y)} = \frac{C\hat{O}V_{ei(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{ei(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{ei(y)}^2}}$$

onde:

$r_{Ei(x,y)}$: correlação ambiental para os caracteres x e y ;

$C\hat{O}V_{ei(x,y)}$: covariância ambiental para os caracteres x e y ;

$\hat{\sigma}_{ei(x)}^2$: variância ambiental para o caráter x ;

$\hat{\sigma}_{ei(y)}^2$: variância ambiental para o caráter y ;

3.6 Erro da Estimativa do Coeficiente de Correlação Genética

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a significância de r_G é testada sob a hipótese de que a verdadeira correlação é nula, através de um teste t, ou seja:

$$t = \frac{r_G}{\sqrt{\text{vâr}(r_G)}}$$

Com aproximadamente $n - 2 = g_1 - 1$ graus de liberdade, sendo n o número de tratamentos genéticos avaliados. Obtem-se a variância da correlação, $\text{vâr}(r_G)$ sob a hipótese da nulidade por meio da expressão:

$$\text{vâr}(r_G) = \frac{1}{g_1 b^2 t_1 t_2} [1 + (b-1)t_1] [1 + (b-2)t_2 + r_f^2] + \frac{1}{g_2 b^2 t_1 t_2} [(1-t_1)(1-t_2) + r_f^2]$$

onde:

g_1, g_2 : número de graus de liberdade relativos a tratamentos e resíduo, respectivamente;

b : número de repetições do ensaio;

$$t_1 = \frac{\hat{\sigma}_{gx}^2}{\hat{\sigma}_{gx}^2 + \hat{\sigma}_{ex}^2};$$

$$t_2 = \frac{\hat{\sigma}_{gy}^2}{\hat{\sigma}_{gy}^2 + \hat{\sigma}_{ey}^2}$$

$$r_f = \frac{\text{côv}_{gxy} + \text{côv}_{exy}}{\left[(\hat{\sigma}_{gx}^2 + \hat{\sigma}_{ex}^2) (\hat{\sigma}_{gy}^2 + \hat{\sigma}_{ey}^2) \right]^{0,5}}$$

3.7 Teste de Significância da Correlação Fenotípica

A significância da correlação fenotípica foi testada por meio de uma tabela apresentada por Steel e Torrie (1980). Conhecendo os graus de liberdade dos tratamentos pode-se obter o valor correspondente na tabela, ao nível de 1% e 5% de significância. Assim, a correlação fenotípica será diferente de zero, se os valores observados forem maiores que os valores da tabela.

4 RESULTADOS

Constatou-se que, entre as famílias do material de ciclo precoce avaliados em 1992/93, em Lambari, somente os caracteres produção de grãos, altura das plantas e incidência de mancha parda mostraram diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$). Para as famílias de ciclo médio, os caracteres que apresentaram diferenças altamente significativas ($P \leq 0,01$), além dos três relacionados anteriormente, foram o número de dias para floração e incidência de escaldadura da folha e mancha de grãos, sendo que para esses dois últimos a significância foi ao nível de 5% (Tabela 8).

Destacam-se, todavia, as diferenças observadas nas estimativas do coeficiente de variação (CV), que avalia a precisão experimental. Os valores variaram de 1,8% para floração nas famílias de ciclo médio a 59,3% para incidência de escaldadura na folha, também no material de ciclo médio. Os caracteres avaliados por meio de uma escala de notas foram os que apresentaram maiores coeficientes de variação.

As estimativas da variância genética também mostraram uma grande amplitude de variação como era esperado, devido a natureza dos caracteres envolvidos. Porém, ficou evidenciado que para todos os caracteres, a variância genética do material de ciclo médio foi maior do que no de ciclo precoce. Além do mais, para algumas características, não foi constatada praticamente nenhuma variação (Tabela 8). Para produção de grãos, as estimativas do coeficiente de variação genético mostraram-se maiores entre as famílias precoces do que entre as famílias de ciclo médio, evidenciando a contribuição da média para o caráter.

Os resultados médios para a produção de grãos e altura das plantas, que foram os caracteres com maior variância genética, são apresentados em gráficos de distribuição de frequência. Nota-se que, tanto na geração $S_{0:2}$ como na $S_{0:3}$, ocorreu uma grande variação entre as famílias, sendo que as amplitudes de variação foram semelhantes entre os materiais de ciclo

médio e precoce para os dois caracteres: produção de grãos (Figuras 2,3 e 4) e altura de plantas (Figuras 5, 6 e 7).

Na geração $S_{0:2}$, destaca-se a amplitude de variação para produção de grãos no ensaio precoce, que foi 88% superior a média da população. Este mesmo ensaio apresentou na $S_{0:3}$, avaliada em Lambari, uma amplitude de variação de 47% superior a média da população, a maior encontrada nesta geração entre os dois ensaios. Para altura de plantas, os dois ensaios (precoce e médio) apresentaram na $S_{0:2}$, a mesma amplitude de variação em relação a média (34%), enquanto, na geração $S_{0:3}$, o ensaio de ciclo médio foi superior tanto em Lambari como em Cambuquira, apresentando amplitude de 27% e 33% respectivamente, em relação a média.

Verifica-se, de maneira geral, que as estimativas de herdabilidade no sentido amplo, no ensaio precoce da geração $S_{0:2}$ foram expressivas somente para os caracteres produção de grãos, altura das plantas e incidência de mancha parda. Isso era esperado, pois, para a maioria dos caracteres, a variância genética foi inexpressiva, afetando assim as estimativas do coeficiente de herdabilidade que depende diretamente delas. Por outro lado, no ensaio de ciclo médio, estas estimativas mostraram-se altas para maioria dos caracteres, destacando-se a produção de grãos (61,3%) e a altura das plantas (64,9%). Pelos outros dois métodos, as estimativas de herdabilidade no ensaio de ciclo médio foram sempre maiores quando comparadas com o precoce. Neste último pode ser destacado ainda a ocorrência de várias estimativas de herdabilidade igual a zero (Tabela 9).

Devem ser enfatizadas também as diferenças nos valores das herdabilidades obtidas pelos três métodos. Percebe-se que as estimativas no sentido amplo foram, de um modo geral, superiores as estimativas de herdabilidade realizada e herdabilidade obtida pela regressão genitor-descendente.

As avaliações das famílias $S_{0:3}$ mostraram resultados semelhantes aos relatados para a geração anterior. Tanto em Lambari quanto em Cambuquira, a precisão avaliada pelo coeficiente de variação foi baixa para a maioria dos caracteres. Novamente, o caráter altura das plantas e floração foram os que apresentaram menores estimativas do CV% (Tabelas 10 e 11).

Constatou-se na geração $S_{0:3}$ diferenças entre as famílias para produção de grãos e incidência de mancha parda nos dois ensaios (precoce e médio) de Lambari. Para os demais caracteres, exceto escaldadura e mancha estreita, as famílias mostraram-se diferentes somente no ciclo médio. Em Cambuquira, as famílias não mostraram diferenças para nenhum carácter.

Entretanto, entre os materiais de ciclo médio a maioria das características apresentaram diferenças significativas, exceto mancha de grãos e mancha estreita.

Para as estimativas da variância genética da produção de grãos, observa-se que, na geração $S_{0,3}$, em Lambari, ela foi maior entre os materiais precoces. Já em Cambuquira, a maior variância genética foi encontrada entre os materiais de ciclo médio. Esta variação encontrada entre esses materiais pode ser confirmada analisando-se os valores do coeficiente de variação genético encontrados nos dois locais. Isso também pode ser corroborado pelas distribuição de frequência das médias das famílias, onde pode-se constatar a existência de uma grande variação entre os materiais para os dois ensaios. É importante comentar que, para os demais caracteres, a variância genética foi sempre maior no ensaio de ciclo médio nos dois locais.

Os resultados das estimativas do coeficiente de herdabilidade nas famílias $S_{0,3}$ para os nove caracteres avaliados em Lambari e Cambuquira, nos ensaios de ciclo precoce e médio são mostrados na Tabela 12. Observa-se que tanto para o ensaio de Lambari como o de Cambuquira as estimativas de herdabilidade (h^2) foram baixas entre as famílias do ciclo precoce, exceto para produção de grãos e incidência de mancha parda no primeiro local e produção de grãos no segundo. Para alguns caracteres, essa estimativa foi igual a zero e isso já era esperado, uma vez que as estimativas da variância genética para estes caracteres foram também iguais a zero. Por outro lado, no ensaio de ciclo médio, as herdabilidades para todos caracteres, a exceção da mancha estreita, apresentaram valores de médio a alto, podendo destacar as estimativas da floração (65,5% e 69,0%), produção de grãos (47,8% e 49,3%) e altura de plantas (32,7% e 70,6%), respectivamente em Lambari e em Cambuquira. Deve ser salientado que as estimativas de herdabilidade do ensaio de Lambari mostraram uma boa concordância com as do ensaio de Cambuquira, apesar de serem maiores neste último local.

Neste trabalho o efeito de ano ficou confundido com o de geração. Assim, na interação genótipos x anos inclui também o efeito da interação genótipos x gerações. Para maior facilidade, será mencionada apenas a interação de genótipo x ano. Para as famílias precoces, a interação genótipo x ano foi significativa apenas para os caracteres produção de grãos, altura das plantas e incidência de mancha parda. Já entre as famílias de ciclo médio, foi detectada interação para floração e incidência de brusone no pescoço (Tabela 13). É importante destacar que o efeito de ano foi significativo para produção de grãos nos dois ensaios avaliados.

Os resultados para as avaliações da interação genótipos por locais são mostrados na Tabela 14. Observa-se que entre as famílias de ciclo precoce não houve interação genótipo x local

significativa para nenhum dos caracteres avaliados. No material de ciclo médio ocorreu interação genótipo x local significativa somente para o caráter incidência de mancha parda. No caso de produção de grãos, o efeito de local foi significativo apenas no ensaio de ciclo médio. As estimativas de herdabilidade que mostraram maior magnitude foram as dos caracteres produção de grãos (67,07%), altura de plantas (69,54%) e floração (79,49%), para as famílias do ciclo médio.

Embora não tenha sido possível estimar a interação entre genótipo x ano x local, em virtude dos ensaios de Cambuquira terem sido conduzidos apenas em um dos anos agrícolas, deve ser salientado que, para a maioria dos caracteres, as famílias tanto do ensaio precoce como do ciclo médio apresentaram o mesmo comportamento, quando avaliadas em anos e locais diferentes.

As estimativas dos coeficientes de correlação genética (G), fenotípica (F) e de ambiente (E) referentes aos nove caracteres avaliados na geração $S_{0:2}$, nos ensaios de ciclo precoce e médio, são mostrados nas Tabelas 15 e 16, respectivamente. Nota-se que houve correlação genética e fenotípica, positivas e significativas, somente entre altura das plantas e os caracteres produção de grãos e incidência de mancha parda entre as famílias do ciclo precoce. Para maioria dos pares de caracteres, as correlações genéticas e fenotípicas foram coincidentes quanto a significância, sendo as estimativas quase sempre igual a zero. Deve ser salientado que as estimativas de correlação de ambiente foram de pequena magnitude, para todos os pares de caracteres testados.

Para as famílias do ciclo médio, a produção de grãos apresentou correlação com altura das plantas e floração, tanto geneticamente como fenotipicamente. A altura das plantas também correlacionou-se com a floração e incidência de escaldadura nas folhas, e a floração correlacionou-se com incidência de brusone no pescoço. Entre as doenças, puderam ser detectadas correlações genéticas entre incidência de mancha parda com os caracteres incidência de escaldadura e mancha de grãos. Fenotipicamente a incidência de brusone no pescoço foi correlacionada com incidência de escaldadura. A maioria das estimativas da correlação de ambiente foi baixa, onde foi detectada a existência de correlação de ambiente, ocorreram grandes discrepâncias em magnitude com relação aos coeficientes de correlação genética.

As correlações genéticas da geração $S_{0:3}$ do ensaio precoce obtidas no município de Lambari (Tabela 17), mostraram-se para todos pares de caracteres não significativas e apresentaram altas estimativas do erro. Do mesmo modo, as correlações fenotípicas também foram não significativas para diversos pares de caracteres.

Quando se observa os resultados do ensaio de ciclo médio da geração $S_{0:3}$ avaliada em Lambari (Tabela 18), nota-se que houve correlações genéticas positivas e significativas entre os

caracteres produção de grãos com floração e com incidência de brusone no pescoço e entre altura das plantas com incidência de mancha parda.

As estimativas de correlação obtidas para as famílias da geração $S_{0:3}$ do ensaio precoce em Cambuquira são mostrados na Tabela 19. Observa-se que, para quase todos pares de caracteres encontrou-se correlações genéticas igual a zero. Das poucas correlações fenotípicas que ocorreram, pode-se destacar a correlação de produção de grãos com os caracteres floração e escaldadura das folhas. As correlações ambientais, por sua vez, foram altas para muitos pares de caracteres, variando todavia, quanto ao sentido. Comparando-se a correlação de ambiente com a genética, percebe-se que há grande discrepância de magnitude entre elas.

No ensaio de ciclo médio avaliado em Cambuquira, a produção de grãos mostrou correlação genética positiva e significativa apenas com incidência de mancha parda. Vale ressaltar que houve discrepância entre as estimativas de correlação fenotípica e genética, com variação de magnitude, sentido e, em alguns casos de significância (Tabela 20).

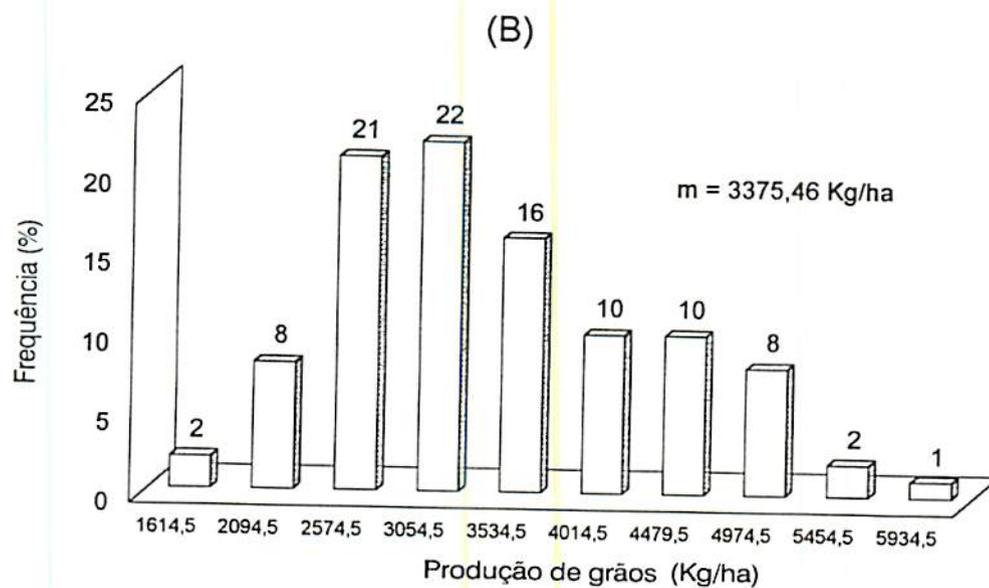
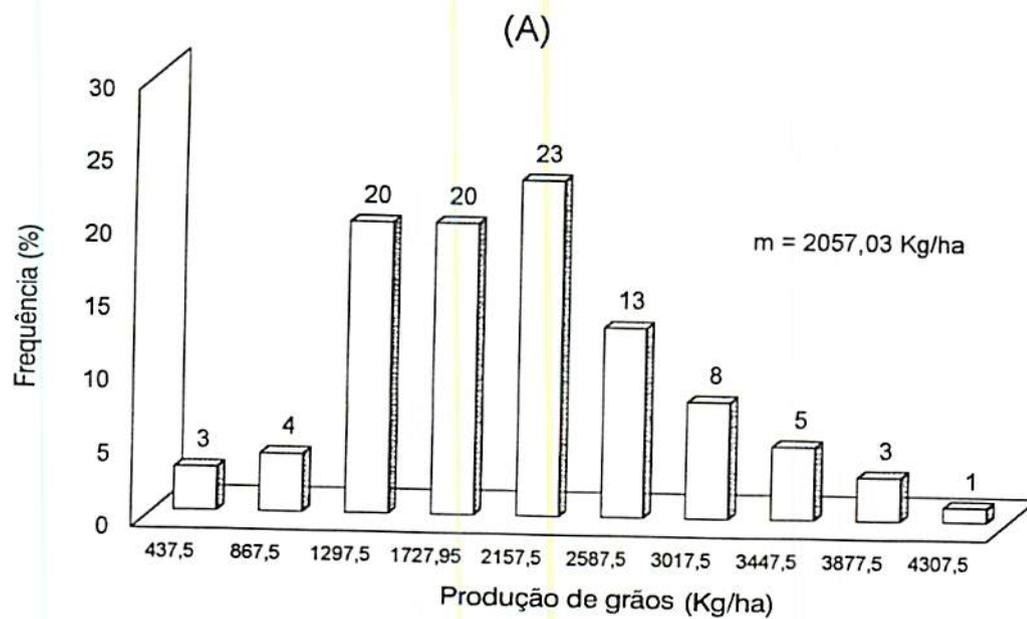


FIGURA 2 - Distribuição de frequência para produção de grãos obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:2}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1992/1993.

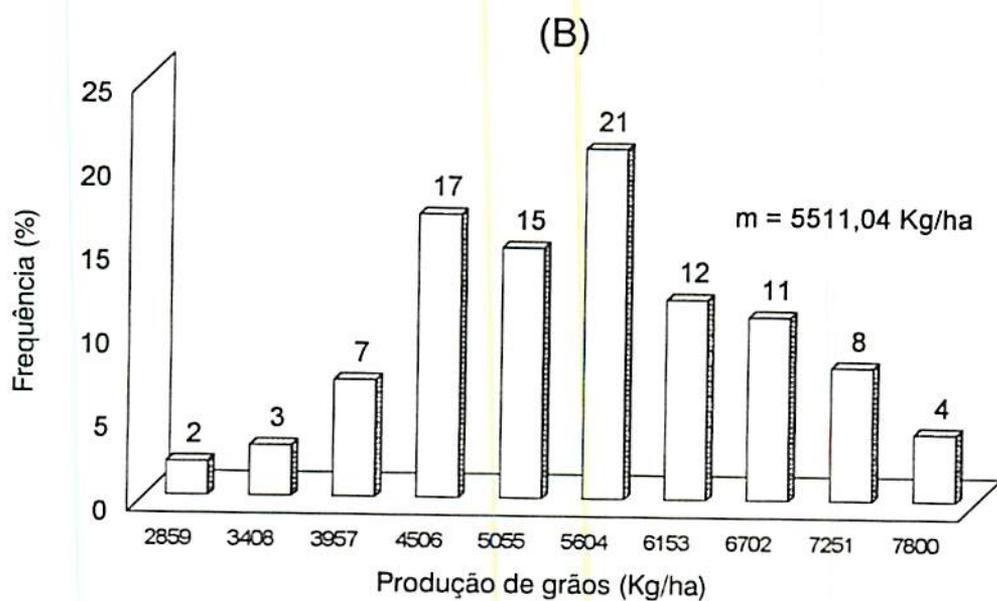
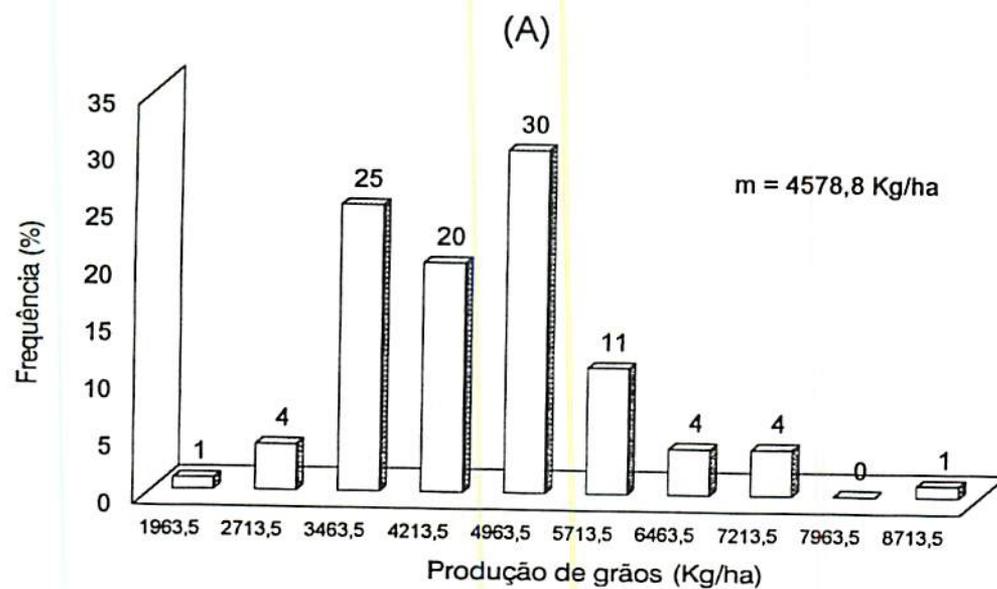


FIGURA 3 - Distribuição de frequência para produção de grãos obtida dos ensaios de avaliação das famílias da geração $S_{0:3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1993/1994.

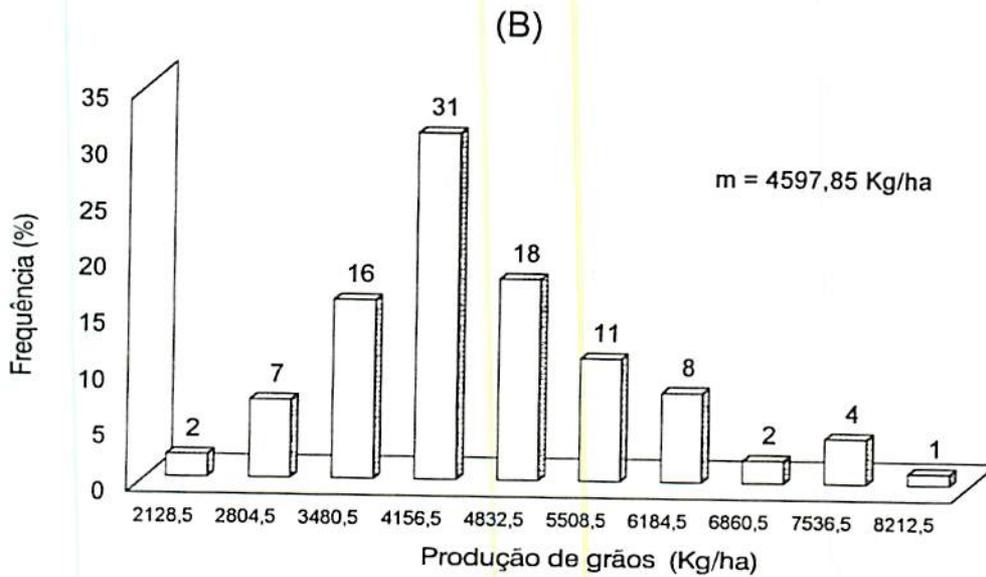
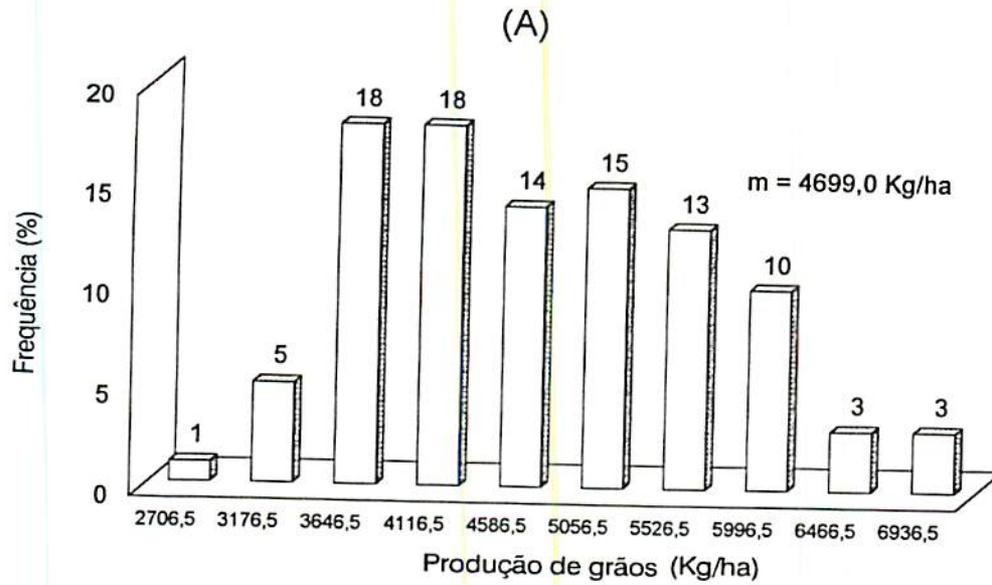


FIGURA 4 - Distribuição de frequência para produção de grãos obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0.3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Cambuquira, 1993/1994.

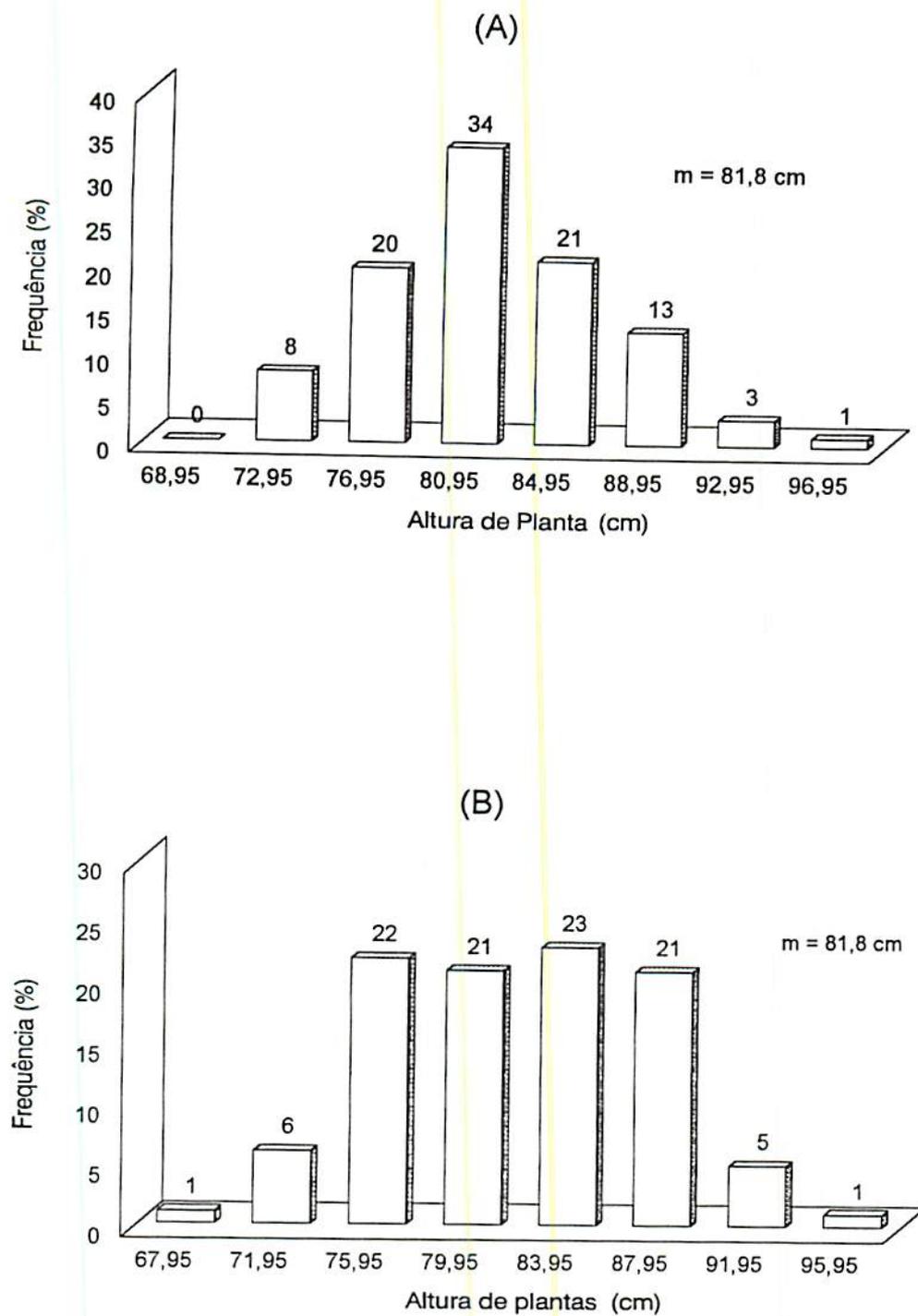


FIGURA 5 - Distribuição de frequência para altura de plantas obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0,2}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1992/1993.

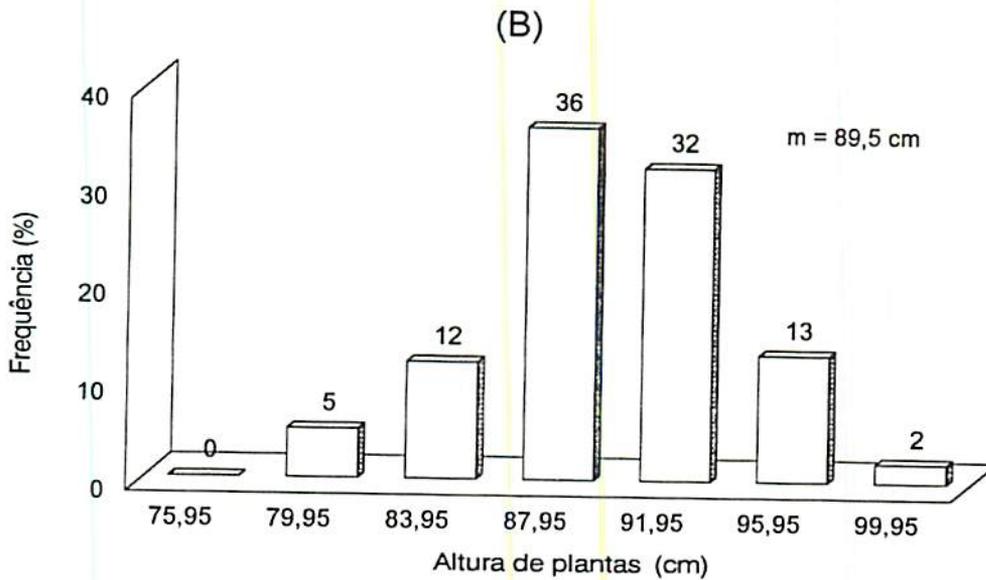
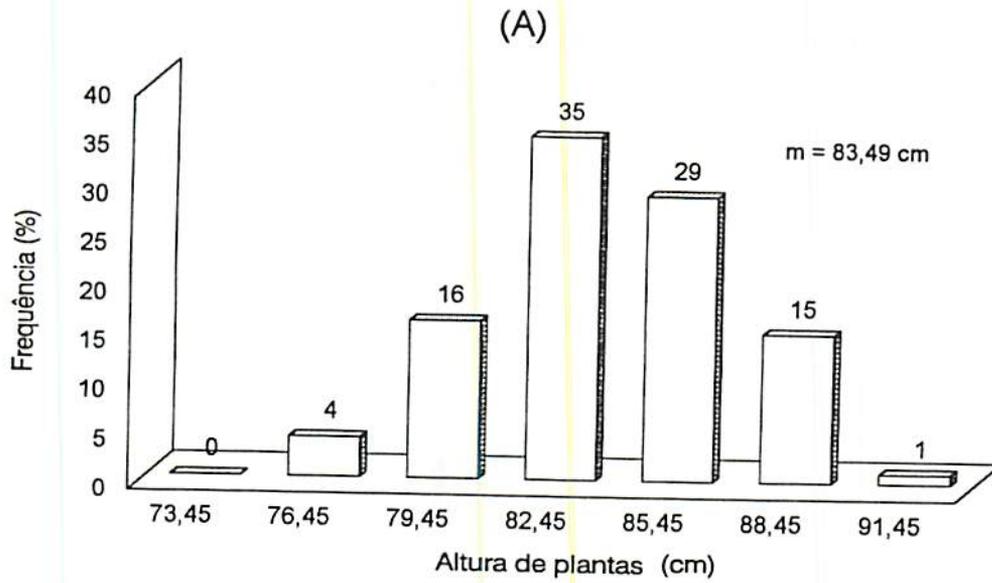


FIGURA 6 - Distribuição de frequência para altura das plantas obtidas dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0,3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Lambari, 1993/1994.

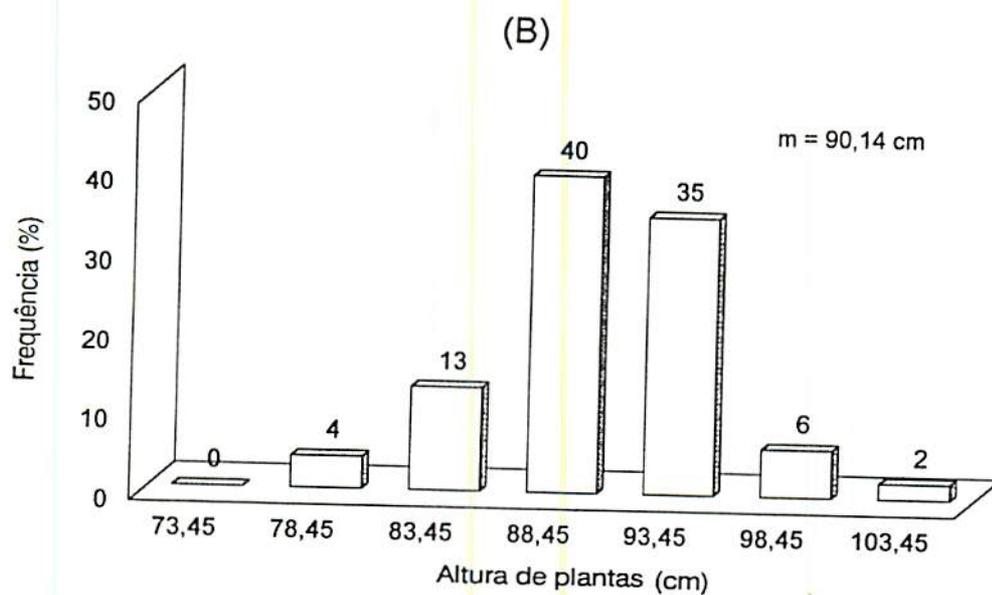
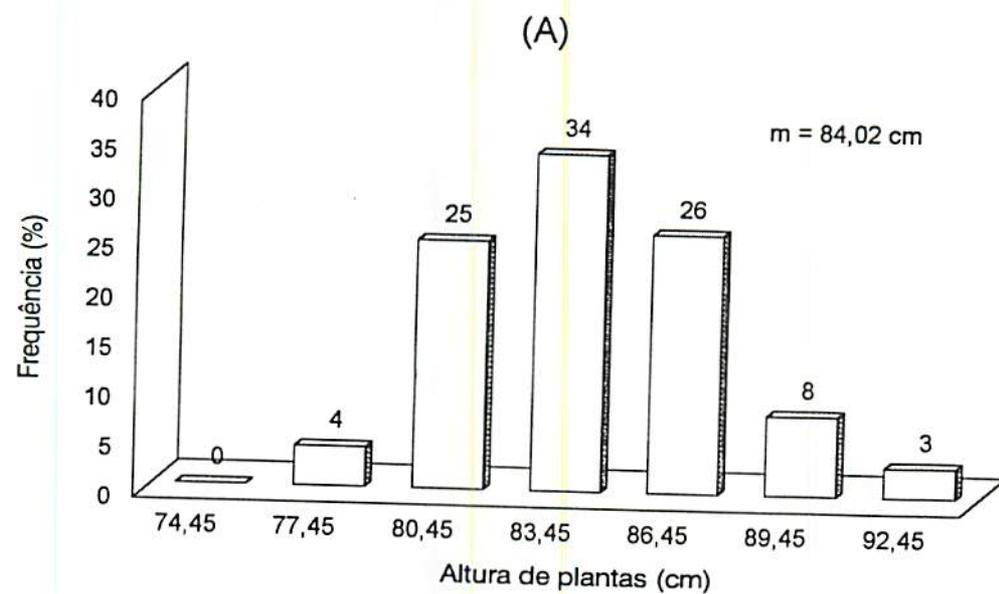


FIGURA 7 - Distribuição de frequência para altura de plantas obtida dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0.3}$, ciclo precoce (A) e ciclo médio (B), Cambuquira, 1993/1994.

TABELA 8 - Resumo das análises de variância dos ensaios de avaliação de famílias S_{0:2} (precoce e ciclo médio) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de plantas (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Lambari-MG, 1992/1993.

Caráter	Ensaio	Fonte de variação	QM	CV _c	Média	σ^2_G	CV _g
Produção de grãos	Precoce	Trat. ajustado	1.866.809,15**	44,5	2057,6	342.851,57	28,5
		Erro efetivo	838.254,43				
	Médio	Trat. ajustado	2597223,08**	29,7	3375,9	530478,69	21,5
		Erro efetivo	1005786,99				
Altura de plantas	Precoce	Trat. ajustado	77,22**	7,4	81,8	13,57	4,5
		Erro efetivo	36,52				
	Médio	Trat. ajustado	87,48**	6,9	81,8	18,9	5,3
		Erro efetivo	30,75				
Floração	Precoce	Trat. ajustado	7,12 ^{ns}	2,3	116,1	0,08	0,2
		Erro efetivo	6,87				
	Médio	Trat. ajustado	8,69**	1,8	121,4	1,38	1,0
		Erro efetivo	4,55				
Mancha parda	Precoce	Trat. ajustado	1,59**	52,7	1,9	0,2	23,1
		Erro efetivo	1,02				
	Médio	Trat. ajustado	1,71**	27,9	3,6	0,24	13,7
		Erro efetivo	0,99				
Brusone da Folha	Precoce	Trat. ajustado	0,01 ^{ns}	-	1,0	0	0
		Erro efetivo	0,01				
	Médio	Trat. ajustado	-	-	-	-	-
		Erro efetivo	-				
Brusone pescoço	Precoce	Trat. ajustado	0,1 ^{ns}	29,8	1,1	0	0
		Erro efetivo	0,1				
	Médio	Trat. ajustado	0,34 ^{ns}	50,2	1,2	0	0
		Erro efetivo	0,34				
Escaldadura folha	Precoce	Trat. ajustado	0,87 ^{ns}	57,3	1,7	0	0
		Erro efetivo	0,95				
	Médio	Trat. ajustado	1,39*	59,3	1,7	0,14	22,1
		Erro efetivo	0,98				
Mancha de Grãos	Precoce	Trat. ajustado	1,62 ^{ns}	33,3	3,5	0,1	9,0
		Erro efetivo	1,33				
	Médio	Trat. ajustado	2,54*	33,3	4,1	0,24	12,0
		Erro efetivo	1,83				
Mancha estreita	Precoce	Trat. ajustado	-	-	-	-	-
		Erro efetivo	-				
	Médio	Trat. ajustado	0,03 ^{ns}	16,2	1,0	0	0
		Erro efetivo	0,03				

TABELA 9 - Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (%) da geração $S_{0:2}$, herdabilidade realizada (%) e herdabilidade pela regressão pai-descendência (%), obtidas dos ensaios de avaliação de famílias da geração $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ (precoce e ciclo médio), para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de plantas (cm), fFloração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Lambari, 1992/1994.

Métodos	Ciclo	PR	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME
h^2_2 amplo	Precoce	55,1	52,7	3,5	35,8	0	0	0	17,7	--
	Médio	61,3	64,9	47,7	42,0	—	0	30,0	28,0	0
$h^2_{2:3}$ realizada	Precoce	0	4,7	0	0	0	0	0	0	--
	Médio	34,8	45,0	52,9	49,3	—	0	45,0	23,0	38,1
$h^2_{2:3}$ regressão	Precoce	26,96	0,81	0	4,78	0	—	13,80	0	—
	Médio	64,74	38,76	—	38,63	—	0	21,96	18,66	0

PR- produção de grãos, AL- altura de plantas, FL- floração, MP- mancha parda, BF- brusone da folha, BP- brusone do pescoço, EF- escaldadura da folha, MG- mancha de grãos, ME- mancha estreita.

TABELA 10 - Resumo das análises de variância dos ensaios de avaliação de famílias S_{0:3} (precoce e médio) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de plantas (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Lambari-MG, 1993/1994.

Caráter	Ensaio	Fonte de variação	QM	CV _e	Média	σ^2_G	CV _g
Produção de grãos	Precoce	Trat. ajustado	3800733,94**	27,1	4578,8	753111,78	18,95
		Erro efetivo	1541398,10				
	Médio	Trat. ajustado	3888759,69**	24,4	5511,5	694945,01	15,1
		Erro efetivo	1803924,67				
Altura de plantas	Precoce	Trat. ajustado	28,51 ^{ns}	5,9	83,5	1,45	1,4
		Erro efetivo	24,16				
	Médio	Trat. ajustado	50,9*	6,5	89,6	5,55	2,6
		Erro efetivo	34,26				
Floração	Precoce	Trat. ajustado	6,87 ^{ns}	2,2	125,4	0	0
		Erro efetivo	7,42				
	Médio	Trat. ajustado	41,43**	2,9	130,8	9,04	2,3
		Erro efetivo	14,30				
Mancha Parda	Precoce	Trat. ajustado	1,29*	48,1	2,0	0,14	19,1
		Erro efetivo	0,88				
	Médio	Trat. ajustado	2,46**	23,9	5,3	0,28	9,8
		Erro efetivo	1,64				
Brusone da Folha	Precoce	Trat. ajustado	0,54 ^{ns}	61,0	1,3	0	0
		Erro efetivo	0,67				
	Médio	Trat. ajustado	2,78**	60,1	2,1	0,38	28,6
		Erro efetivo	1,66				
Brusone pescoço	Precoce	Trat. ajustado	3,42 ^{ns}	55,0	3,1	0,21	14,9
		Erro efetivo	2,80				
	Médio	Trat. ajustado	5,29**	50,7	3,5	0,73	24,8
		Erro efetivo	3,08				
Escaldadura	Precoce	Trat. ajustado	0,20 ^{ns}	39,8	1,1	0	1,5
		Erro efetivo	0,20				
	Médio	Trat. ajustado	1,06 ^{ns}	55,7	1,7	0,05	12,3
		Erro efetivo	0,92				
Mancha de Grãos	Precoce	Trat. ajustado	1,29 ^{ns}	47,3	2,5	0	0
		Erro efetivo	1,42				
	Médio	Trat. ajustado	3,0**	23,8	5,7	0,39	11,0
		Erro efetivo	1,83				
Mancha estreita	Precoce	Trat. ajustado	0,09 ^{ns}	29,0	1,1	0	0
		Erro efetivo	0,09				
	Médio	Trat. ajustado	0,01 ^{ns}	11,5	1,0	0	0
		Erro efetivo	0,01				

TABELA 11 - Resumo das análises de variância dos ensaios de avaliação de famílias S_{0:3} (precoce e médio) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de plantas (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita. Cambuquira, 1993/1994.

Caráter	Ensaio	Fonte de variação	QM	CV _E	Média	σ^2_G	CVg
Produção de grãos	Precoce	Trat. não ajust.	3469442,09 ^{ns}	28,4	4699,0	400948,60	13,5
		Erro DBC	3247328,71				
	Médio	Trat. ajustado	4599547,44 ^{**}	33,2	4598,3	755861,81	19,0
		Erro efetivo	2331962,03				
Altura de plantas	Precoce	Trat. ajustado	32,72 ^{ns}	8,1	84,1	0	0
		Erro efetivo	46,63				
	Médio	Trat. ajustado	69,97 ^{**}	5,0	90,2	16,46	4,5
		Erro efetivo	20,58				
Floração	Precoce	Trat. ajustado	22,23 ^{ns}	4,4	105,5	0,11	0,32
		Erro efetivo	21,89				
	Médio	Trat. ajustado	33,15 ^{**}	2,8	113,3	7,62	2,4
		Erro efetivo	10,29				
Mancha parda	Precoce	Trat. ajustado	0,20 ^{ns}	40,1	1,1	0	0
		Erro efetivo	0,20				
	Médio	Trat. ajustado	0,75 ^{**}	52,9	1,3	0,10	24,9
		Erro efetivo	0,45				
Brusone da Folha	Precoce	Trat. ajustado	-	-	-	-	-
		Erro efetivo	-				
	Médio	Trat. ajustado	-	-	-	-	-
		Erro efetivo	-				
Brusone pescoço	Precoce	Trat. ajustado	0,50 ^{ns}	65,4	1,2	0	0
		Erro efetivo	0,56				
	Médio	Trat. ajustado	0,79 [*]	57,3	1,3	0,08	21,0
		Erro efetivo	0,57				
Escalda - dura	Precoce	Trat. ajustado	0,62 ^{ns}	45,8	1,8	0	0
		Erro efetivo	0,65				
	Médio	Trat. ajustado	3,17 ^{**}	31,6	4,4	0,41	14,4
		Erro efetivo	1,95				
Mancha de Grãos	Precoce	Trat. ajustado	1,37 ^{ns}	29,3	3,6	0,1	8,4
		Erro efetivo	1,1				
	Médio	Trat. ajustado	2,16 ^{ns}	22,0	5,9	0,16	6,8
		Erro efetivo	1,68				
Mancha estreita	Precoce	Trat. ajustado	0,05 ^{ns}	22,2	1,0	0	0
		Erro efetivo	0,05				
	Médio	Trat. ajustado	0,03 ^{ns}	16,0	1,0	0	0
		Erro efetivo	0,03				

TABELA 12 - Estimativas das herdabilidades no sentido amplo (%) para os caracteres produção de grãos (Kg/ha), altura de planta (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita, obtidas dos ensaios de avaliação das famílias da geração S_{0:3}, (precoce e ciclo médio) em Lambari e Cambuquira, 1993/1994.

Ensaio	PR	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME	
Lambari										
h ² amplo	Precoce	59,4	15,3	0	32,0	0	18,0	0,44	0	0
	Médio	47,8	32,7	65,5	33,5	40,5	41,7	16,1	39,1	0
Cambuquira										
h ² amplo	Precoce	40,3	0	1,5	0	-	0	0	19,7	0
	Médio	49,3	70,6	69,0	39,1	-	28,6	38,4	22,4	0

PR- produção de grãos, AL- altura de plantas, FL- floração, MP- mancha parda, BF- brusone da folha, BP- brusone do pescoço, EF- escaldadura da folha, MG- mancha de grãos, ME- mancha estreita.

TABELA 13 - Resumo da análise de variância conjunta das gerações S_{0:2} e S_{0:3} para produção de grãos (Kg/ha), altura de planta (cm), floração (dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e mancha estreita, ensaios precoce e médio. Lambari-MG, 1992/1993 e 1993/1994.

Caráter	Ensaio	Fonte de variação	QM	CV	Média	$\sigma^2_{G \times A}$	σ^2_G	h^2
Produção de grãos	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	2977980,27** 1189826,26	32,88	3317,7	298025,67	250026,87	55,77
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	1544633,82 ^{NS} 1404855,75	26,67	4444,3	23296,35	589466,145	71,57
Altura de planta	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	53,96** 30,34	6,67	82,6	3,936	3,572	41,4
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	34,93 ^{NS} 32,51	6,67	85,6	0,405	11,808	68,55
Floração	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	7,82 ^{NS} 7,15	2,22	120,2	0,112	0	0
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	15,41** 9,43	2,24	125,8	0,997	4,081	72,21
Mancha parda	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	1,44* 0,95	51,30	1,9	0,082	0,082	34,11
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	1,42 ^{NS} 1,31	25,43	4,5	0,018	0,24	52,29
Brusone da Folha	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	0,28 ^{NS} 0,34	34,30	1,7	0	0	0
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	- -	-	-	-	-	-
Brusone pescoço	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	1,85 ^{NS} 1,45	60,21	2,0	0,067	0,036	13,02
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	3,02** 1,71	56,86	2,3	0,218	0,150	34,41
Escaldadura	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	0,61 ^{NS} 0,576	54,21	1,4	0,006	0	0
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	0,92 ^{NS} 0,950	57,33	1,7	0	0,097	37,88
Mancha de Grãos	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	1,63 ^{NS} 1,38	39,16	3,0	0,042	0	0
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	2,29 ^{NS} 1,83	27,61	4,9	0,077	0,237	43,72
Mancha estreita	Precoce	Genótipo x ano Erro Médio	- -	-	-	-	-	-
	Médio	Genótipo x ano Erro Médio	0,021 ^{NS} 0,02	14,14	1,0	0	0	0

TABELA 14 - Resumo da análise de variância conjunta dos ensaios de Lambari e Cambuquira (precoce e médio), geração S_{0:3} para os caracteres produção de grãos(Kg/ha), altura de planta(cm), floração(dias), incidência de mancha parda, brusone da folha, brusone do pescoço, escaldadura da folha, mancha de grãos e m. estreita. 1993/94.

Caráter	Ensaio	Fonte de variação	QM	CV	Média	σ^2_{GXA}	σ^2_G	h^2
Produção de grãos	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	2310882,42 ^{NS} 1661404,22	27,79	4638,5	108246,4	468804,26	62,87
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	2208141,41 ^{NS} 2067943,35	28,45	5054,4	23366,34	702079,63	67,07
Altura de planta	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	25,64 ^{NS} 35,39	7,10	83,8	0	0,03	0,50
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	30,70 ^{NS} 27,42	5,83	89,8	0,547	10,435	69,54
Floração	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	10,55 ^{NS} 14,66	3,33	114,9	0	0,58	19,31
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	15,23 ^{NS} 12,30	2,89	121,5	0,488	7,944	79,49
Mancha parda	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	0,72 ^{NS} 0,54	48,99	1,5	0,03	0,038	29,3
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	1,60* 1,04	30,90	3,3	0,093	0,096	35,43
Brusone da Folha	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	- -	-	-	-	-	-
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	- -	-	-	-	-	-
Brusone pescoço	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	1,85 ^{NS} 1,68	61,72	2,1	0,028	0,064	18,58
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	2,43 ^{NS} 1,82	56,21	2,4	0,101	0,303	49,88
Escaldadura folha	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	0,35 ^{NS} 0,42	46,29	1,4	0	0,009	11,32
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	1,68 ^{NS} 1,44	38,71	3,1	0,041	0,185	43,58
Mancha de Grãos	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	1,08 ^{NS} 1,26	37,42	3,0	0	0,052	19,85
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	2,06 ^{NS} 1,75	37,80	3,5	0,052	0	0
Mancha estreita	Precoce	Genótipo x Local Erro Médio	0,08 ^{NS} 0,072	26,83	1,0	0,0005	0	0
	Médio	Genótipo x Local Erro Médio	0,02 ^{NS} 0,02	14,14	1,0	0,0002	0	0

TABELA 15 - Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração S_{0,2}; ensaio precoce. Lambari - MG, 1992/1993.

	I	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME
PR	G	0,62** ± 0,04	1,05 ^{ns} ± 0,65	0,11 ^{ns} ± 0,044	0	0	0	0,20 ^{ns} ± 0,1	—
	F	(0,38)**	(0,15) ^{ns}	(0,08) ^{ns}	(0,08) ^{ns}	(0,02) ^{ns}	(-0,001) ^{ns}	(0,06) ^{ns}	—
	E	0,11	0,01	0,05	-0,02	0,15	0,14	-0,002	—
AL	G	0,62 ^{ns} ± 0,593	0,50* ± 0,055	0	0	0	0	0,54 ^{ns} ± 0,102	—
	F	(0,04) ^{ns}	(0,20)*	(0,07) ^{ns}	(-0,08) ^{ns}	(0,09) ^{ns}	(0,09) ^{ns}	(0,17) ^{ns}	—
	E	-0,07	-0,04	-0,03	-0,02	0,20	0,20	0,01	—
FL	G	-0,21 ^{ns} ± 0,7	-0,21 ^{ns} ± 0,7	0	0	0	0	2,63 ^{ns} ± 2,266	—
	F	(-0,05) ^{ns}	(-0,50)**	(0,02) ^{ns}	(0,23)*	(-0,23)*	(0,19) ^{ns}	(0,19) ^{ns}	—
	E	-0,04	0,27	0,05	0,03	0,03	-0,03	-0,03	—
MP	G	0	0	0	0	0	0	0,26 ^{ns} ± 0,202	—
	F	(0,42)**	(-0,08) ^{ns}	(-0,42)**	(0,19) ^{ns}	(0,19) ^{ns}	(0,24)*	(0,24)*	—
	E	-0,20	-0,20	-0,20	-0,09	-0,09	0,23	0,23	—
BF	G	0	0	0	0	0	0	0	—
	F	(-0,07) ^{ns}	(0,17) ^{ns}	(-0,07) ^{ns}	(0,17) ^{ns}	(0,17) ^{ns}	(0,12) ^{ns}	(0,12) ^{ns}	—
	E	-0,04	0,04	-0,04	0,04	0,04	-0,11	-0,11	—
BP	G	0	0	0	0	0	0	0	—
	F	(0,03) ^{ns}	(-0,02) ^{ns}	(0,03) ^{ns}	(-0,02) ^{ns}	(0,03) ^{ns}	(-0,02) ^{ns}	(-0,02) ^{ns}	—
	E	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	—
EF	G	0	0	0	0	0	0	0	—
	F	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	—
	E	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	—
MG	G	0	0	0	0	0	0	0	—
	F	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	—
	E	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	-0,001	—

*significativo a 5% de probabilidade
** significativo a 1% de probabilidade

PR- produção de grãos, AL- altura de plantas, FL- floração, MP- incidência de mancha parda, BF- brusone da folha, BP- brusone do pesoco, EF- escaldadura da folha, MG- mancha de grãos, ME- mancha estreita.

TABELA 16 - Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração S_{02} , ensaio de ciclo médio. Lambari - MG, 1992/1993.

	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME
PR G	0,39* ± 0,0249	0,85** ± 0,03	-0,26 ^{ns} ± 0,04	—	0	0,17 ^{ns} ± 0,06	0,38 ^{ns} ± 0,064	0
PR F	(0,39)**	(0,37)**	(-0,17) ^{ns}	—	(0,45)**	(0,16) ^{ns}	(-0,19) ^{ns}	(0,13) ^{ns}
PR E	0,39	-0,20	-0,07	—	-0,08	0,17	-0,06	-0,003
AL G	0,40* ± 0,029	0,082 ^{ns} ± 0,04	0,082 ^{ns} ± 0,04	—	0	0,49* ± 0,058	0,15 ^{ns} ± 0,059	0
AL F	(0,18) ^{ns}	(0,086) ^{ns}	(-0,081) ^{ns}	—	0	(0,28)**	(-0,025) ^{ns}	(0,13) ^{ns}
AL E	-0,10	0,10	-0,07	—	0,13	0,08	0,08	-0,09
FL G	-0,36 ^{ns} ± 0,05	-0,36 ^{ns} ± 0,05	0	—	0,076 ^{ns} ± 0,08	0,003 ^{ns} ± 0,08	0,003 ^{ns} ± 0,08	0
FL F	(-0,15) ^{ns}	(-0,36)**	(-0,055) ^{ns}	—	-0,04	(-0,006) ^{ns}	(-0,006) ^{ns}	(0,064) ^{ns}
FL E	0,02	0,28	-0,02	—	-0,02	-0,02	-0,10	0
MP G	—	—	0	—	0,70* ± 0,095	0,95** ± 0,12	0,95** ± 0,12	0
MP F	—	—	(0,039) ^{ns}	—	(0,28)**	(0,58)**	(-0,068) ^{ns}	0
MP E	—	—	0,05	—	0,05	0,40	-0,23	-0,23
BF G	—	—	—	—	—	—	—	—
BF F	—	—	—	—	—	—	—	—
BF E	—	—	—	—	—	—	—	—
BP G	—	—	0	—	0	0	0	0
BP F	—	—	(0,23)*	—	(-0,009) ^{ns}	(-0,009) ^{ns}	(-0,086) ^{ns}	0
BP E	—	—	-0,12	—	-0,12	-0,12	-0,40	-0,40
EF G	—	—	0,24 ^{ns} ± 0,149	—	0	0	0	0
EF F	—	—	(-0,12) ^{ns}	—	0	0	0	0
EF E	—	—	0,07	—	0,07	0,07	0,22	-0,22
MG G	—	—	—	—	—	—	—	—
MG F	—	—	—	—	—	—	—	—
MG E	—	—	—	—	—	—	—	—
E	—	—	—	—	—	—	—	—

*significativo a 5% de probabilidade

** significativo a 1% de probabilidade

PR - produção de grãos, AL - altura de plantas, FL - floração, MP - incidência de mancha parda, BF - brusone da folha, BP - brusone do pescoço, EF - escaldadura da folha, MG - mancha de grãos, ME - mancha estreita.

TABELA 17 - Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração S_{0.3}, ensaio precoce. Lambari - MG, 1993/1994.

	r	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME
PR	G	0,02 ^{ns} ± 0,11	0	-0,06 ^{ns} ± 0,06	0	-0,42 ^{ns} ± 0,11	0	0	0
	F	(0,11) ^{ns}	(0,02) ^{ns}	(0,05) ^{ns}	(0,01) ^{ns}	(0,21)*	(-0,12) ^{ns}	(0,20)*	(-0,08) ^{ns}
	E	0,16	0,05	0,14	0,13	-0,12	0,003	-0,05	-0,06
AL	G		0	-0,89 ^{ns} ± 0,254	0	-1,19 ^{ns} ± 0,5	0	0	0
	F		(0,11) ^{ns}	(-0,16) ^{ns}	(-0,16) ^{ns}	(-0,13) ^{ns}	(-0,02) ^{ns}	(-0,15) ^{ns}	(0,06) ^{ns}
	E		0,23	0,05	0,08	0,09	0,07	-0,17	0,021
FL	G			0	0	0	0	0	0
	F			(0,12) ^{ns}	(0,09) ^{ns}	(-0,19) ^{ns}	(-0,08) ^{ns}	(0,06) ^{ns}	(-0,06) ^{ns}
	E			0,12	0,08	-0,11	-0,08	0,09	-0,001
MP	G				0	0,27 ^{ns} ± 0,223	0	0	0
	F				(0,07) ^{ns}	(-0,03) ^{ns}	(-0,13) ^{ns}	(0,38)**	(0,05) ^{ns}
	E				0,23	-0,13	-0,08	0,29	-0,09
BF	G					0	0	0	0
	F					(0,20)*	(0,04) ^{ns}	(0,16) ^{ns}	(0,11) ^{ns}
	E					-0,13	0	0,06	0,09
BP	G						0	0	0
	F						(0,17) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(0,12) ^{ns}
	E						0,1	0,1	0,02
EF	G							0	0
	F							(0,01) ^{ns}	(0,07) ^{ns}
	E							0,09	0,14
MG	G								0
	F								(-0,15) ^{ns}
	E								0,08

*significativo a 5% de probabilidade

** significativo a 1% de probabilidade

PR- produção de grãos, AL- altura de plantas, FL- floração, MP- incidência de mancha parda, BF- brusone da folha, BP- brusone do pescoço, EF- escaudadura da folha, MG- mancha de grãos, ME- mancha estreita.

TABELA 18 - Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração S_{0,3}, ensaio do ciclo médio. Lambari - MG, 1993/1994.

	r	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME
PR	G	0,34 ^{ns} ± 0,067	0,66** ± 0,03	0,03 ^{ns} ± 0,063	- 0,03 ^{ns} ± 0,05	- 0,49* ± 0,05	- 0,58 ^{ns} ± 0,18	- 0,23 ^{ns} ± 0,05	0
	F	(0,29)**	(0,43)**	(-0,15) ^{ns}	(- 0,13) ^{ns}	(- 0,22)*	(- 0,05) ^{ns}	(- 0,27)*	(0,10) ^{ns}
	E	0,27	0,10	-0,29	-0,22	0,03	0,16	-0,23	-0,17
AL	G		0,36 ^{ns} ± 0,050	0,75* ± 0,106	0,55 ^{ns} ± 0,084	- 0,26 ^{ns} ± 0,08	- 0,49 ^{ns} ± 0,32	0,10 ^{ns} ± 0,088	0
	F		(0,24)*	(0,14) ^{ns}	(0,12) ^{ns}	(- 0,06) ^{ns}	(- 0,02) ^{ns}	(- 0,02) ^{ns}	(0,03) ^{ns}
	E		0,16	-0,16	-0,13	0,06	0,11	-0,09	0,03
FL	G			- 0,20 ^{ns} ± 0,05	- 0,23 ^{ns} ± 0,04	- 0,6** ± 0,04	- 0,13 ^{ns} ± 0,14	- 0,16 ^{ns} ± 0,04	0
	F			(- 0,09) ^{ns}	(- 0,14) ^{ns}	(- 0,35)**	(- 0,03) ^{ns}	(- 0,10) ^{ns}	(0,001) ^{ns}
	E			0,01	-0,06	-0,08	0,02	-0,04	0,05
MP	G				0,68* ± 0,086	0,38 ^{ns} ± 0,079	- 0,21 ^{ns} ± 0,31	0,53 ^{ns} ± 0,113	0
	F				(0,35)**	(0,16) ^{ns}	(- 0,03) ^{ns}	(0,57)**	(0,20)*
	E				0,16	0,04	0,02	0,59	0,16
BF	G					- 0,23 ^{ns} ± 0,07	- 0,79 ^{ns} ± 0,25	0,81** ± 0,07	0
	F					(0,02) ^{ns}	(- 0,20)*	(0,36)**	(- 0,003) ^{ns}
	E					0,19	-0,03	0,06	-0,07
BP	G						- 0,19 ^{ns} ± 0,24	0,26 ^{ns} ± 0,067	0
	F						(0,04) ^{ns}	(0,09) ^{ns}	(0,09) ^{ns}
	E						0,11	-0,02	-0,05
EF	G							0,10 ^{ns} ± 0,239	0
	F							(0,04) ^{ns}	(- 0,12) ^{ns}
	E							0,03	0,10
MG	G								0
	F								(0,06) ^{ns}
	E								0,18

*significativo a 5% de probabilidade

** significativo a 1% de probabilidade

PR- produção de grãos, AL- altura de plantas, FL- floração, MP- incidência de mancha parda, BF- brusone da folha, BP- brusone do pescoço, EF- escaldadura da folha, MG- mancha de grãos, ME- mancha estreita.

TABELA 19 - Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração S₀₃, ensaio precoce. Cambuquira - MG, 1993, 1994.

	T	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME
PR	G	0	-1,55 ^{ns} ± 2,13	0	—	0	0	0,08 ^{ns} ± 0,15	0
	F	(0,10) ^{ns}	(-0,27)**	(0,10) ^{ns}	—	(0,05) ^{ns}	(-0,24)*	(0,02) ^{ns}	(0,12) ^{ns}
	E	0,23							
AL	G	0	0	0	—	0	0	0	0
	F	(0,03) ^{ns}	(0,008) ^{ns}	(0,11) ^{ns}	—	(0,08) ^{ns}	(0,05) ^{ns}	(0,05) ^{ns}	(-0,09) ^{ns}
	E	-0,03	0,24	0,09		-0,02	-0,26		0,03
FL	G	0	0	0	—	0	0	-0,80 ^{ns} ± 4,9	0
	F	(-0,05) ^{ns}	(-0,21)*	(-0,27)**	—	(0,27)**	(0,10) ^{ns}	(0,10) ^{ns}	(0,03) ^{ns}
	E	-0,15	-0,28	0,13		0,13	0,16		-0,06
MP	G	—	0	0	—	0	0	0	0
	F	(0,04) ^{ns}	(-0,12) ^{ns}	(-0,12) ^{ns}	—	(-0,12) ^{ns}	(0,02) ^{ns}	(0,23)*	0,28
	E	0,19	-0,03	0,16		0,16	0,16		
BF	G	—	—	—	—	—	—	—	—
	F	0	0	0		0	0		
	E	0,07	0,12	0,15		0,07	0,12		
BP	G	0	0	0		0	0		0
	F	(0,05) ^{ns}	(0,10) ^{ns}	(0,09) ^{ns}		(0,05) ^{ns}	(0,10) ^{ns}		(0,09) ^{ns}
	E	0,15	0,12	0,15		0,15	0,12		0
EF	G	0	0	0		0	0		0
	F	(-0,06) ^{ns}	(0,13) ^{ns}	(-0,06) ^{ns}		(-0,06) ^{ns}	(0,13) ^{ns}		(-0,06) ^{ns}
	E	0,11	0,20	0,11		0,11	0,20		0
MG	G	0	0	0		0	0		0
	F	(0,03) ^{ns}	(0,03) ^{ns}	(0,03) ^{ns}		(0,03) ^{ns}	(0,03) ^{ns}		(0,03) ^{ns}
	E	0,02	0,02	0,02		0,02	0,02		0,02

*significativo a 5% de probabilidade

** significativo a 1% de probabilidade

PR- produção de grãos, AL- altura de plantas, FL- floração, MP- incidência de mancha parda, BF- brusone da folha, BP- brusone do pescoço, EF- escaldadura da folha, MG- mancha de grãos, ME- mancha estreita.

TABELA 20 - Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais dos caracteres avaliados nas famílias da geração S_{0:3}, ensaio de ciclo médio. Cambuquira - MG, 1993/1994.

I	AL	FL	MP	BF	BP	EF	MG	ME
PR	G	0,21 ^{ns} ± 0,027	-0,28 ^{ns} ± 0,1	0,55* ± 0,055	-0,1 ^{ns} ± 0,08	-0,44 ^{ns} ± 0,1	0,49 ^{ns} ± 0,107	0
	F	(0,16) ^{ns}	(-0,19) ^{ns}	(0,24)*	(-0,07) ^{ns}	(-0,38)**	(0,04) ^{ns}	(-0,07) ^{ns}
	E	0,09	-0,07	-0,002	-0,06	-0,34	-0,19	-0,04
	G		0,26 ^{ns} ± 0,017	0,02 ^{ns} ± 0,035	-0,44 ^{ns} ± 0,053	-0,34 ^{ns} ± 0,038	0,21 ^{ns} ± 0,068	0
AL	F	(0,19) ^{ns}	(0,19) ^{ns}	(-0,02) ^{ns}	(-0,18) ^{ns}	(-0,18) ^{ns}	(0,06) ^{ns}	(0,1) ^{ns}
	E	0,03	0,08	-0,08	0,03	-0,004	-0,05	-0,16
	G		0,20 ^{ns} ± 0,036	0,20 ^{ns} ± 0,036	-0,6** ± 0,05	-0,01 ± 0,04	0,62* ± 0,073	0
	F		(0,07) ^{ns}	(0,07) ^{ns}	(-0,33)**	(0,06) ^{ns}	(0,31)**	(0,03) ^{ns}
	E		-0,08	-0,08	-0,10	0,15	0,13	-0,05
MP	G				-0,28 ^{ns} ± 0,1	-0,09 ^{ns} ± 0,1	0,03 ^{ns} ± 0,141	0
	F				(-0,04) ^{ns}	(-0,08) ^{ns}	(0,15) ^{ns}	(0,12) ^{ns}
	E				0,08	-0,07	0,20	0,08
BF	G							
	F							
	E							
BP	G							
	F							
	E							
EF	G							
	F							
	E							
MG	G							
	F							
	E							

*significativo a 5% de probabilidade

** significativo a 1% de probabilidade

PR- produção de grãos, AL- altura de plantas, FL- floração, MP- incidência de mancha parda, BF- brusone da folha, BP- brusone do pescoço, EF- escaldadura da folha, MG- mancha de grãos, ME- mancha estreita.

5 DISCUSSÃO

Os dois locais utilizados na avaliação das famílias $S_{0.3}$ - Lambari e Cambuquira, apesar de serem semelhantes quanto a latitude e longitude, apresentam características microclimáticas bem distintas. Em Lambari, a área experimental localiza-se em um vale cercado de uma grande serra coberta por uma floresta nativa. Essa condição favorece a ocorrência de alta umidade relativa e maior nebulosidade que propiciam o desenvolvimento de vários patógenos da cultura do arroz. Por isso esse local é freqüentemente escolhido pelos melhoristas de arroz do estado, quando desejam avaliar a ocorrência de doenças nos materiais genéticos. Já em Cambuquira, as condições não são tão favoráveis a ocorrência de doenças.

A precisão dos experimentos avaliada pelo coeficiente de variação diferiu entre os caracteres. Considerando, contudo, a produção de grãos, constata-se que as estimativas do CVe % foram acima de 24 %. Esses valores são superiores aos normalmente obtidos em experimentos de avaliação de linhagens conduzidos na região (Soares, 1992). São também superiores aos encontrados por Rangel, Zimmermann e Neves (1995), quando da avaliação das mesmas famílias $S_{0.2}$, desse trabalho, realizada em Goiânia (GO) e no Formoso do Araguaia (TO).

A baixa precisão experimental é, sem dúvida nenhuma, o principal fator a reduzir a eficiência com a seleção. Nesse contexto, alternativas devem ser procuradas visando melhorar a precisão experimental. Há vários fatores que podem influenciar na estimativa do quadrado médio do erro e conseqüentemente do coeficiente de variação. O primeiro deles é a heterogeneidade da área experimental. Em Lambari especialmente, é provável que esse tenha sido o principal fator. A área utilizada foi recentemente sistematizada com grande movimentação de solo. A ocorrência de cortes e aterros contribuíram para o surgimento de um gradiente de fertilidade e

consequentemente maior heterogeneidade ambiental. Esse fator foi discutido por Soares (1992) como um agravante no sucesso da seleção em condições de várzeas.

Um segundo fator a contribuir para a precisão experimental é o tamanho da parcela. Na cultura do arroz é comum utilizar-se parcela de quatro a seis linhas de cinco metros de comprimento (Soares, 1992). Nesse trabalho a parcela era constituída por apenas uma linha de dois metros, portanto, com dimensões bem inferiores a comumente utilizada. Deve ser enfatizado contudo, que, especialmente nas primeiras avaliações das famílias, é impossível utilizar-se de parcelas maiores devido a pouca disponibilidade de sementes. Há relatos na literatura de que nessa condição o emprego de parcelas menores é factível. Assim é que em algumas espécies já foi constatado ser possível obter a precisão experimental semelhante a da parcela padrão utilizando microparcels, em feijão (Bertolucci, 1990) e soja (Carnielli, 1989). Com o arroz de sequeiro, Vieira (1996) mostrou a viabilidade de se trabalhar com parcelas de duas a três linhas e comprimento em torno de dois metros, sem que haja alteração expressiva da precisão experimental. Infere-se assim que, embora o tamanho da parcela possa ter contribuído para a menor precisão experimental, provavelmente ele não foi o principal fator.

O controle local, através da escolha do delineamento mais apropriado também pode afetar a precisão experimental (Steel e Torrie, 1980; Pimentel Gomes, 1990). Nesse trabalho, o delineamento utilizado foi o de blocos incompletos do tipo látice quadrado, que é eficiente em reduzir a heterogeneidade ambiental dentro das repetições, especialmente quando o número de tratamentos é excessivo, como foi o caso desse trabalho onde foram avaliadas 100 famílias (Cochran e Cox, 1966). A eficiência do látice em relação aos blocos casualizados para produção de grãos, variou de 100,1% a 111,98% evidenciando que, de um modo geral, o emprego desse delineamento foi vantajoso. É oportuno enfatizar que atualmente, nos ensaios de avaliação de famílias do programa de seleção recorrente tem sido utilizado o delineamento de blocos aumentados (Zimmermann, 1995). Seria interessante que antes do uso generalizado desse delineamento nas áreas de várzeas recém-sistematizadas, a sua eficiência fosse avaliada.

A condução do experimento também pode afetar a precisão experimental. Um dos fatores associado a isso é o estande. Neste caso, devido a semeadura ter sido feita por sementes em uma área relativamente úmida, acarretou algumas falhas na cultura. Essas diferenças no estande foram atenuadas através de transplântio de mudas de uma parcela para outra. É preciso salientar também que para a cultura do arroz tem sido constatado que a diferença de estande entre as parcelas na

maioria dos casos não é um problema sério, devido a capacidade de compensação realizada pela plantas vizinhas à falha (Gomez e Gomes, 1978). Assim, é provável que a diferença no estande não tenha exercido efeito expressivo sobre a precisão experimental.

A ocorrência de plantas daninhas também pode afetar a precisão do experimento, isso porque sua distribuição na área nem sempre é homogênea e assim ocorre diferença em competição entre as parcelas. Na área experimental em que foram conduzidos esse trabalho, a ocorrência de tiriricão (*Cyperus esculentus*) é grande. Como o controle dessa planta daninha nem sempre é fácil, é provável que sua ocorrência tenha contribuído para aumentar a estimativa do coeficiente de variação, sobretudo devido a competição diferencial exercida logo após a emergência das plântulas.

Ainda com relação à precisão experimental é necessário comentar a respeito da avaliação das doenças. A ocorrência dos patógenos na maioria das vezes não é uniforme na área experimental, o que contribuiu para reduzir a precisão na avaliação dessas características. Além do mais, elas são avaliadas por meio de uma escala de notas que é subjetiva, variando de um a nove. Nessa condição normalmente há problemas na análise de variância. É importante ressaltar que neste trabalho, foram feitas transformações dos dados de doença por meio de raiz quadrada, o que não resultou em uma redução do coeficiente de variação ambiental, logo, foram utilizados os dados originais.

Quando se analisou a produção de grãos nos dois locais, na geração $S_{0.3}$ observou-se que, para o material precoce o efeito de local não foi significativo. Entretanto, para o material de ciclo médio ocorreu o contrário, como já comentado. Embora, as condições de Lambari favoreçam a ocorrência de doenças, nesse local a produtividade média foi superior a de Cambuquira. Neste contexto alguns comentários adicionais são necessários. O primeiro deles é que a semeadura em Cambuquira (12/11/93) ocorreu praticamente um mês após a de Lambari (16/10/93). Não foram encontradas para a região informações a respeito de época de semeadura. Contudo, dados disponíveis para a cultura do milho, por exemplo, apontam que há sensível redução na produtividade com o atraso na semeadura (Souza, 1989). Talvez essa seja a principal razão para a menor produtividade em Cambuquira. Um segundo fator é com relação a incidência de doenças. É provável que nesse ano agrícola as doenças tenham ocorrido mais tardiamente em Lambari, com menor reflexo na produção de grãos. Esse fato, justifica a ocorrência de correlação genética positiva entre produção de grãos e incidência de brusone do pescoço.

Em Lambari foram avaliadas as gerações $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ e, conforme já comentado o efeito de gerações está confundido com o de anos. Observou-se que o efeito de anos para produção de grãos foi significativo tanto no material precoce como no médio. A produção de grãos foi maior no segundo ano e sob o ponto de vista de genética não há condições da geração $S_{0.3}$ superar a $S_{0.2}$. O máximo que poderia ocorrer, desconsiderando os efeitos ambientais, é a média das duas gerações serem iguais; isso ocorreria na ausência de dominância (Mather e Jinks, 1977). Dessa forma, pode-se inferir que a superioridade da geração $S_{0.3}$ em relação a $S_{0.2}$ é toda ambiental, isto é, devida ao efeito de anos. Considerando que no segundo ano a incidência dos principais patógenos da cultura de arroz, foi menor, infere-se que a maior produção de grãos na segunda avaliação foi devido ao plantio ter sido realizado mais cedo, diminuindo a ocorrência de doenças.

A ocorrência de interação genótipo x ambiente é fundamental para orientar o trabalho do melhorista. No caso presente, não foi constatada interação significativa entre famílias x locais, mas ocorreu interação família x ano entre o material precoce. As estimativas da correlação entre média das famílias nos dois locais e nos dois anos corroboram essa observação. Isto é, no caso de locais a correlação genética foi muito alta ($r_G = 0,85$) ao passo que, no caso dos anos a estimativa foi praticamente a metade (0,49). Para o material de ciclo médio tanto a interação famílias x locais como famílias x anos não foram significativas. Nesse caso, para que a interação ocorra há necessidade de variação nos ambientes e também nos materiais genéticos. Detectou-se efeito significativo tanto entre famílias como entre os locais e também entre anos, e mesmo assim a interação foi não significativa. Um outro resultado que contribui para reforçar essa informação, como já comentado para o precoce, é a estimativa das correlações genéticas entre médias das famílias nos ambientes envolvidos que foram altas e positivas ($r = 0,97$, envolvendo os dois locais e $r = 0,97$ para os dois anos).

Uma hipótese que poderia ser usada para explicar a falta de interação família x ambiente seria a plasticidade nas primeiras gerações. Allard e Bradshaw (1964) comentam que a diversidade genética, tanto em heterozigotos quanto em misturas de genótipos diferentes, geralmente leva à estabilidade sob várias condições ambientais. Evidências mais recentes sugerem que heterose e tamponamento individual podem ter substancial contribuição no aumento e estabilização da produção em espécies autógamas. Logo, uma explicação plausível pela ausência significativa de interação seria o efeito tamponante que tem as famílias segregantes, uma vez que, elas são

constituídas de uma mistura de genótipos; se alguns não apresentam bom desempenho em um dado ambiente o outro pode compensar.

A ausência de interação família x local possibilita inferir que o comportamento das famílias foi coincidente em ambos os locais. Assim a seleção dos materiais pode ser realizada baseando-se na média. Além do mais, a confirmar-se esse resultado, as futuras avaliações de famílias nessa região poderão se restringir a ensaios conduzidos em apenas um desses locais.

Para que o estudo dos parâmetros genéticos e fenotípicos possam contribuir eficientemente na escolha de estratégias de seleção simultânea para mais de um carácter, o conhecimento da magnitude e da direção das correlações genéticas entre caracteres é imprescindível. Constatou-se que as estimativas obtidas de correlação genética não foram consistentes entre locais ou entre anos. Isso poderia ser atribuído, pelo menos em parte, à interação genótipo x ambientes, mas neste caso estas interações não foram significativas. Deve ser enfatizado que os erros dessas estimativas foram altos, sendo essa uma das prováveis razões para a inconsistência nos resultados. Uma outra explicação foi a grande variação nas estimativas da variância genética, dos caracteres envolvidos entre os ambientes. Pela própria expressão da correlação é fácil inferir que se as variâncias genéticas são diferentes a estimativa da correlação também o será.

Apesar dessa restrição, algumas considerações importantes podem ser feitas a respeito das estimativas obtidas. A produção de grãos e altura das plantas na geração $S_{0.2}$ apresentaram correlação genética positiva. Isso evidencia que a seleção para maior produção de grãos implicará em aumento na altura das plantas. Como a altura das plantas está diretamente associada com o acamamento, uma alternativa seria utilizar um índice de seleção visando pelo menos manter a altura atual das cultivares disponíveis.

Outra correlação positiva e significativa foi entre produção de grãos e floração, no ensaio de ciclo médio das duas gerações. Isso mostra que o melhoramento no sentido de aumentar a produção certamente causaria um acréscimo no número de dias para florescimento. Assim, poderia se explicar a causa da maior média de produção ocorrida nos ensaios de ciclo médio. Esses resultados estão de acordo com os trabalhos dos autores Nei (1960) e Saini e Gagneja (1975).

Entre os patógenos que podem infectar o arroz, o mais importante é a *Pyricularia oryzae*, agente causal da brusone. Esse patógeno afeta as folhas, os nós do colmo, as bainhas, as várias partes dos cachos ou panículas e até os grãos, com reflexos diretos na produção. Assim, tem se

tornado um dos principais objetivos dos programas de melhoramento, a obtenção de materiais mais resistentes a esse patógeno. Como foi constatado nesse trabalho, obteve-se estimativas de correlação genética negativa entre as notas de dano desse patógeno com a produção de grãos e também com o número de dias para a floração. Isso implica que a seleção para a maior resistência a brusone acarretará um alongamento no ciclo e maior produção de grãos. Esses resultados também foram encontrados por Rangel, Zimmermann e Neves (1995).

As correlações genéticas positivas entre os danos acarretados pelos patógenos avaliados também são importantes, isso porque possibilita antever que a seleção efetuada sobre o patógeno predominante deverá acarretar maior resistência também aos outros patógenos.

As estimativas dos componentes da variância genética possibilitam não só antever o sucesso com a seleção, mas também comparar o potencial seletivo de duas ou mais populações. Pode-se atingir esses objetivos utilizando as estimativas do coeficiente de variação genético e da herdabilidade. Nesse trabalho, quando se compara os CV's genéticos para produção de grãos das famílias dos dois ciclos (precoce e médio), observou-se que ambos foram altos na geração $S_{0.2}$, porém isso não prevaleceu na $S_{0.3}$, ocorrendo redução nas estimativas obtidas. Observando a distribuição de frequência das médias da produção de grãos (Figuras 2, 3 e 4) essa constatação anterior é evidenciada. Constatou-se que, em relação a média, a amplitude de variação do material precoce foi semelhante ao material de ciclo médio na geração $S_{0.2}$ e $S_{0.3}$ em Lambari, sendo contudo inferior na geração $S_{0.3}$ em Cambuquira. Depreende-se, então, que a baixa precisão experimental dos experimentos precoces na geração $S_{0.3}$, provavelmente, contribuiu para reduzir a estimativa da variância genética entre as famílias e consequentemente a estimativa do coeficiente de variação genética. Isso ocorreu não só para produção de grãos, mas principalmente para os caracteres avaliados por meio de nota. A partir desse resultado poder-se-ia inferir que os dois materiais (precoce e médio) liberaram variabilidade genética sendo, portanto, promissores para seleção.

O conceito de herdabilidade é comumente associado com a predição do ganho genético com a seleção, ou seja, esta estimativa possibilita ao melhorista antever o sucesso com a seleção (Falconer, 1987). As estimativas de herdabilidade no sentido amplo, obtidas pelos componentes de variância, foram de um modo geral, maiores que as estimativas da herdabilidade realizada e herdabilidade obtida pela regressão. Resultados semelhantes a esses foram relatados por Gonçalves (1995) e Collicchio (1995) na avaliação de famílias de feijão no Sul de Minas. Essa

diferença está associada ao fato de que a estimativa da herdabilidade no sentido amplo contém no numerador além da σ^2_A , as estimativas de σ^2_D , D_1 , e D_2 , o que torna este valor superestimado, pois não foi possível isolar estas estimativas. Outro fato é que normalmente os componentes de variância apresentam erros elevados, os quais afetam as estimativas de herdabilidade (Vello e Vencovsky, 1974). Uma última causa, embora não tenha sido significativa nesse trabalho, é o efeito da interação famílias x anos que inflaciona a estimativa da variância genética o que não ocorre com a mesma intensidade nas outras estimativas.

Dentre os três métodos utilizados na obtenção das estimativas de herdabilidade, a mais importante é a herdabilidade realizada, pois ela é a que melhor reflete o que realmente o melhorista conseguiria com a seleção. Neste trabalho, as estimativas da herdabilidade realizada em $S_{0:3}$ pela seleção efetuada na $S_{0:2}$ podem ser consideradas de média a alta para o material de ciclo médio. Tomando como referência a produção de grãos, a herdabilidade foi de 34,8%. Valor esse que é superior ao relatado por Morais (1992), Morais, Castro e Sant'ana (1995), porém inferiores aos encontrados por Rangel, Zimmermann e Neves (1995). Deve ser mencionado que essas comparações devem ser realizadas com ressalva pois, a estimativa da herdabilidade, como já visto, depende do método utilizado e da população sob seleção.

No tocante ao material de ciclo precoce, a herdabilidade realizada foi nula, reforçando o aspecto já comentado anteriormente de que a precisão experimental obtida na avaliação desse tipo de família teria conseqüências no sucesso da seleção.

Diante dos resultados obtidos neste trabalho, pode-se inferir que as populações que estão sendo utilizadas no programa de seleção recorrente, coordenado pelo Centro Nacional de Pesquisas em Arroz e Feijão, apresentam um alto potencial de seleção, principalmente os materiais de ciclo médio. Porém, esses resultados reforçam a necessidade de uma maior preocupação, por parte dos pesquisadores, com a precisão experimental. Isso porque, especialmente em um programa de seleção recorrente, somente devem ser recombinadas as melhores famílias.

Um outro aspecto da seleção recorrente que merece reflexão é o número de gerações de avaliações, isto é, avaliação apenas das famílias $S_{0:2}$, ou condução dessas avaliações por mais algumas gerações. A teoria de genética quantitativa possibilita algumas inferências. No numerador da expressão do ganho genético com a seleção está contida a covariância entre a família na geração sob seleção e na geração da descendência, que pode ser qualquer geração subsequente, inclusive a geração $S_{0:\infty}$, que é realmente a que interessa. A covariância $S_{0:X}$ com $S_{0:\infty}$ conterá além

da variância genética aditiva, também os componentes D_1 e D_2 , porque na seleção recorrente dificilmente a frequência alélica será $\frac{1}{2}$ (Souza Júnior, 1989). Esse autor também mostra que essa covariância é obtida pela expressão:

$$\text{Cov}_{(S_{0,x}, S_{0,\infty})} = (1 + F_x)\sigma_A^2 + (1 + F_g + 2F_x)D_1 + \left[\left(\frac{F_g + F_x}{2}\right)\right]D_2$$

Como nesse trabalho foi utilizado o método de bulk dentro de família S_0 , que corresponde a F_2 , o coeficiente de endogamia na geração de referência (F_x) é igual a zero. Assim, o coeficiente da variância aditiva não muda, ou seja, será sempre um, independente da geração sob seleção. Já os coeficientes D_1 e D_2 modificam em função da geração em que a seleção será efetuada, pois o F_g corresponde ao coeficiente de endogamia na geração sob seleção. Assim, quando a seleção é efetuada na geração $S_{0,2}$, isso equivale a geração F_4 , e portanto $F_g = 3/4$. Portanto, na geração $S_{0,2}$ a $\text{Cov}_{(S_{0,2}, S_{0,\infty})} = \sigma_A^2 + 1,75D_1 + 0,375D_2$. Já na $S_{0,3}$ o coeficiente de endogamia é $F_g = 7/8$, sendo a $\text{Cov}_{(S_{0,3}, S_{0,\infty})} = \sigma_A^2 + 1,88D_1 + 0,438D_2$.

O coeficiente D_1 , por ser uma covariância, pode ser negativo. Isso ocorre quando a população possui a frequência do alelo favorável inferior a 0,5. Nessa condição, o coeficiente de D_1 assume uma grande importância, pois poderá até haver redução no ganho com avaliações adicionais. Ainda há falta de informações a respeito da estimativa de D_1 para a cultura do arroz. A única estimativa encontrada na literatura foi a de Moraes (1992) que não possibilita nenhuma inferência haja visto o grande erro associado a estimativa obtida.

Do exposto, considerando os resultados obtidos nesse trabalho, sobretudo a respeito da pequena contribuição da interação famílias x anos e as observações teóricas mencionadas anteriormente, não há necessidade das avaliações serem postergadas além de $S_{0,2}$. Contudo, mais informações devem ser obtidas na região visando confirmar se a participação da interação famílias x anos na variação fenotípica é expressiva ou não.

6 CONCLUSÕES

1. A população de ciclo médio mostrou ser promissora para a continuidade no programa de seleção recorrente, em função da sua produtividade média e da variabilidade disponível para a seleção. No material de ciclo precoce, devido a menor precisão experimental, o mesmo fato não foi constatado.
2. A contribuição da interação famílias x anos para a variação fenotípica total foi pequena, indicando que não há necessidade das avaliações das famílias do programa de seleção recorrente serem realizadas além da geração $S_{0.2}$.
3. A interação famílias x locais não foi expressiva, o que possibilita inferir que nas próximas avaliações os experimentos podem ser conduzidos em apenas um dos locais, de preferência em Lambari, por exercer maior pressão de brusone, doença mais importante da cultura do arroz.
4. A correlação genética negativa entre nota de danos de brusone com produção de grãos, evidencia a necessidade de obtenção de materiais resistentes a essa doença nos programas de seleção recorrente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implication of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.4, n.5, p.503-507. 1964.
- BERTOLUCCI, F.L.G. **Tamanho de parcela para avaliação de progênies do feijoeiro**. Lavras: ESAL, 1990. 100p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- CARNIELLI, A. **Representatividade de parcelas com tamanho reduzido para avaliação de caracteres agronômicos de soja (*Glycine max* L.)**. Piracicaba: ESALQ, 1989. 135p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- COCHRAN, W.G.; COX, G.M. **Experimental design**. 2.ed. New York: Jonh Wiley & Sons, 1966. 611p.
- COLLICCHIO, E. **Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos**. Lavras : UFLA, 1995. 98p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas).
- COMSTOCK, R.E.;ROBINSON, H.F. Estimation of average dominante of genes. In: Gowwen, J.W. (ed) **Heterosis**, Ames, Iowa Stete College Press, 1952. p.494-516.

- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. Imprensa Universitária, 1994. 390 p.
- CUTRIM, V. A. **Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado**. Lavras: ESAL, 1994. 92p. (Tese - Doutorado em Fitotecnia).
- DE DATTA, S.K. **Principles and practices of rice production**. New York, Jonh Wiley & Sons, 1981. 618p.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Manual de métodos de pesquisa em arroz**. 1º aproximação. Goiânia, CNPAF, 1977. 106p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, Imp. Univ. 1987. 279p.
- FEHR, W.R. Heritability. In: _____. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York, 1987. v.1 , cap.7. 279p.
- GERALDI, I.O. **Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento**. Piracicaba: ESALQ, 1977. 103p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- GOMEZ, K.A.; GOMES, A.A. **Statistical procedures for agricultural research**, 2 ed. New York: John Wiley & Sons, 1978. 679p.
- GONÇALVES, P.R. **Obtenção de linhagens de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) com grão tipo carioca e resistentes a antracnose e mancha angular**. Lavras: UFLA, 1995. 85p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas).
- GONZÁLEZ, J. Orígen, taxonomía y anatomía de la planta de arroz. In: _____. **Arroz: investigación y producción**. Cali: CIAT, 1985. Cap. II. p. 45-64.

- GUIMARÃES, E. P. & MORAIS, O. P. Uplande rice released in Brazil. **International Rice Research Newsletter**. Philippines. v.12, n.5, p. 4. out. 1987
- IKEHASHI, H.; FUJIMAKI, H. Modified Bulk population method for rice breeding. In: INTERNATIONAL RICE RESEARCH INSTITUTE (ed.). **Inovative approaches to rice breeding**. Selected papers from the 1979 international rice research conferende Philippines, Los Baños, International Rice Research Institute, 1980. p. 163-182.
- JENNINGS, P.R.; COFFMAN, W.R.; KAUFFMAN, H.E. **Mejoramiento del arroz**. Cali, Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, 1981. 233p.
- JENNINGS, P.R.; COFFMAN, W.R.; KAUFFMAN, H.E. Mejoramiento del arroz. In: _____. **Arroz: investigación y producción**. Cali: CIAT, 1985. Cap. V. p. 203-232.
- LOPES, A. M. **Análise genética dos componentes de produção num dialelo entre seis cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) em dois regimes hídricos**. Viçosa, UFV, Imp. Univ., 1984. 135p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas).
- MATHER, K.; JINKS, J.L. **Introdução à genética biométrica**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1977. 242p.
- MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índices de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade**. Viçosa, UFV, 1992. 251p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas).
- MORAIS, O.P.; CASTRO, E. da M. de.; SANT'ANA, E.P. Seleção recorrente em arroz de sequeiro no Brasil. In: TALLER INTERNACIONAL SOBRE SELEÇÃO RECORRENTE EM ARROZ, 1, Goiânia, 1995. Anais... Goiânia: CNPAF/EMBRAPA, 1995. p.166-195.

- NEI, M. Studies on the application of biometrical genetics to plant breeding. In: Nei M. **Memoirs of the College of Agriculture**, Japão, Kyoto University, 1960. 100p. n.82.
- NYQUIST, W.E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Reviews in Plant Science**, Boca Raton, v.10, n.3, p. 235-322. 1991.
- PEDROSO, B. A. **Arroz irrigado: Obtenção e manejo de cultivares**. Porto Alegre: Ed. Sagra, 1982. 175 p.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13ª ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 486p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C.B. **Genética na agropecuária**. São Paulo, Globo, 1989. 359p.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética quantitativa em plantas autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RANGEL, P. H. N. La selección recurrente mejora el arroz brasileño. **Arroz en las Américas**, Cali, v.13, n.1, p. 4-5. 1992.
- RANGEL, P.H.N.; NEVES, P.C.F. Seleção recorrente em arroz irrigado no Brasil. In: TALLER INTERNACIONAL SOBRE SELEÇÃO RECORRENTE EM ARROZ, 1, Goiânia, 1995. Anais... Goiânia: CNPAF/EMBRAPA, 1995. p.114-128.
- RANGEL, P. H. N. ; ZIMMERMANN,, F. J. P. ; NEVES, P. DE C. F. El CNPAF investiga: decrece en Brasil el rendimiento del arroz de riego? **Arroz en las Américas**, Cali, v. 13, n.1, p. 2-4. 1992.

- SAINI, S.S.; GAGNEJA, M.R. Inter-relationship between yield and agronomic characteres in short statured rice cultivares. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v.35, n.3, p. 441-445. 1975.
- SINDHU, J.S. Correlation in paddy. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi, v.33, n.3, p.314-318. 1973.
- SMITH, J.D.; KINMAN, M.L. The use of parent-off spring regression as an estimator of hereditability. **Crop Science**, Madison, v.5, p.595-596, 1965.
- SOARES, A. A. **Desempenho do melhoramento genético do arroz de sequeiro e irrigado na década de oitenta em Minas Gerais**. Lavras, ESAL, 1992. 188p. (Tese - Doutorado em Fitotecnia).
- SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. **Ganho genético em arroz irrigado por inundação, através do melhoramento, durante dezenove anos, em Minas Gerais**. Belo Horizonte: EPAMIG. 1994. (mimeografado).
- SOARES, P.C. **Correlações, coeficientes de trilha e resposta indireta à seleção em genótipos de arroz (*O. sativa* L.) cultivados em condições de irrigação por inundação contínua e em várzea úmida**. Viçosa, UFV, 1987. 72p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)
- SOARES, P. C.; SOARES A. A. Cultivares de arroz recomendadas para Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.10, n.114, p. 6-13. 1984.
- SOUZA, F.R.S. **Estabilidade de cultivares de milho (*Zea mays* L.) em diferentes épocas e locais de plantio em Minas Gerais**. Lavras: ESAL, 1989. 80p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- SOUZA, A. F.; MENDOÇA, A. C.; JÚNIOR, A. G. C.; MESQUITA, E.; AGUIAR, P. A.
PINTO, R. A. **Cultura do arroz**. Lavras: ESAL. 1986. 183p.
- SOUZA JUNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no
melhoramento vegetal**. Piracicaba, FEALQ, 1989. 134p.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**
2 ed. New York: McGraw-Hill, 1980. 633p.
- TAILLEBOIS, J. E.; GUIMARÃES, E. P. Seleção recorrente usando macho-esterelidade. In
REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA EM ARROZ, 3, Goiânia, 1987. **Anais...** Goiânia:
EMBRAPA-CNPAP, 1987. p.83
- TAILLEBOIS, J. E.; NEVES, P.C.F. CNA - IRAT a new indica rice population. **International
Rice Research Newsletter**, Philippines, v.14, n.3. p.5. 1989.
- TAKEDA, C. **Avaliação de progênies de feijoeiro do cruzamento "Esal 501" x "A354" em
diferentes ambientes**. Lavras: Esal, 1990. 82p. (Dissertação - Mestrado em Genética e
Melhoramento de plantas).
- VELLO, N.A.; VENCOVSKY, R. Variâncias associadas as estimativas de variância genética e
coeficiente de herdabilidade. In: ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA "LUIS DE
QUEIROZ". **Relatório Científico de 1974**. Piracicaba: ESALQ, 1974. p.238-248.
(Relatório 8).
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto:
Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VIEIRA, N. **Tamanho e forma de parcela experimental para avaliação de genótipos de arroz de sequeiro.** Goiânia - UFG, 1996. 80p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

YOSHIDA, S. **Fundamentals of rice crop science.** Los Baños, Phillipines: IRRI, 1981. 290p.

ZIMMERMANN, F.J.P. Estatística aplicada à seleção recorrente. In: TALLER INTERNACIONAL SOBRE SELEÇÃO RECORRENTE EM ARROZ, 1, Goiânia, 1995. **Anais...** Goiânia: CNPAF/EMBRAPA, 1995. p.27-30.