



DOUGLAS GOULART CASTRO

**MULTILINHA VISANDO ESTABILIDADE FENOTÍPICA E
RESISTÊNCIA A BRUSONE EM ARROZ**

**LAVRAS - MG
2019**

DOUGLAS GOULART CASTRO

**MULTILINHA VISANDO ESTABILIDADE FENOTÍPICA E RESISTÊNCIA A
BRUSONE EM ARROZ**

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

Profa. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

**LAVRAS - MG
2019**

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

Castro, Douglas Goulart.

Multilinhas visando estabilidade fenotípica e resistência a
brusone em arroz / Douglas Goulart Castro. - 2019.
66 p.: il.

Orientador (a): Flávia Barbosa Silva Botelho.

.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2019.
Bibliografia.

1. Oryza sativa. 2. melhoramento de plantas. 3. mistura
varietal. I. Botelho, Flávia Barbosa Silva. II. Título.

DOUGLAS GOULART CASTRO

**MULTILINHA VISANDO ESTABILIDADE FENOTÍPICA E RESISTÊNCIA A
BRUSONE EM ARROZ**

**MULTILINES AIMING PHENOTYPIC STABILITY AND RESISTANCE TO RICE
BLAST**

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

APROVADA em 08 de março de 2019.

Dr. Adriano Teodoro Bruzi	UFLA
Dra. Elaine Aparecida de Souza	UFLA
Dra. Aurinelza Batista Teixeira Condé	EPAMIG
Dra. Vanda Maria de Oliveira Cornélio	EPAMIG

Profa. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

**LAVRAS – MG
2019**

*Aos meus pais, Eduardo Gonçalves de Castro e Lusimar Goulart Duarte Castro, pelo apoio,
pelo exemplo, pelo carinho, amor, e pelos ensinamentos de vida.*

*Ao meu irmão Lucas Goulart Castro, que esteve do meu lado em todos os momentos dessa
longa caminhada.*

Dedico

Aos amigos e familiares, que de alguma forma me ajudaram nessa etapa de minha vida.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar sempre do meu lado me dando forças para seguir em frente.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Agricultura, pela oportunidade concedida para realização do doutorado.

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

Aos meus pais, Eduardo Gonçalves de Castro e Lusimar Goulart Duarte Castro, pelo imenso apoio e por sempre se fazerem presentes em minha vida.

Ao meu irmão Lucas, pelo companheirismo e apoio de sempre.

À professora Flávia Barbosa Silva Botelho, pela orientação, amizade, paciência e ensinamentos transmitidos.

Aos funcionários do Setor de Grandes Culturas, pela ajuda no desenvolvimento do trabalho.

Aos funcionários da EPAMIG (Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais), em especial ao Janir, pela imensa contribuição para que este trabalho fosse realizado.

Aos membros do grupo MELHORARROZ, da Universidade Federal de Lavras, pela amizade, apoio e inúmeras contribuições na realização do trabalho.

Enfim, a todos que contribuíram para que eu concluísse esta importante etapa em minha vida.

Meus sinceros agradecimentos, pois todos fazem parte dessa história.

MUITO OBRIGADO!

RESUMO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é a segunda espécie mais cultivada no mundo, destacando-se principalmente nos países em desenvolvimento. Nos últimos anos, vem ocorrendo no Brasil uma expressiva redução da área cultivada devido a menor adesão da cultura na incorporação de novas áreas agrícolas e também à grande concorrência com outras culturas, principalmente a de soja. Outro fator responsável por proporcionar grandes oscilações no cultivo de arroz é a ocorrência dos diversos estresses bióticos encontrados nos cultivos agrícolas, com destaque para as doenças fúngicas. Para a cultura do arroz, destaca-se o *Pyricularia grisea*, fungo causador da brusone, doença que provoca grandes prejuízos à produtividade para a rizicultura. Uma alternativa recomendada para o controle da brusone é a utilização de cultivares resistentes. Aliado a isso, o emprego de cultivares multilinhas, que são misturas de linhagens com caracteres agronômicos semelhantes, é uma estratégia eficiente visando estabilidade de fenotípica e resistência a este patógeno. Portanto, objetivou-se por meio deste trabalho, verificar a eficiência das multilinhas como estratégia para a redução do progresso de brusone e, conseqüentemente, seus possíveis benefícios à estabilidade fenotípica em arroz. Os experimentos foram conduzidos nas safras 2016/17 e 2017/18, nos municípios de Patos de Minas/MG, Lavras/MG, Lambari/MG e Registro/SP, totalizando 8 ambientes (local x safra). O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso, com três repetições, sendo avaliadas 12 linhagens e a multilinha, que foi constituída por cinco linhagens selecionadas do ensaio de Valor de Cultivo e Uso. Foram avaliados os caracteres produtividade de grãos, número de dias para o florescimento e severidade de brusone foliar e de pescoço. Após a análise dos dados, pode-se inferir que a multilinha apresentou estimativa de produtividade de grãos acima da média dos experimentos, tendo produzido aproximadamente a mais 7 sacos/ha, além de um desempenho superior quanto a precocidade de florescimento, justificando assim uma alta estabilidade fenotípica para esses caracteres. Quanto a reação de severidade a brusone, a multilinha apresentou uma performance acima da média de resistência comparada as linhagens mais suscetíveis. Nesse caso, a seleção das linhagens para a composição da multilinha foi favorável e eficiente, destacada pela performance agronômica superior a maioria das linhagens do ensaio de VCU realizado. Portanto, conclui-se que a multilinha é uma boa estratégia para proporcionar uma maior estabilidade fenotípica, além de reduzir o progresso de brusone no campo.

Palavras-chave: *Oryza sativa*. Melhoramento de plantas. Mistura varietal.

ABSTRACT

Rice (*Oryza sativa* L.) is the second most cultivated specie in the world, especially in developing countries. In recent years, there has been a significant reduction in rice cultivated area in Brazil due to the lower usage of the crop to the incorporation of new agricultural areas and also to the great competition with other crops, mainly soybean. Another factor responsible for providing large oscillations in rice cultivation is the occurrence of a large number of biotic stresses in agricultural crops, especially fungal diseases. For rice cultivation, it stands out *Pyricularia grisea*, a fungus that causes blast, a disease that provoke great damage in rice grain yield. A recommended alternative for blast control is the use of resistant cultivars. In addition, the use of multiline cultivars, which are mixtures of lines with similar agronomic characteristics, it is an efficient strategy aiming at stability of production and resistance to this pathogen. Therefore, the aiming of this study was to verify the efficiency of the multilines as a strategy to reduce the progress of blast and therefore its possible benefits to rice grain yield. The experiments were conducted in the 2016/17 and 2017/18 agricultural year, in Patos de Minas / MG, Lavras / MG, Lambari / MG and Registro / SP, totaling 8 environments (enviroments x agricultural year). The experimental design was a randomized block design with three replications and it was evaluated 12 lines and the multiline, which was composed of five lines selected from the cultivation and use value (VCU) trials. The characteristics of grain yield, number of days for flowering leaf blast incidence and neck blast incidence were evaluated. After analyzing the data, it can be inferred that the multiline presented grain yield estimation above the average of the experiments, having produced a further 7 bags per hectare, showing a high phenotypic stability. Regarding the reaction to blast incidence, the multiline presented a performance above the resistance average compared to the most susceptible lines. The selection of the lines that composed the varietal mixture was also efficient, indicating a favorable multi-character selection according to the performance obtained by the multiline in the experiments. In this case, the selection of the lines for the multiline composition was favorable and efficient, highlighted by the superior grain yield performance to most of the lines of the VCU trials performed. Therefore, it can be concluded that the multiline is a good strategy to provide greater phenotypic stability, besides reducing the progress of blast in the crops.

Keywords: *Oryza sativa*. Plant breeding. Varietal mixture.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO	11
2.1	A cultura do arroz	11
2.2	Uso de multilinhas na obtenção de cultivares resistentes a doenças	13
2.3	Interação Genótipos x Ambientes	18
2.4	Adaptabilidade e estabilidade fenotípica.....	20
3	MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1	Locais e épocas de condução dos experimentos	24
3.2	Tratamentos genéticos.....	24
3.3	Caracteres avaliados.....	25
3.4	Análises estatísticas.....	26
3.4.1	Análises de variância	26
3.4.2.	Correlações de Pearson	28
3.4.3	Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica	28
3.4.4	‘Bola cheia’ e ‘bola murcha’	29
4	DISCUSSÕES	44
5	CONCLUSÕES.....	52
	REFERÊNCIAS.....	53
	APÊNDICES	64

1 INTRODUÇÃO

O arroz de terras altas ganhou destaque no Brasil com a abertura de novas áreas agricultáveis no cerrado, em meados do século passado, para a implantação de pastagens. Em decorrência disso, nas décadas seguintes, a cultura do arroz chegou a ocupar lugar de destaque na agricultura brasileira. Porém, nos últimos anos, vem ocorrendo uma expressiva redução da área cultivada devido a menor adesão da cultura na incorporação de novas áreas agrícolas. Deve-se destacar também, que a ocorrência de diversos estresses bióticos e abióticos são fatores importantes que proporcionam grandes oscilações no cultivo de arroz de terras altas no país. Apesar das adversidades, o Brasil encontra-se entre os dez primeiros no *ranking* mundial, com produção em torno de 12 milhões de toneladas, destacando-se como o maior produtor fora do continente asiático (FAOSTAT, 2016; CONAB, 2018).

Quanto aos estresses bióticos, os problemas fitossanitários, com destaque para as doenças fúngicas, têm grande importância. Para a cultura do arroz, destaca-se a *Pyricularia grisea*, fungo causador da brusone, doença que pode causar perdas de até 100% quando em condições ambientais favoráveis (PRABHU et al., 2012). Este patógeno apresenta vários mecanismos genéticos, além de ser influenciado pelo ambiente e pelas práticas de manejo da cultura que, com frequência, determinam variações intraespecíficas, conhecidas como raças. Este fato, aliado à pressão de seleção causada pela baixa diversidade genética das plantas hospedeiras, e pela extensão do ambiente uniforme, característicos na agricultura atual, além da aplicação excessiva de fungicidas, criam condições favoráveis para a dispersão e o aumento de danos associados a brusone.

O manejo eficiente das doenças no campo, requer um conjunto de medidas que englobam a resistência genética das cultivares, o controle químico e o manejo cultural, tendo como objetivo a redução da população dos patógenos a níveis toleráveis, não comprometendo a quantidade e a qualidade do arroz (SOARES et al., 2014). Santos et al. (2017) destacam que, as doenças fúngicas podem interferir em todos os estádios de desenvolvimento da cultura, sendo que o cultivo de genótipos resistentes é a medida de controle mais eficiente em termos econômicos e ambientais.

Nos últimos anos, os programas de melhoramento genético da cultura do arroz têm sido responsáveis pelo lançamento de cultivares com potencial produtivo cada vez mais elevado (STRECK et al., 2017; BOTELHO et al., 2018). Os diversos programas visam a obtenção de plantas com maior resistência a doenças, maior qualidade de grãos, época de florescimento adequado às mais diversas regiões, bem como cultivares tolerantes ao acamamento e ao déficit

hídrico, sempre objetivando atender ao mercado consumidor e as exigências e necessidades do produtor.

As multilinhas surgem como uma alternativa viável e eficiente no desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças, pois destaca-se na estabilidade produtiva em relação a uma única linhagem com vários genes de resistência. De acordo com Mundt (2002), isto ocorre devido a correspondência apropriada entre os alelos de resistência presentes na mistura de linhagens e os genes de avirulência do patógeno. Para se obter sucesso no emprego de multilinhas, é necessário, além da identificação de linhagens com diferentes reações de resistência aos patógenos relevantes de determinada cultura, selecionar aquelas que apresentem boa capacidade de compensação em mistura, ou seja, linhagens que possuam boa complementação.

Um componente importante para o estudo das multilinhas bem como para todas as estratégias de melhoramento é a interação genótipos x ambientes, e por isso a necessidade de estimá-la e atribuí-la aos respectivos genótipos e ambientes que foram responsáveis por tal componente. Devido a isso, os melhoristas têm recomendado o emprego de análises de adaptabilidade e estabilidade para minimizar os efeitos dessa interação. Para analisar tais variáveis, encontra-se na literatura diversas metodologias. A escolha do método adequado a ser utilizado depende do tipo de dados experimentais, do número de ambientes envolvidos na seleção, da precisão requerida e do tipo de informação desejada (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Atualmente, há poucas informações na literatura, principalmente no Brasil, a respeito do uso de multilinhas para resistência à brusone no arroz, bem como sua estabilidade produtiva, visto que a condução do estudo exige avaliações em diferentes locais e anos consecutivos. Diante do exposto, este trabalho teve como propósitos verificar a eficiência das multilinhas como estratégia à redução do progresso de brusone e seus possíveis prejuízos ao desenvolvimento e crescimento da planta de arroz, certificar se a seleção dos genótipos que constituíram a multilinha, através de múltiplos caracteres, foi eficiente e, averiguar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica da multilinha em comparação às linhagens isoladas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura do arroz

O arroz (*Oryza sativa* L.) ocupa a quarta posição entre os grãos mais produzidos no mundo, atrás apenas da soja, do trigo e do milho. Do total produzido, cerca de 740 milhões de toneladas, 85% são direcionadas ao consumo humano e fazem parte da dieta de mais da metade da população mundial (FAOSTAT, 2016). Este grão tem importância ainda mais relevante em países subdesenvolvidos, onde a cultura pode influenciar diretamente na renda, saúde, meio ambiente e no bem-estar social. Na Ásia, maior produtor e consumidor mundial, a garantia de que há arroz suficientemente acessível para todos é equivalente à segurança alimentar. A importância da cultura neste continente é tão relevante que 90% do arroz colhido é cultivado e consumido. Segundo dados da Faostat (2016), a China lidera o *ranking* com a maior produção mundial de arroz, com aproximadamente 211 milhões de toneladas.

O arroz é o terceiro cereal mais cultivado no Brasil, estando atrás somente da soja e do milho. Contudo, em termos mundiais, encontra-se em segundo lugar no *ranking* de produção de grãos (IBGE, 2014; FAO, 2012). Apesar das adversidades climáticas dos últimos anos, o Brasil encontra-se entre os dez primeiros no *ranking* mundial, com produção girando em torno de 12 milhões de toneladas, destacando-se como o maior produtor fora do continente asiático (REIFSCHNEIDER, 2015; FAOSTAT, 2016; CONAB, 2018).

Na safra brasileira de arroz de 2018/2019, há estimativas de retração da produção para 6,6% em relação à safra passada, decorrente das perspectivas de redução de área em 6,9%, ocorrendo, conseqüentemente, uma menor produtividade (CONAB, 2018). A região Sul do país, onde se predomina o cultivo de arroz inundado, corresponderá cerca de 74% da área total destinada a rizicultura, enquanto que o sistema de terras altas ficará responsável por 26%. Mesmo com a redução das estimativas, alguns estados podem continuar se destacando principalmente no cenário atual da produção de arroz terras altas, como o Maranhão, Tocantins e Mato Grosso.

O arroz, portanto, apresenta como característica de interesse sua versatilidade para os diferentes cenários edafoclimáticos, sendo que seu processo evolutivo o levou a se adaptar a diferentes condições de ambiente, podendo ser cultivado em sistemas de várzeas, por inundação ou mesmo em condições de sequeiro, como é o caso do cultivo em terras altas (GUIMARÃES et al., 2006).

Em relação ao cultivo de arroz de terras altas, ele foi considerado uma cultura pioneira no processo de ocupação agrícola do cerrado no início da década de 60. O sistema era baseado na exploração a baixo custo, devido a reduzida adoção de práticas recomendadas, incluindo plantios tardios (GUIMARÃES et al., 2006). A partir da década de 80, a cultura passou a ser explorada mais tecnicamente, devido a crescente importância da soja e a necessidade de abertura de novas áreas nas regiões edafoclimáticas mais favoráveis.

Uma das características que levou o arroz a ser cultivado em terras altas no Brasil, foi o estímulo das políticas governamentais para o suprimento de alimentos (GUIMARÃES et al., 2006). Neste cenário, encontram-se as áreas de cerrado com propriedades rurais de grande extensão. Estas áreas são apropriadas tendo em vista que a cultura apresenta baixa exigência em fertilidade, tolerância a solos ácidos fazendo dessa região de particular interesse pelos produtores. Contudo, o fator limitante que faz com que haja baixa produtividade nessas condições são os fatores bióticos e abióticos, tornando-a cultura de risco. Dentre esses fatores, está o alto nível de incidência de doenças nas lavouras, principalmente brusone, a qual pode reduzir de forma severa o seu rendimento produtivo.

Deve-se destacar também, que o cultivo de arroz pode ser rentável e favorável aos produtores. Apresenta custo de produção médio inferior ao da soja e do milho, considerando os mesmos padrões de tecnologia empregada (CONAB, 2018; SISTEMA FAEG, 2018). Além disso, as cultivares transgênicas, maioria utilizada hoje no plantio de soja e milho, são responsivas a investimentos em tecnologia. Portanto, são exigentes em recursos para alcançar as maiores produtividades, incluindo a adoção de pacotes tecnológicos. Diferentemente, por ser considerada uma cultura pouco exigente em insumos, o arroz de terras altas é responsivo a investimentos, mas apresenta também, boa estabilidade produtiva, não exigindo altos níveis tecnológicos para alcançar bons rendimentos (UTUMI et al., 2008; BORGES et al., 2010; FIDELIS et al., 2016).

A cultura do arroz pode ainda ser uma alternativa na quebra de ciclos sucessivos de aplicação dos mesmos princípios ativos de herbicidas, o que acaba favorecendo a resistência de plantas daninhas nas lavouras, e faz com que a cultura antecessora se torne praga no cultivo da sucessora (tiguera). Este é um problema encontrado frequentemente nas lavouras de rotação de milho RR e soja RR (LÓPES-OVEJERO et al., 2016).

O desenvolvimento da cultura do arroz de terras altas no Brasil pode significar autossuficiência, pela redução da necessidade de importação e garantia dos estoques do cereal, expansão do mercado externo e incremento da produção com menor utilização dos recursos hídricos. Neste âmbito, o melhoramento objetiva o lançamento tanto de cultivares com maiores

produtividades e atrativas economicamente ao produtor, como as que apresentem melhor eficiência no uso da água, qualidade e maior competitividade no mercado agrícola.

2.2 Uso de multilinhas na obtenção de cultivares resistentes a doenças

As doenças constituem um dos principais fatores limitantes ao rendimento de grãos e, além disso, são as que exigem maior conhecimento técnico para seu controle. A estratégia mais eficaz e econômica de manejo de doenças é o uso de cultivares resistentes (SILVA-LOBO et al., 2014). A utilização de cultivares com maior nível de resistência, além da fácil adoção, promove redução de custos de produção, sem agredir o meio ambiente, já que, dependendo do grau de resistência da cultivar, pode ser reduzida a aplicação de fungicidas (NUNES et al., 2004; BEDENDO; PRABHU, 2005; MALAVOLTA et al., 2007).

A utilização de genótipos com resistência genética às doenças, no entanto, é o principal componente do manejo integrado na cultura do arroz (PRABHU; FILIPPI, 2006a). O desenvolvimento de cultivares com grau de resistência cada vez mais elevado, juntamente com técnicas que tornem essa resistência mais duradoura, é fundamental para o controle das doenças fúngicas na cultura do arroz (SANTOS et al., 2009; ASHKANI et al., 2015; ZHAN et al., 2015; MIAH et al., 2017; SANTOS et al., 2017).

As cultivares modernas de plantas autógamas apresentam grande vulnerabilidade por serem homogêneas, já que são constituídas de uma única linha pura. Além disso, o intenso processo de melhoramento faz com que, muitas vezes, seja estreitada a base genética do conjunto de materiais destinados ao lançamento. A grande variabilidade dos patógenos faz com que a resistência vertical contida nessas cultivares tenha uma vida útil curta (SINGH et al., 2016). Para evitar que essa resistência se perca, prolongando a vida útil das linhagens, estratégias como rotação de genes, piramidação de genes, avaliação das linhagens em vários locais e o uso de multilinhas, têm sido propostas e eficientemente empregadas (FUKUOKA et al., 2015; SANTOS, 2015; SANTOS et al., 2017).

Neste contexto, as multilinhas surgem como uma estratégia de melhoramento que consiste em uma mistura de linhagens agronomicamente uniformes e com diferentes alelos de resistência. São obtidas por meio do método dos retrocruzamentos, sendo que cada linha recebe genes de resistência a uma ou algumas raças predominantes do patógeno. Neste caso, as plantas resistentes a determinada raça, constituem uma barreira à dispersão de esporos do patógeno para plantas suscetíveis àquela mesma raça. Apesar das plantas suscetíveis serem infectadas, há uma diminuição na concentração e dispersão dos esporos. Isto atrasa o ataque e faz com que os

prejuízos com a doença sejam diminuídos. Apesar de ser um caso de resistência vertical, a ação conjunta das linhagens na multilinha se assemelha à da resistência horizontal. A grande vantagem do uso das multilinhas é sua estabilidade (CASELA et al., 2005; ASHKANI et al., 2015; ZHAN et al., 2015; MIAH et al., 2017; SANTOS et al., 2017).

Em sistemas patogênicos como o da brusone do arroz, onde se predomina a resistência vertical, o uso de sementes remanescentes durante várias safras consecutivas, proporciona ao patógeno uma resistência do hospedeiro com maior facilidade, já que esse tipo de sistema favorece a seleção direcional (BURDON et al., 2014; CONSORTIUM, 2016). Os frequentes relatos de ‘quebra’ da resistência em diversas culturas com resistência predominantemente vertical, quando em monocultivo, levaram nos últimos anos, à busca por alternativas de cultivo e manejo que permitam a redução da intensidade de doenças e maior estabilidade, e, dessa forma, a utilização de misturas de linhagens, com diferentes alelos de resistência ganhou maior ênfase (COSTA et al., 2012; NELSON et al., 2018).

Conforme descrito por Leonard (1969), os princípios da teoria de misturas de cultivares foram originalmente elaborados para resistência a doenças e seriam uma mistura de dois ou mais componentes, que consiste em misturar uma cultivar suscetível a no mínimo uma cultivar totalmente resistente. Uma mistura de cultivares com diferentes reações de resistência reduz a taxa de doença, pois um grande número de esporos é depositado em cultivares resistentes, diluindo assim, o inóculo que cai nos hospedeiros suscetíveis. Assim, a heterogeneidade espacial de uma mistura de genótipos cria uma barreira física para a propagação da doença.

Mundt (2014) destaca que a misturas de cultivares (agronomicamente compatíveis e uniformes) se assemelha, na realidade, à piramidação de genes de resistência, porém, em diferentes genótipos. Por isso, a utilização de linhagens com caracteres agrônômicos semelhantes nas multilinhas é considerada uma estratégia promissora devido a maior durabilidade da resistência e melhor estabilidade no rendimento da cultura quando esta é afetada por alguma patologia, e existe grande variabilidade patogênica.

Para alcançar êxito na utilização de multilinhas é necessário identificar linhagens com diferentes reações de resistência aos patógenos relevantes de determinada cultura e selecionar as que apresentarem boa capacidade de compensação em mistura, ou seja, linhagens com boa complementação (BURDON, 1993; MUNDT, 2002). Porém, segundo relatado por Marshall e Brown (1973), a produtividade da mistura será sempre menor que sua melhor linha pura e a mistura de linhagens não apresenta vantagem em condições ambientais uniformes. Contudo, a estabilidade fenotípica será tão maior quanto forem as flutuações no ambiente, pelo fato de a mistura de linhas puras apresentar diferentes adaptações. Wolfe (1985) destaca o dinamismo

dessa estratégia, levando em consideração que é possível alterar a composição da mistura para retardar a seleção de uma raça ou o surgimento de uma super-raça do patógeno, e que, segundo o autor, determina ao uso de misturas um ‘valor de proteção’.

Steeling, Ebmeyer e Link (1994) indicaram que a estabilidade de uma mistura está relacionada com a estrutura genética da população que a compõe, pois faz frente à heterozigiosidade e heterogeneidade, que por sua vez, influenciam na magnitude da interação genótipos x ambientes, um complicador para o melhorista. Vale ressaltar também, que a eficiência e a estabilidade associada a esta estratégia estão relacionadas à proporção de plantas resistentes na sua composição, já que esses genótipos funcionam como barreiras físicas à disseminação do patógeno, e conseqüente diluição do inóculo, por serem produzidas quantidades menores nas plantas suscetíveis (BURDON et al., 2014). Mundt (2002) infere que correspondência apropriada entre os alelos de resistência presentes na mistura de linhagens e os genes de avirulência do patógeno é o que permite que a multilinha seja mais estável que apenas o uso de uma única cultivar.

Há também relatos de que as cultivares de plantas autógamas, por apresentarem a maioria dos locos em homozigose, denotam menor capacidade de tamponamento individual, ou seja, estão mais suscetíveis aos estresses bióticos e abióticos. Sendo assim, a escolha de estratégias para melhor adaptação ao efeito das flutuações ambientais previsíveis e imprevisíveis requer cuidadosa escolha da estrutura genética das populações (BRUZI et al., 2007). Em teoria, a mistura de genótipos seria uma melhor estratégia a ser recomendada, pois proporcionaria uma maior homeostase populacional e se mostraria, então, mais estável que a linha pura.

Há outros estudos mais recentes sobre a utilização de multilinhas em diversas espécies agrícolas, como é destacado na Tabela 1. Essa estratégia de melhoramento, após ter sido bastante difundida e utilizada durante as décadas de 70 e 80, voltou a ser empregada nos últimos anos pelos melhoristas, devido aos benefícios comprovados que a mistura de linhagens promove quanto há dificuldade de disseminação dos patógenos, acarretando, conseqüentemente, em uma maior estabilidade fenotípica.

Na cultura do arroz, nos últimos anos, são encontrados alguns trabalhos envolvendo a utilização de misturas de linhagens como estratégia na obtenção de resistência a brusone. Sasahara (2002) obteve resultados eficientes para o controle de brusone através da mistura de nove linhagens com diferentes alelos de resistência ao patógeno. Zhu (2005) identificou que a mistura de linhagens fenotipicamente similares possibilitou um controle mais eficiente sobre a brusone, além de proporcionar uma maior estabilidade de produção. Raboin (2012) concluiu

que houve uma redução na porcentagem de incidência de brusone utilizando as multilinhas, possibilitando inferir que esta é uma estratégia promissora que pode contribuir para um cultivo mais sustentável de arroz em condições de subsistência, onde todas as operações de cultivo são manuais.

Portanto, há poucas pesquisas envolvendo a utilização da multilinha no intuito de obter uma resistência prolongada a brusone para a cultura do arroz. Isto está relacionado a necessidade de averiguar a proporção das linhagens na mistura e as reações desses materiais ao longo do tempo, bem como o surgimento de novas raças patogênicas. Por isso, informações dessa natureza são essenciais para determinar a performance de multilinhas com o decorrer das gerações, visando, no futuro, sua utilização em larga escala, proporcionando maior sustentabilidade de produção na agricultura.

Tabela 1 - Uso de multilinhas em diversas espécies agrícolas em trabalhos nos últimos 16 anos.

Cultura	Resultados	Autor	Ano
Aveia	Maior produção da multilinha em relação as linhas puras	Helland e Holland	2001
Trigo	As misturas foram mais resistentes ao fungo <i>Mycosphaerella graminicola</i>	Cowger e Mundt	2002
Arroz	Redução de severidade de brusone (<i>Pyricularia grisea</i>)	Sasahara	2002
Batata	Menor severidade à requeima (<i>Phytophthora infestans</i>)	Andrivon	2003
Sorgo	Redução da diversidade fenotípica do fungo <i>Colletotrichum graminicola</i> .	Valério	2004
Arroz	Redução de severidade de brusone (<i>Pyricularia grisea</i>)	Zhu	2005
Café	Maior desempenho produtivo	Nogueira	2005
Maçã	Redução da severidade de sarna (<i>Venturia inaequalis</i>)	Didelot, Brunt e Parisi	2007
Eucalipto	Diminuição da vulnerabilidade genética dos plantios monoclonais	Moura	2009
Feijão	Maior estabilidade fenotípica	Botelho	2011
Arroz	Redução de severidade de brusone (<i>Pyricularia grisea</i>)	Raboin	2012
Sorgo	Reduziu a intensidade de antracnose e aumento na produção	Costa	2012
Sorgo	Redução de incidência de antracnose	Souza	2013
Soja	Aumento da estabilidade fenotípica	Carneiro	2017
Arroz	Seleção de genótipos superiores para composição da multilinha	Santos	2017
Trigo	Redução da intensidade do oídio, ferrugem da mancha amarela e giberela	Brunetto	2017
Feijão	Redução da severidade do fungo <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> .	Carvalho	2018

Fonte: Do autor (2019).

2.3 Interação Genótipos x Ambientes

Fatores bióticos e abióticos são componentes que comumente identificam um ambiente. Esses fatores atuam sobre o genótipo que, conseqüentemente, irá produzir respostas diferentes em locais ou situações diferentes, influenciando posteriormente, na estabilidade produtiva de espécies cultivadas. De acordo com Lavoranti (2003), esse fenômeno conhecido como interação Genótipos x Ambientes (GxA), está relacionado a evolução das espécies, promovendo o surgimento de genótipos estáveis, adaptados a um ambiente específico, ou de comportamento amplo, adaptado a várias condições de ambiente.

O conceito de ambiente, descrito por Brewbaker e Aqulizan (1965), envolve fatores intra e extracelulares que induzem na expressão do genótipo. No que diz respeito à variação ambiental, entende-se como toda e qualquer variação que ocorre de região para região dentro da área que abrange a distribuição de culturas. Elas podem ser divididas em variações de natureza previsível e imprevisível. As variações previsíveis são caracterizadas pelos fatores de clima e solo em um mesmo local, que flutuam de maneira sistemática, como comprimento do dia, grau de insolação, e algumas práticas agrônômicas como: épocas de semeadura e colheita, doses e adubação, dentre outras (ALLARD; BRADSHAW, 1964; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Já variações imprevisíveis são aquelas que não podem, *a priori*, serem preditas com alta confiabilidade, como quantidade e distribuição de chuvas e temperatura (RAMALHO et al., 2012). Neste caso, as condições edafoclimáticas, associadas a práticas culturais, a ocorrência de patógenos e outras variáveis que afetam o desenvolvimento das plantas, são fatores que tem influência direta no comportamento produtivo do genótipo, provocando alterações diversas em seu desempenho relativo.

As causas da interação podem ser atribuídas também a fatores bioquímicos e fisiológicos próprios de cada genótipo cultivado (CRUZ et al., 2001). Em um determinado ambiente, a manifestação fenotípica é o resultado da ação do genótipo sob a influência do meio. Entretanto, quando se considera uma série de ambientes, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, outros efeitos adicionais proporcionados pela interação, como os citados anteriormente.

A interação genótipos x ambientes, descrita por Ramalho (2012), caracteriza-se pela inconsistência na resposta das diferentes linhagens, híbridos ou raças em diferentes locais, ou seja, cada genótipo apresenta uma resposta específica às modificações que surgem nos ambientes. Pesquisadores têm grande interesse em conhecer a natureza dessa interação, realizando predições mais precisas sobre seus efeitos (YAN; KANG, 2003). Esses autores citam

alguns estresses que podem tornar a interação GxA significativa, como diferenças na resistência a doenças e insetos, deficiências e desordens nutricionais, e resposta diferencial de genótipos ao efeito de herbicidas. Crossa et al. (2011) também propõem a realização de predições mais precisas sobre os efeitos da interação nos ensaios multiambientais, juntamente com estudos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade genotípica; estabelecimento de relações entre os genótipos, ambientes e entre genótipos, e ambientes de forma simultânea.

De acordo com Ramalho et al. (2012), há três maneiras eficientes de se atenuar o efeito da interação genótipos x ambientes. A primeira maneira seria identificar genótipos específicos para cada ambiente. A segunda maneira é realizar um zoneamento ecológico e subdividir uma região em sub-regiões mais homogêneas. No entanto, a utilização destas duas técnicas é restrita pela sua dificuldade de execução. A terceira, e mais utilizada, é a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica. Esta estratégia consiste em identificar genótipos que tendem a se manter mais estáveis frente às variações ambientais (BECKER; LÉON, 1988; BRUZI et al., 2007; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Bernardo (2010) sugere que, se o conjunto total de ambientes for dividido em subgrupos homogêneos, podem ser reduzidos os efeitos da interação (GxA). Para isso, regiões com condições ambientais similares, como temperatura, precipitação, comprimento do dia, tipos de solo etc., devem ser agrupadas. Também devem ser agrupadas respostas semelhantes quanto ao nível de estresse ambiental, biótico e abiótico. Para determinar os subgrupos homogêneos, o autor aconselha proceder análises de agrupamentos hierárquicos e de componentes principais.

Outra maneira de abordar essa interação é avaliar o maior número de genótipos em um maior número possível de ambientes, aplicando os métodos que os classifiquem quanto a adaptabilidade e estabilidade (REGITANO NETO et al., 2013), pois a avaliação em apenas um ambiente não permite isolar o componente de interação, fazendo com que a variância genética seja superestimada. Conseqüentemente, a herdabilidade também fica superestimada, além do ganho esperado com a seleção, o qual é diretamente proporcional a herdabilidade (TERASAWA JÚNIOR; VENCOSKY; KOEHLER, 2008).

Embora alguns trabalhos destaquem que a ocorrência da interação GxA muitas vezes, pode limitar a obtenção de ganhos genéticos expressivos (AHMADI et al., 2012; BENIN, 2012), Vasconcelos et al. (2010), ressaltam que interações significativas associadas com características ambientais previsíveis representam uma oportunidade para sua exploração. A adaptação de genótipos a ambientes específicos pode ser o diferencial na seleção e recomendação de cultivares (CARDOSO et al., 2012; DIAS et al., 2009).

No melhoramento de plantas, os efeitos decorrentes do ambiente geram a necessidade de avaliar a adaptabilidade e estabilidade genotípica e a predição em gerações posteriores. A presença da interação (GxA) complica esse processo que, normalmente, é expresso como respostas inconsistentes de alguns genótipos em relação a outros, podendo até ocorrer alterações na classificação genotípica, denominada de interação GxA complexa, ou como mudanças apenas nos valores absolutos dos genótipos sem mudanças na classificação (ARAÚJO et al., 2012; GAUCH, 2013). Considera-se necessário avaliações contínuas dos ensaios em locais diferentes, com o intuito de classificar os genótipos de acordo com seu comportamento agrônomo e sua resposta a adaptação às diferentes condições locais (PORTO et al., 2007).

Vários trabalhos apresentam a contribuição da interação GxA em porcentagem da mesma na variação total, como por exemplo: em cevada a interação é responsável por 25-45%, trigo 15-25% (SIMMONDS, 1981), milho 23% (KUMAR; SINGH, 2015), cana-de-açúcar 15% (SILVEIRA et al., 2013), feijão 28% (ARAÚJO et al., 2010), arroz 27% (SAMONTE et al., 2005), batata 12 a 19% (GEDIF et al., 2014), que demonstram quão importante e presente é a GxA no melhoramento de plantas. Portanto, esses resultados mostram que o grande desafio do melhorista é selecionar e recomendar cultivares que associem alta produtividade e estabilidade, buscando por um melhor genótipo em um local específico ou a todos os locais em estudo. (FIGUEIREDO et al., 2015).

2.4 Adaptabilidade e estabilidade fenotípica

A avaliação de linhagens que antecede a recomendação de cultivares em um programa de melhoramento genético de plantas, é representada principalmente pela condução de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), pois exige muita precisão experimental em uma maior quantidade de ambientes possível. Silva (2013) explica, que esta é a etapa onde se testa o desempenho final das linhagens, visando direcionar a sua recomendação para todo o país, para um determinado local. Por isso, a necessidade de conhecimento acerca das exigências ambientais e especificidades das cultivares a serem testadas, permitem uma seleção mais adequada do genótipo à realidade de cada local e/ou condição de cultivo (STRECK et al., 2017).

Experimentos realizados em diversos locais e por muitos anos, possibilitam obter a interação genótipos por ambiente, que é a estimativa da resposta diferencial dos genótipos aos diferentes ambientes de cultivo, bem como isolar os efeitos do ambiente e dos genótipos. A interação GxA é um grande desafio para os melhoristas. Ela pode alterar o ranqueamento dos genótipos nos diferentes ambientes, ou seja, a melhor linhagem para um determinado local, não

necessariamente será a melhor em outro. Tal fato tem influência no ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares. Assim, a partir da significância destas estimativas da interação, para que a recomendação seja a mais segura possível, além da avaliação das características agronomicamente desejáveis, é recomendado o estudo da adaptabilidade e estabilidade dos tratamentos (DIAS et al., 2009).

A interação genótipos x ambientes consiste em um dos maiores problemas dos programas de melhoramento para qualquer espécie vegetal, seja na fase de seleção, seja na recomendação de cultivares. Por isso, recomenda-se o emprego de cultivares com ampla adaptabilidade e alta estabilidade, que é considerado uma das melhores alternativas para se amenizar a influência dessa interação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; BARROS et al., 2010).

Borém e Miranda (2013) destacam que a adaptabilidade de um genótipo refere-se a sua capacidade de aproveitar vantajosamente as variações do ambiente. A estabilidade de comportamento refere-se a sua capacidade de apresentar-se altamente previsível mesmo com as variações ambientais. Estes parâmetros dependem da constituição genética da cultivar em termos de heterogeneidade e heterozigosidade. São as características do genótipo que permite buscar respostas aos fatores limitantes do ambiente e incrementar com os fatores favoráveis.

Diferenças na adaptação de genótipos em populações, resultam, evidentemente, de diferenças de constituição gênica para os caracteres importantes relacionados com essa adaptação (LEITE et al., 2011). Chaves (2001) propôs que a reação diferencial às mudanças ambientais, denominada adaptabilidade, pode ocorrer desde os mecanismos de regulação gênica até caracteres morfológicos finais. Por isso, é fundamental a identificação de genótipos de comportamento previsível e adaptados às variações ambientais para condições amplas ou específicas de cultivo (SILVEIRA, 2012).

Cultivares de adaptabilidade ampla ou de maior estabilidade deverão perder espaço para cultivares regionalizadas, à medida que um maior volume de cultivares forem lançadas e o grau de tecnificação dos produtores aumentar, assim como ocorreu com as culturas de soja e milho no Brasil, pois torna-se importante trabalhar de forma integrada outros processos para melhorar a eficiência e produtividade de uma cultivar.

Na estratégia de seleção e recomendação regional, é importante integrar as áreas de genética, estatística, climatologia e pedologia, de modo a caracterizar mais eficientemente a variabilidade ambiental. Daí a importância de se estabelecer e estudar redes experimentais a partir de regiões pré-caracterizadas. Este tipo de trabalho demanda um alto nível de recursos e estrutura experimental (LEITE, 2011).

Há diversos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade para a avaliação de um grupo de genótipos testados numa série de ambientes contrastantes e que apresentem interação GxA. A escolha do método para análise depende dos dados experimentais, do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. As definições citadas são calculadas a partir de variáveis colhidas a campo e inseridas em modelos matemáticos voltados para experimentação agrícola (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

As análises de adaptabilidade e de estabilidade são, portanto, procedimentos estatísticos que permitem, de algum modo, identificar as cultivares de comportamento mais estável e que respondem previsivelmente às variações ambientais. A escolha da metodologia a ser utilizada depende de vários fatores, como por exemplo, a quantidade de ambientes e de épocas em que o material é testado. Métodos de estabilidade que se baseiam exclusivamente em coeficientes de regressão, não se associam àqueles baseados na contribuição genotípica para a interação GxA, é recomendável associá-los a outro método com esse último princípio, ou introduzir medidas estatísticas dessa natureza (SILVA; DUARTE, 2006). Mas existem também outros métodos para estimação de estabilidade e adaptabilidade (FERREIRA et al. 2006), que completam as informações obtidas com as análises de variância simples e conjunta. Eles se baseiam em análise de variância (WRICKE, 1965), regressão linear (YATES; COCHRAN, 1938; FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSEL 1966; VERMA, 1978; SILVA; BARRETO, 1985; CRUZ et al., 1989), regressão não linear (TOLER, 1990), análises multivariadas (ZOBEL et al., 1988) e estatísticas não paramétricas. Estas são análises estatísticas que identificam genótipos mais estáveis e de comportamento previsível, e também permitem a divisão dos efeitos da GxA em seus fatores principais genotípicos e ambientais quantificando a contribuição de cada um para os resultados.

Um método desenvolvido para análise de GEI (Genotype x Environment Interaction), é conhecida como GGEbiplot (genotype main effects + genotype by environment interaction), desenvolvida por Yan et al. (2000) para analisar visualmente dados gerados em multiambientes (MET).

Segundo Mattos (2012), os gráficos do GGE Biplot visualizam três aspectos importantes: primeiro, a relação entre genótipo e ambiente, permitindo o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes); segundo, a interrelação dos ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável e; terceiro, a interrelação entre

genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento ou *ranking* para os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (YAN; RAJCAN, 2002).

Ramburan, Zhou e Labuschagne (2011) avaliaram a estabilidade genotípica e a magnitude da interação GxA, via método GGEbiplot, em áreas de sequeiro da indústria de cana-de-açúcar no Sul da África, para melhorar a eficiência de seleção e avaliação. Sandhu et al. (2014), também utilizaram a técnica GGEbiplot em cana-de-açúcar, para avaliar a estabilidade no avanço de genótipos de cana-de-açúcar testados em uma gama de zonas e locais na Índia, com discriminação de locais que favorecem as características de interesse econômico.

Trabalhos recentes também são encontrados na literatura, envolvendo a avaliação da adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz, utilizando a metodologia do GGEbiplot. Ramos et al. (2009) identificaram dois mega-ambientes para o cultivo de arroz, considerando os dois principais sistemas de produção da cultura, inundado e sequeiro Alves (2018) mostraram que houve forte interação genótipos por ambientes para o caráter severidade de doenças, e esta interação foi do tipo complexa, ou seja, houve alteração no *ranking* das cultivares, quando implantadas em diferentes ambientes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais e épocas de condução dos experimentos

Os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) foram conduzidos em cinco diferentes municípios localizados nos estados de Minas Gerais e São Paulo, ao longo dos anos agrícolas 2016/2017 e 2017/2018 (TABELA 2).

Tabela 2 - Identificação dos anos agrícolas, locais de condução experimental, características geográficas e ambientes correspondentes.

Ano Agrícola	Local	Altitude (m)	Latitude	Longitude	Identificação do ambiente
2016/17	DAG ¹ /Lavras/MG	919	21°14'43" S	45°00'00" W	1
	Epamig Patos/MG	832	18°34'44" S	46°31'04" W	2
	Epamig Lambari/MG	896	21°58'02" S	45°20'48" W	3
2017/18	Muquém ² LavrasMG	918	21°14'43" S	44°59'59" W	4
	Epamig Lavras/MG	919	21°14'43" S	45°00'00" W	5
	Epamig Patos/MG	832	18°34'44" S	46°31'04" W	6
	Epamig Lambari/MG	896	21°58'02" S	45°20'48" W	7
	Unesp Registro/SP	25	24°29'16" S	47°50'38" W	8

¹Departamento de Agricultura, ²Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras.

Fonte: Do autor (2019).

3.2 Tratamentos genéticos

Foram utilizadas 13 linhagens dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) do Programa de Melhoramento Genético de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras, conduzido pelo grupo Melhor Arroz, em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e Epamig Sul de Minas, avaliadas ao longo dos dois anos agrícolas (TABELA 3).

Para compor a multilinha, foram utilizadas cinco linhagens de arroz de terras altas (CMG ERF 221-4, CMG ERF 221-9, CMG ERF 221-29, BRSMG Caçula e CMG 2085). O processo de seleção das linhagens iniciou-se, basicamente, por uma triagem aos dados médios obtidos na safra que antecedeu ao início desse experimento (2015/2016). Sabe-se que, as linhagens que constituem a multilinha devem ser isogênicas, ou seja, que apresentem uma similaridade entre si quanto aos caracteres agronômicos. Portanto, a seleção dos genótipos para constituírem a mistura de cultivares foi fundamentada na semelhança entre os atributos agronômicos das linhagens, como altura de plantas, largura e comprimento do grão, dias para o

florescimento e produtividade. A cultivar BRSMG Caçula apresenta alta suscetibilidade a doença, surgindo assim, como uma fonte de inóculo dentro da própria mistura, diferentemente das outras linhagens. Foi utilizado o mesmo número de sementes de cada linhagem para a formação da multilinha a ser implantada em campo, baseado na densidade de plantio padrão utilizada para a cultura do arroz.

Tabela 3 - Identificação de linhagens a serem utilizadas no experimento.

Identificação	Cultivar/Linhagem	Reação de resistência
1	BRS Esmeralda	Moderadamente resistente
2	CMG 2119	Moderadamente resistente
3	BRSMG Caçula	Susceptível
4	CMG 2187	Moderadamente resistente
5	CMG 2188	Resistente
6	CMG 2085	Moderadamente resistente
7	CMG ERF 221-4	Moderadamente resistente
8	CMG ERF 221-7	Moderadamente resistente
9	CMG 1896	Moderadamente resistente
10	CMG ERF 221-9	Moderadamente resistente
11	CMG ERF 221-19	Moderadamente resistente
12	CMG ERF 221-29	Moderadamente susceptível
13	Multilinha	-

Fonte: Do autor (2019).

Os experimentos foram implantados no delineamento em blocos casualizados (DBC), com três repetições, parcelas constituídas de cinco linhas de quatro metros, espaçadas a 35 cm, sendo a área útil as três linhas centrais, com densidade de semeadura de 80 sementes por metro linear.

Para todos os locais, utilizou-se semeadura ‘direta, sendo irrigação realizada a 80% da capacidade de campo referente a cultura, por meio do sistema de aspersão. A abertura dos sulcos e a adubação foram feitas de forma mecânica. Na adubação de plantio foram usados 400 kg.ha⁻¹ do formulado 8-28-16. A densidade de semeadura foi de 80 sementes/metro linear. Para controle de plantas daninhas foi feita aplicação do herbicida Pendimetalina, logo após o plantio, antes da emergência das plantas de arroz. Após 30 dias decorridos da emergência das plântulas de arroz foi feita aplicação com o herbicida Cialofope-butílico e o herbicida Metsulfurom metílico.

3.3 Caracteres avaliados

Durante a condução dos experimentos foram avaliadas as seguintes características:

- a) Dias para o florescimento - número de dias da sementeira ao florescimento médio, ou seja, quando a parcela apresentou aproximadamente 50% de plantas floridas;
- b) Produtividade de grãos (kg/ha): peso dos grãos da parcela após colheita e secagem para 13% de umidade. No estágio de maturação dos grãos, procedeu-se a colheita da área útil da parcela;
- c) Severidade de doenças: foram avaliadas as ocorrências de brusone na folha e no pescoço da panícula (*Pyricularia grisea*). As avaliações foram realizadas através de notas na área útil de cada parcela, sem aplicação de fungicidas. Foi utilizada escala de notas proposta pelo International Rice Research Institute (IRRI, 1996). As notas foram atribuídas conforme análise visual, sendo: nota 1 - menos de 1% da área foliar/panículas/grãos com sintoma; nota 3 - de 1% a 5% da área foliar/panículas/grãos com sintoma; nota 5 - de 6% a 25% da área foliar/panículas/grãos com sintoma; nota 7 - de 26% a 50% da área foliar/panículas/grãos com sintoma e nota 9 - acima de 50% da área foliar/panículas/grãos com sintoma. As avaliações foram realizadas nos períodos que mais favorecem a infecção e o desenvolvimento de cada doença no campo. Neste caso, as avaliações de brusone foliar foram realizadas no período de intenso desenvolvimento vegetativo, e as avaliações de brusone de pescoço foram nas fases de grão pastoso e maturação dos grãos, períodos de maior suscetibilidade da cultura à doença.

3.4 Análises estatísticas

3.4.1 Análises de variância

Os dados dos caracteres avaliados, por ambiente, foram submetidos à análise de variância individual, adotando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + p_i + r_j + e_{ij} \quad (1)$$

Onde:

Y_{ij} : a observação referente ao tratamento i na repetição j ;

μ : a média geral;

p_i : o efeito do tratamento i ($i=1,2,3,\dots,13$);

r_j : efeito da repetição j ($j=1, 2,3$);

e_{ij} : é o erro experimental associado à observação Y_{ij} ($e_{ij} \cap N(0,\sigma^2)$).

Posteriormente, procedeu-se a análise de variância conjunta, considerando todos os ambientes dentro de cada ano agrícola, seguindo o modelo:

$$Y_{ij(k)} = \mu + p_i + l_k + (pl)_{pk} + r_{j(k)} + e_{ij(k)} \quad (2)$$

Onde:

Y_{ijkn} : valor observado na parcela que recebeu o i -ésimo tratamento no j -ésimo repetição; μ : efeito fixo da média geral;

p_i : efeito fixo do i -ésimo tratamento, onde $i = 1, 2, 3 \dots 13$;

l_k : efeito fixo do k -ésimo ambiente, variável em cada ano agrícola; $(pl)_{pk}$: efeito aleatório da interação do tratamento i com o ambiente k ; $r_{j(k)}$: efeito aleatório do repetição j dentro do ambiente k , onde $j = 1, 2, 3$.

$e_{ij(k)}$: efeito aleatório do erro experimental assumindo que os erros são independente e identicamente distribuídos, seguindo distribuição normal, com média zero e variância comum.

O coeficiente de variação foi calculado por meio da seguinte fórmula:

$$CV = \frac{\sqrt{QME}}{\mu} \times 100\% \quad (3)$$

Onde:

QME: Quadrado Médio do Erro

μ : Média

As estimativas da acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) foram utilizadas como medidas de precisão e foram obtidas pelo estimador:

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{1}{F_c}} \times 100 \quad (4)$$

Onde:

F_c = valor de F calculado.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa estatístico R (2015) e, posteriormente, foi aplicado o agrupamento de médias, para todas as características, pelo teste de Scott e Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Foi realizado um contraste (Multilinha vs CMG 2085, BRS MG Caçula, CMG ERF 221-4, CMG ERF 221-9, CMG ERF 221-29) visando comparar o grupo de linhagens que constituíram a mistura de linhagens e a multilinha, em relação às características avaliadas.

3.4.2. Correlações de Pearson

Quando se trabalha com muitos caracteres em programas de melhoramento, é oportuno quantificar a existência de associação entre os mesmos. Segundo Ramalho et al. (2012), correlação é a medida de intensidade de associação linear de duas variáveis; pode ser positiva ou negativa. Coeficientes de correlação são adimensionais, oscilando positiva ou negativamente de 0 a 1, em que correlação nula evidencia não ausência e falta de relação linear entre características (Nogueira, 2012) e coeficientes de correlação situados de -0,5 a -1 e de 0,5 a 1 são valorizados devido a magnitude dos valores na interpretação aplicada das correlações (LOPES et al., 2002).

Os coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) foram estimados utilizando o programa Genes (Cruz, 2006), por meio das seguintes expressões:

$$r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x \times QMT_y}} \quad e \quad r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 + \hat{\sigma}_{gy}^2}} \quad (5)$$

Sendo:

PMT_{xy} e PMR_{xy} : produto médio associado aos efeitos de tratamentos, em relação às características x e y;

QMT_x e QMT_y : quadrados médios associados aos efeitos de tratamentos das características x e y, respectivamente;

$\hat{\sigma}_{gxy}^2$: estimativa da covariância genotípica entre as características x e y;

$\hat{\sigma}_{gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{gy}^2$: estimativa das variâncias genotípicas das características x e y, respectivamente.

3.4.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica

A partir dos resultados obtidos e verificada a interação genótipos x ambientes, procedeu-se a análise de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. A avaliação foi feita utilizando-se o modelo GGEbiplot (Genotype and Genotype - Environment Interaction), proposto por Yan et al. (2000), que considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipos e ambientes. As matrizes e os gráficos foram obtidos com o auxílio do software R (2015) utilizando o pacote GGEbiplot de acordo com o modelo a seguir:

$$G + GE = [(g_i + ge_{ij})] = \sum_{s=1}^n \lambda_s \gamma_{is} \delta_{js} + \rho_{ij} \quad (6)$$

Onde:

$G + GE$: matriz dos efeitos dos genótipos somados aos efeitos das interações genótipos por ambientes;

λ_s : Valor singular do s -ésimo componente principal;

γ_{is} e δ_{js} : autovetores do s -ésimo componente principal associado ao efeito genótipo i e ambiente j , respectivamente;

n : número dos componentes principais retidos do modelo;

ρ_{ij} : ruído.

Os gráficos biplots foram obtidos a partir dos escores para melhorar o entendimento da inter-relação entre genótipos e ambientes, conforme Yan e Tinker (2006), sendo estes construídos a partir da decomposição das médias, apresentando qual genótipo possui o melhor desempenho, ou seja, a menor severidade de doença associada. Os biplots foram construídos a partir dos dois primeiros componentes principais do efeito dos tratamentos mais a interação ($G \times A$).

3.4.4 ‘Bola cheia’ e ‘bola murcha’

O método gráfico proposto por Nunes et al. (2005) também foi utilizado na análise de médias dos caracteres agrônômicos avaliados nos tratamentos. Para isto, foram utilizadas as médias obtidas na análise conjunta das linhagens e multilinha, sendo padronizadas em relação à média entre todos os tratamentos, obtendo-se o valor de Z_{ijq} pela seguinte expressão:

$$Z_{ijq} = \frac{\bar{Y}_{ijq} - \bar{Y}_{qj}}{S_{qj}} \quad (7)$$

Onde:

Z_{ijq} é o valor da variável padronizada correspondente ao genótipo avaliado;

\bar{Y}_{ijq} é a observação da linhagem/mistura i na repetição j , para o caráter avaliado q .

\bar{Y}_{qj} é a média geral do caráter q na repetição j ;

S_{qj} é o desvio padrão do caráter fenotípico q na repetição j .

Como a variável padronizada pode assumir valores positivos e negativos, somou-se a constante 4 aos valores de Z_{ijq} , de modo a torná-los sempre positivos. Nos gráficos gerados, as dimensões dos eixos (caracteres fenotípicos) corresponderam aos valores padronizados de Z_{ijq} .

4 RESULTADOS

No presente trabalho, foram obtidos altos valores de acurácia e boas estimativas de coeficiente de variação (TABELA 4). Segundo Resende e Duarte (2007), considerando a precisão e controle de qualidade em experimentos VCU, estes resultados auxiliam na detecção de diferenças significativas quanto aos caracteres avaliados neste estudo.

De acordo com Pimentel-Gomes (2009), em ensaio de campo, o coeficiente de variação pode ser classificado como baixo, se for menor que 10%, médio, se este oscila entre 10-20%, alto, se estiver entre 20-30% e muito alto, quando é acima de 30%. Portanto, neste trabalho, os coeficientes de variação, considerando todos os ambientes, apresentaram estimativas inferiores a 20% para os caracteres avaliados, mostrando assim, uma boa precisão na condução dos experimentos.

De acordo com os resultados da análise de variância conjunta, envolvendo todos os oito ambientes, identificou-se diferença significativa para as fontes de variação genótipos, ambientes e interação GxA (TABELA 4), pelo teste de F, analisando os caracteres produtividade de grãos e número e dias para florescimento.

Tabela 4 - Resumo da análise conjunta referente as avaliações dos caracteres de produtividade de grãos (PROD), em kg/ha, número de dias para o florescimento, (NDF), em dias, considerando os ambientes avaliados.

FV	GL	Quadrado médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	3110596,3**	515,4**
Ambientes	7	54287205,9**	3587,5**
G x A	84	1489595,4**	20,3**
Bloco (Ambiente)	16	1662817,6	2,4
Erro	192	628409,6	2,3
CV (%)		19,95	1,7
Acurácia		89,1	99,7
Média		3972,6	88,3

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

As médias ajustadas das 12 linhagens mais a multilinha, para os caracteres descritos inicialmente, após a análise conjunta, estão apresentadas na Tabela 5. Para o caráter produtividade de grãos, as médias obtidas variaram de 3068,7 kg/ha a 4350,6 kg/ha, entre as linhagens BRS Caçula e CMG ERF 221-29, respectivamente, com média geral de 3927,5 kg/ha. Destaca-se que essa estimativa foi superior à média nacional para arroz de terras altas na última safra (2017/2018), que foi cerca de 2410 kg/ha (CONAB, 2018), indicando, a princípio, o

sucesso do programa de melhoramento visando a seleção de genótipos para o caráter produtividade de grãos. O número de dias para o florescimento variou de 76,5 a 93,7 dias, para as linhagens BRS Caçula e CMG 2188, respectivamente.

Deve-se destacar que a multilinha apresentou desempenho significativo em relação aos caracteres produtividade de grãos e número de dias para o florescimento. Para a produtividade, a multilinha apresentou uma estimativa média de 4275,5 kg/ha, superior à obtida para todas as suas linhagens constituintes (TABELA 5). Quanto ao número de dias para florescimento, apresentou média de 83 dias, sendo considerada um material precoce frente aos outros genótipos.

Tabela 5 - Médias referentes aos caracteres de produtividade de grãos (PROD), em kg/há, número de dias para o florescimento (NDF), em dias, para todos os ambientes avaliados.

Linhagens	PROD	NDF
BRS Esmeralda	3601,1 b	89,9 d
CMG 2119	4289,1 a	89,0 e
BRSMG Caçula	3068,7 c	76,5 i
CMG 2187	3689,2 b	92,1 b
CMG 2188	3989,7 a	93,7 a
CMG 2085	4102,3 a	85,2 g
CMG ERF 221-4	4021,4 a	88,8 e
CMG ERF 221-7	4286,6 a	92,1 b
CMG 1896	3784,7 b	86,6 f
CMG ERF 221-9	4052,4 a	90,1 c
CMG ERF 221-19	4132,2 a	91,4 c
CMG ERF 221-29	4350,6 a	89,8 d
Multilinha	4275,5 a	83,0 h
Média	3972,6	88,3

Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si a nível de 5% de significância pelo teste Scott Knott (1974).

Fonte: Do autor (2019).

Para o caráter severidade de doenças, a precisão experimental também foi estimada obtendo-se os valores de coeficiente de variação e acurácia. De acordo com Pimentel Gomes (2000), as estimativas de coeficiente de variação para o caráter em questão, foram consideradas altas ou muito altas. Isso supostamente indica que o experimento obteve uma precisão experimental ruim. Entretanto, quando consideramos experimentos com a avaliação de doenças, é aceitável que a magnitude do coeficiente de variação seja maior, considerando que a avaliação visual nem sempre é realizada pelo mesmo avaliador, que favorece uma maior dispersão dos dados em torno da média (COSTA et al., 2002; SARI et al., 2016; NASCIMENTO, et al., 2018). Costa et al. (2002) propôs uma nova faixa de coeficiente de

variação para avaliações de doença como brusone foliar e de pescoço. Os autores concluíram ainda que variáveis associadas a doenças em experimentos com grande número de tratamentos e em blocos casualizados, apresentam altos coeficientes de variação. Neste caso, o experimento apresentou precisão de boa a mediana.

A acurácia também foi calculada, visto que é outra estimativa que pode aferir sobre a confiabilidade e qualidade do experimento. Os valores de acurácia encontrados para as avaliações de BF, 87,38%, e de BP, 96,19%, indicam uma elevada precisão experimental.

As fontes de variação genótipos, ambientes e a interação genótipos x ambientes também apresentaram significância para as notas de severidade de brusone foliar e brusone de pescoço. A diferença significativa ($p < 0,05$) detectada no desempenho médio dos genótipos, aponta que as linhagens apresentaram comportamento estatisticamente diferente entre si quanto aos caracteres avaliados, evidenciando a variabilidade genética entre os genótipos quando considerada a severidade às doenças. Este é um relato importante, pois é um indício da existência de genótipos com diferentes níveis de resistência no programa de melhoramento, fato que, a princípio, vislumbra sucesso com a seleção para as características em questão (MORAIS JÚNIOR et al., 2017; STRECK et al., 2017; CAVATTE et al., 2018).

Quanto a interação GxA, infere-se que o comportamento das linhagens ou multilinha não foi coincidente nos diferentes ambientes. A presença de interação era esperada, haja vista que as linhagens diferiram na reação ao patógeno. A condução de experimentos em vários ambientes, para avaliar a reação de genótipos frente a incidência de patógenos, portanto, é um dos objetivos básicos dos programas de melhoramento de plantas (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006) e neste caso, proceder a análise conjunta entre os ambientes e os anos agrícolas, é uma das maneiras de avaliar tais experimentos (SILVA; DUARTE, 2006).

Tabela 6 - Resumo da análise conjunta para as notas de severidade de brusone foliar (BF), brusone de pescoço (BP), considerando os ambientes avaliados.

FV	GL	Quadrado médio	
		BF	BP
Genótipos	12	5,88**	20,19**
Ambientes	5	172,28**	39,24**
G x A	60	3,86**	3,32**
Bloco (Ambiente)	12	2,18	0,80
Erro	144	1,39	1,50
CV (%)		31,23	55,89
Acurácia		87,38	96,19
Média		3,77	2,19

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Com relação às médias para as notas de severidade de brusone foliar e de pescoço, nos seis ambientes avaliados, verificou-se ampla variação na magnitude (TABELA 7). Pode-se inferir que as linhagens se dividiram em dois grupos quanto a incidência de doenças, de acordo com as notas de severidade obtidas no campo. A multilinha obteve performance semelhante quando comparada as linhagens mais suscetíveis às principais doenças fúngicas da cultura do arroz, como é demonstrado pela linhagem BRS MG Caçula.

Tabela 7 - Médias das notas de severidade de brusone foliar (BF) e brusone de pescoço (BP), considerando os seis ambientes selecionados.

Linhagens	BF	BP
BRS Esmeralda	3,2 b	1,7 b
CMG 2119	3,1 b	1,6 b
BRSMG Caçula	5,1 a	5,4 a
CMG 2187	3,8 b	1,7 b
CMG 2188	3,3 b	1,6 b
CMG 2085	4,3 a	1,7 b
CMG ERF 221-4	3,7 b	2,1 b
CMG ERF 221-7	4,0 b	1,6 b
CMG 1896	3,2 b	1,7 b
CMG ERF 221-9	3,9 b	1,7 b
CMG ERF 221-19	3,3 b	2,0 b
CMG ERF 221-29	3,8 b	1,8 b
Multilinha	4,3 a	3,2 a
Média	3,7	2,2

Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si a nível de 5% de significância pelo teste Scott Knott (1974).

Fonte: Do autor (2019).

O conhecimento da associação entre caracteres é de suma importância para os trabalhos de melhoramento, principalmente se um deles apresenta dificuldades na avaliação fenotípica, em razão de sua baixa herdabilidade e/ou, tenha dificuldades de mensuração e identificação (CRUZ et al., 2004). As correlações são consideradas na escolha dos métodos de melhoramento quando se formulam estratégias de seleção simultânea para as várias características estudadas, predizendo a alteração na média de uma característica quando se seleciona em outra (GONÇALVES et al., 2007). Esse parâmetro, portanto, além de visar aprimorar um carácter tomado como principal, busca também manter ou melhorar a expressão de outros caracteres simultaneamente.

Neste estudo, estimou-se a associação entre os caracteres produtividade de grãos, número de dias para o florescimento, nota de severidade de brusone foliar e brusone de pescoço, através das correlações fenotípicas e genotípicas (TABELA 8).

Tabela 8 - Estimativas de coeficiente de correlação fenotípica (r_f – diagonal superior) e genotípica (r_g – diagonal inferior), para as características: produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF), severidade de brusone foliar (BF) e brusone de pescoço (BP).

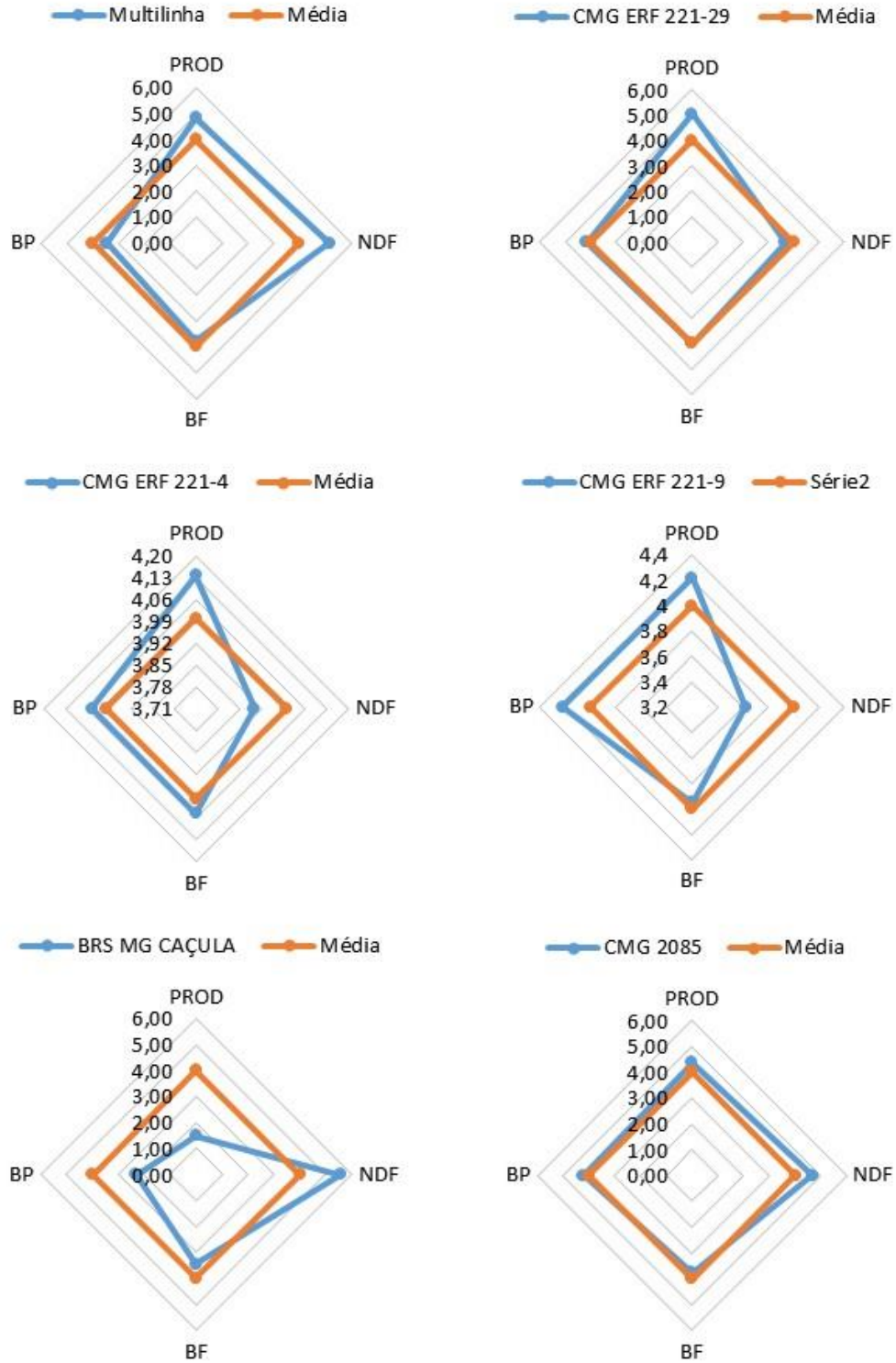
Características	PROD	NDF	BF	BP
PROD	1	0,6284**	-0,4093 ^{ns}	-0,7273**
NDF	0,6870**	1	-0,7273**	-0,8546**
BF	-0,4946 ^{ns}	-0,8286**	1	0,7778**
BP	-0,8202**	-0,8906**	0,8686**	1

** significativo a 5% de probabilidade, ^{ns} não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

A Figura 1 indica que foi utilizado o método gráfico proposto por Nunes (2005), que utiliza gráficos polares onde os fenótipos inerentes a cada variável para um dado genótipo, geram gráficos com formato de ‘bola cheia’ e ‘bola murcha’. Este método consiste na padronização das médias das variáveis, sendo que as maiores médias se referem ao melhor desempenho de uma determinada característica. É uma metodologia recente, comparada as demais encontradas na literatura, visto que é de fácil interpretação apresentando também eficiência na identificação do desempenho dos genótipos frente aos caracteres avaliados. Portanto, o formato ‘bola cheia’ descreve uma linhagem que tem comportamento acima da média para todas ou quase todas as variáveis. Já, o formato ‘bola murcha’ remete à linhagem que se apresenta deficiente, ou seja, desempenho abaixo da média, para algumas das variáveis.

Figura 1 - Representação gráfica do desempenho da multilinha e de seus genótipos constituintes, quanto a produtividade de grãos, número de dias para o florescimento, notas de severidade de brusone foliar e brusone de pescoço. A linha vermelha representa a média de cada caráter associado ao valor padronizado z, neste caso, a constante quatro. Os vértices de cada polígono indicam a performance de cada caráter.



Fonte: Do autor (2019).

Na avaliação dos contrastes de médias envolvendo a multilinha e as linhagens que foram selecionadas para sua composição, é possível observar os níveis de significância obtidos (TABELA 10). Esses dados ajudam a complementar a justificativa para os resultados obtidos pelos gráficos polares “bola cheia” e “bola murcha” citados anteriormente. Portanto, infere-se que a multilinha se destacou principalmente para os caracteres de produtividade de grãos e número de dias para o florescimento, apresentando uma performance superior de 356,42 kg/ha e um início de florescimento de aproximadamente três dias a menos. Botelho (2011) destaca que a estabilidade fenotípica proporcionada pela multilinha é devido à grande capacidade de compensação entre as linhagens, que acabam auxiliando na escolha dos genótipos que irão compor a mistura.

Tabela 10 - Contrastes entre a multilinha e as linhagens utilizadas na sua composição considerando os caracteres: produtividade de grãos, em kg/há, (PROD), número de dias para o florescimento, em dias, (NDF), notas de severidade de brusone foliar (BF) e brusone de pescoço (BP).

Contraste média	PROD	NDF	BF	BP
multilinha/média genótipos	356,42**	-3,08**	0,17 ^{ns}	0,62 ^{ns}

**significativo a 5% de probabilidade, ^{ns} não significativo.

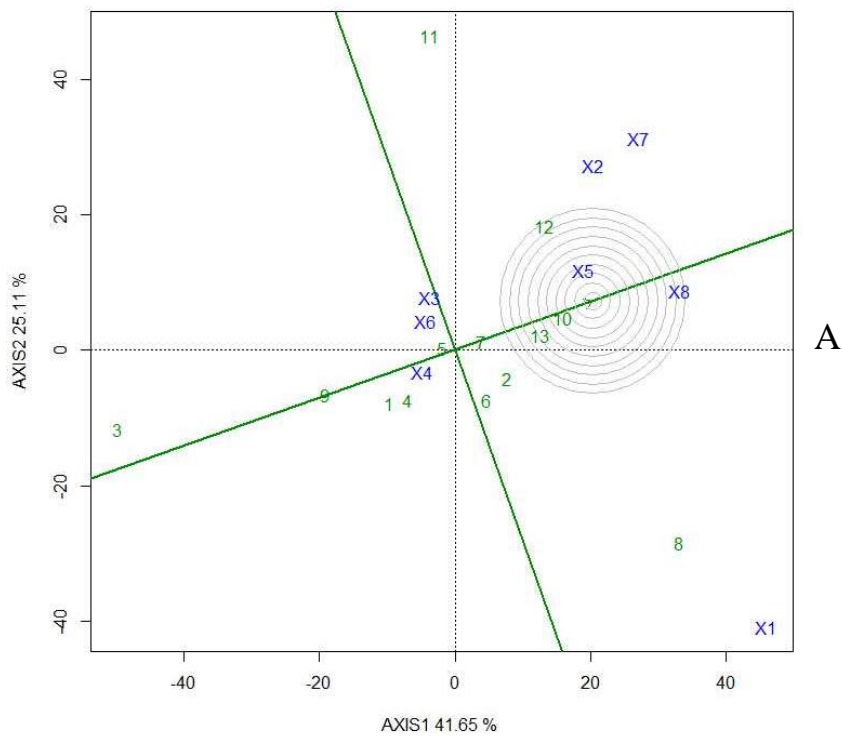
Fonte: Do autor (2019).

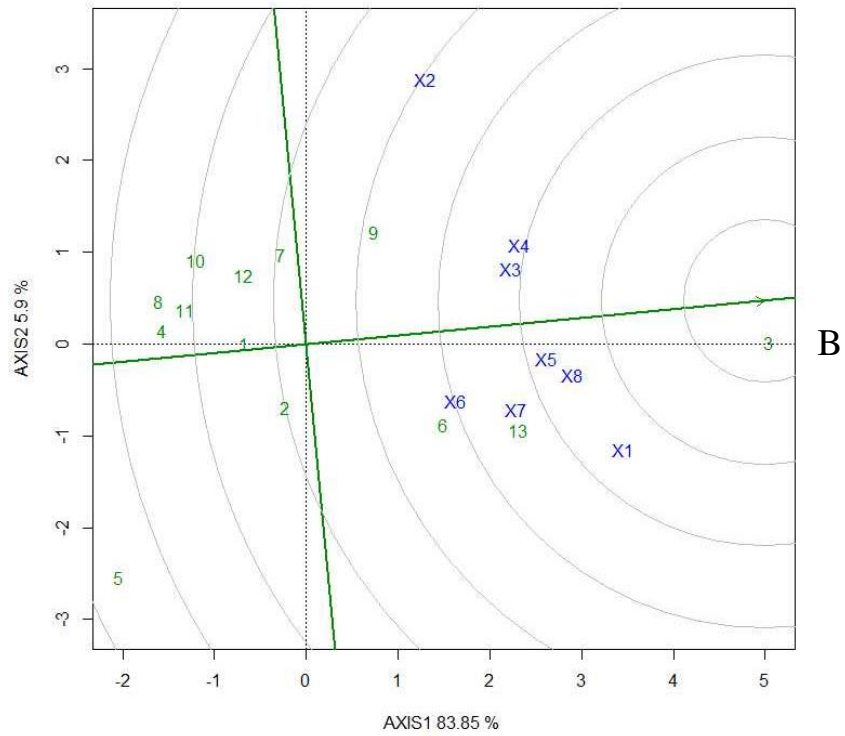
Neste trabalho, o estudo da interação genótipos por ambientes foi importante, pois permitiu obter informações sobre a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, principalmente quando é detectada significância no efeito da interação. Foi realizada, portanto, a análise pelo método GGEbiplot que se constitui em uma ferramenta eficiente para esse estudo em ensaios de competição multi-local (BHAN et al., 2005). De acordo com Oliveira et al. (2003), a análise deve ser feita com o menor número de eixos (componentes principais) e maior percentual de explicação possível, pois à medida que se aumenta o número de eixos, a porcentagem de ruído também é elevada, o que reduz o poder de predição da análise.

No gráfico GGEbiplot, o primeiro componente principal do gráfico (abcissas) está associado a adaptabilidade, apresentando também alta correlação com o desempenho médio, enquanto o segundo componente principal (ordenadas) está associado a estabilidade (YAN et al., 2000). O conceito de ideótipo é utilizado para descrever uma planta que apresente características desejáveis em um determinado ambiente. No presente caso, o ideótipo seria o genótipo que apresenta alta eficiência nos caracteres avaliados e estabilidade. As Figuras 2A, 2B, 2C e 2D mostram o ideótipo para produtividade de grãos, número de dias para o

florescimento, notas de severidade de brusone foliar e de pescoço, respectivamente, neste conjunto de ambientes, e que está representado no centro dos círculos concêntricos. Desta forma, os genótipos mais próximos do centro do círculo são os mais próximos do ideal.

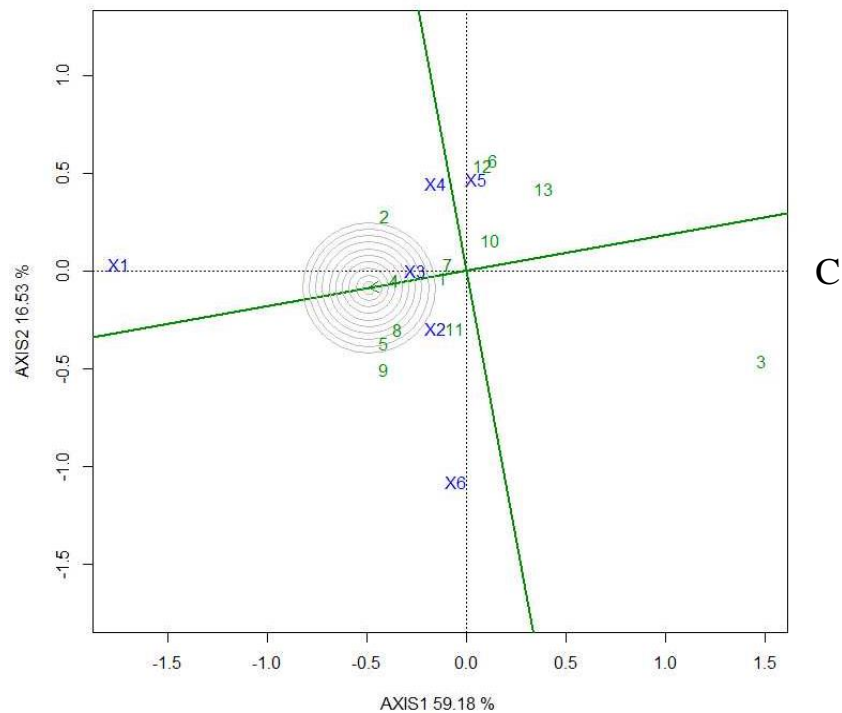
Figuras 2A, 2B – GGE Biplot que classifica os genótipos de acordo com um ideótipo para produtividade de grãos, número de dias para o florescimento, respectivamente. Linhagens: numerações 1 a 13 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X6, X7, X8, (coloração azul).

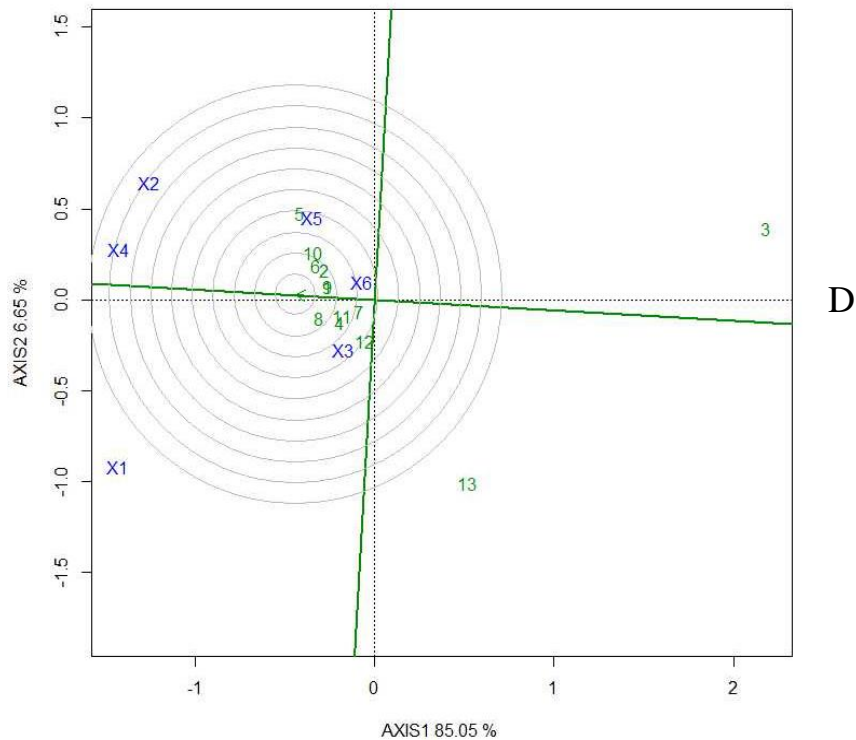




Fonte: Do autor (2019).

Figuras 2C e 2D – GGE Biplot que classifica os genótipos de acordo com um ideótipo para notas de severidade para brusone foliar e brusone de pescoço, respectivamente. Linhagens: numerações 1 a 13 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X6 (coloração azul).



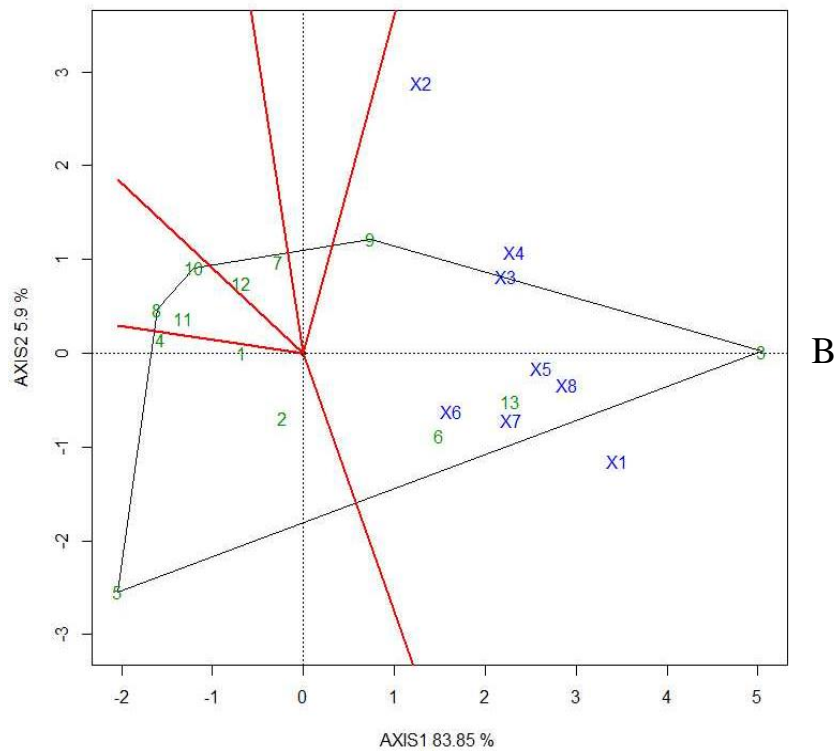
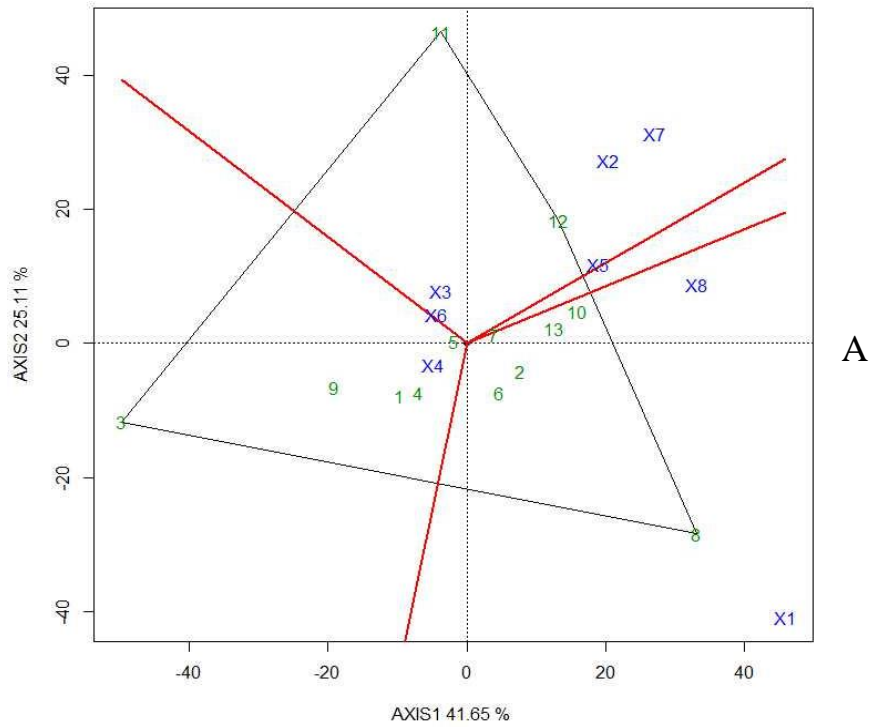


Fonte: Do autor (2019).

Quando diferentes cultivares estão adaptadas a diferentes grupos de ambientes e a variação entre grupos é maior do que dentro do grupo, tem-se a formação de um mega-ambiente (YAN; KANG, 2003). A definição de mega-ambiente é a relação entre os ambientes auxiliam fitotecnistas e melhoristas de plantas na identificação de genótipos que possuam adaptação ampla ou específica a determinados ambientes ou grupos de ambientes (TRETOWAN, et al., 2001). As Figuras 3A, 3B, 3C e 3D mostram o biplot que foi construído com $SVP = 2$, escala = 0, centralizado no $G + G \times A$ e PC1 vs. PC2 (Primary). Os ambientes foram divididos em setores, de acordo com as linhas vermelhas que saíram da origem do biplot. Essa divisão é realizada de acordo com a variação do grupo de genótipos em um determinado grupo de ambientes.

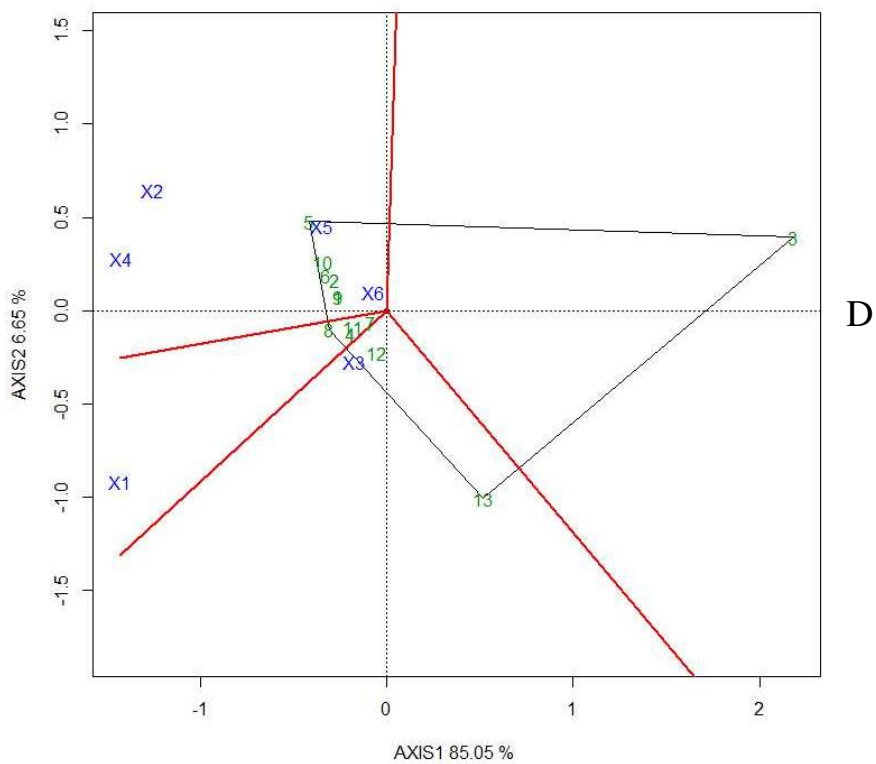
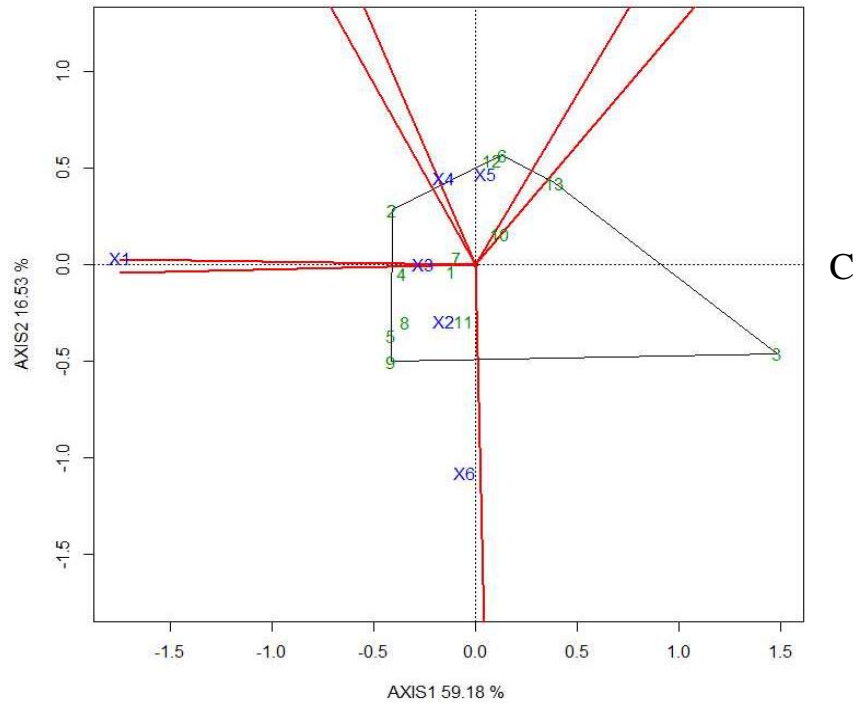
O desempenho de um dado genótipo ou ambiente é observado em relação ao eixo x, em que quanto mais à direita do centro do biplot menor é o desempenho em relação à média pela associação com maiores notas de severidade e quanto mais à esquerda, maior o desempenho em relação à média (FIGURAS 3A, 3B, 3C e 3D). Assim, a distribuição em relação ao eixo x reflete ao comportamento das linhagens frente a produtividade de grãos, número de dias para florescimento, severidade das doenças (brusone foliar e de pescoço) encontradas nesses genótipos, considerando os respectivos ambientes.

Figuras 3A, 3B – GGE Biplot “Quem vence onde” para produtividade de grãos, número de dias para o florescimento, respectivamente, que demonstra quais genótipos obtiveram melhor desempenho em qual ambiente. Linhagens: numerações 1 a 13 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X6, X7, X8, (coloração azul).



Fonte: Do autor (2019).

Figuras 3C e 3D – GGE Biplot “Quem vence onde” para notas de severidade de brusone foliar e brusone de pescoço, respectivamente, que demonstra quais genótipos obtiveram melhor desempenho em qual ambiente. Linhagens: numerações 1 a 13 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X6 (coloração azul).

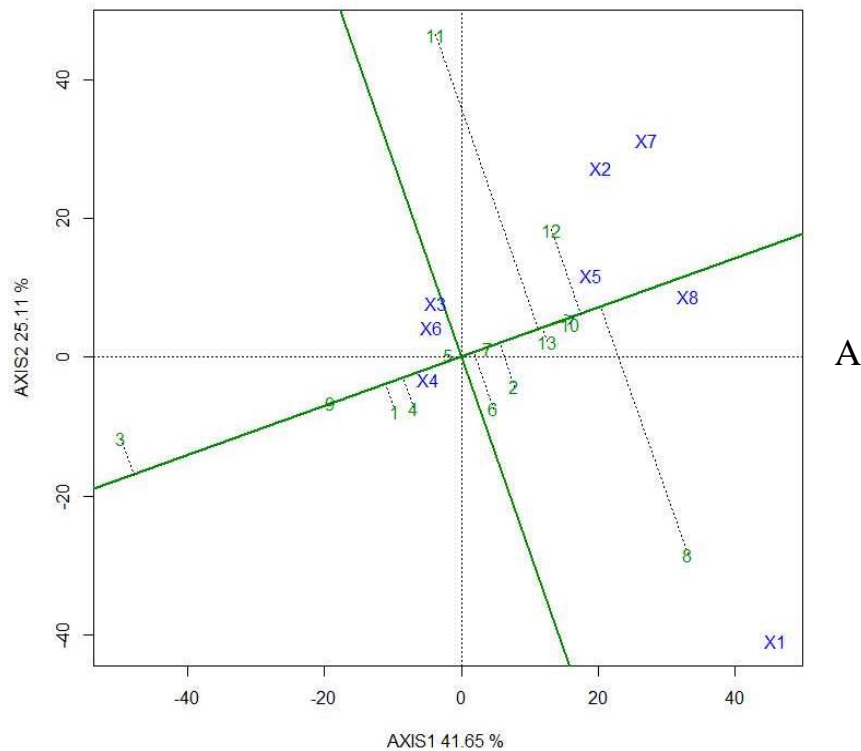


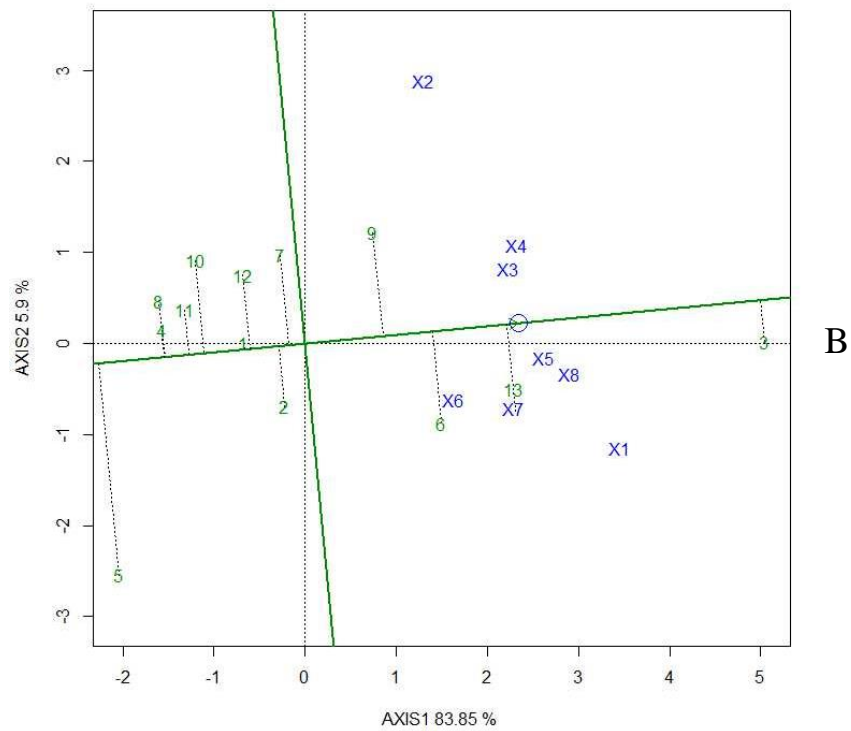
Fonte: Do autor (2019).

Um dos gráficos mais úteis, é denominado ‘Média vs Estabilidade’ em que é possível visualizar genótipos que possuam médias altas e sejam estáveis, pois, de nada adianta um genótipo apresentar alta estabilidade se juntamente não houver um desempenho quanto aos caracteres avaliados de modo satisfatório (YAN; TYNKER, 2006). Nas figuras 4A, 4B, 4C e 4D, estão representados os biplots para produtividade de grãos, número de dias para florescimento, severidade de brusone foliar e brusone de pescoço, respectivamente. Estes foram construídos centralizados em $G + G \times A$ (centralização = 2), e com $SVP = 1$.

A linha com a seta que passa pela origem do gráfico é o eixo do ambiente médio, a seta indica o sentido de maiores produções. A linha perpendicular ao eixo do ambiente média está relacionada a estabilidade do genótipo, em que quanto menor o afastamento do genótipo desta linha, maior sua estabilidade e quanto maior esta distância do eixo das abcissas, maior será a contribuição do genótipo para a interação.

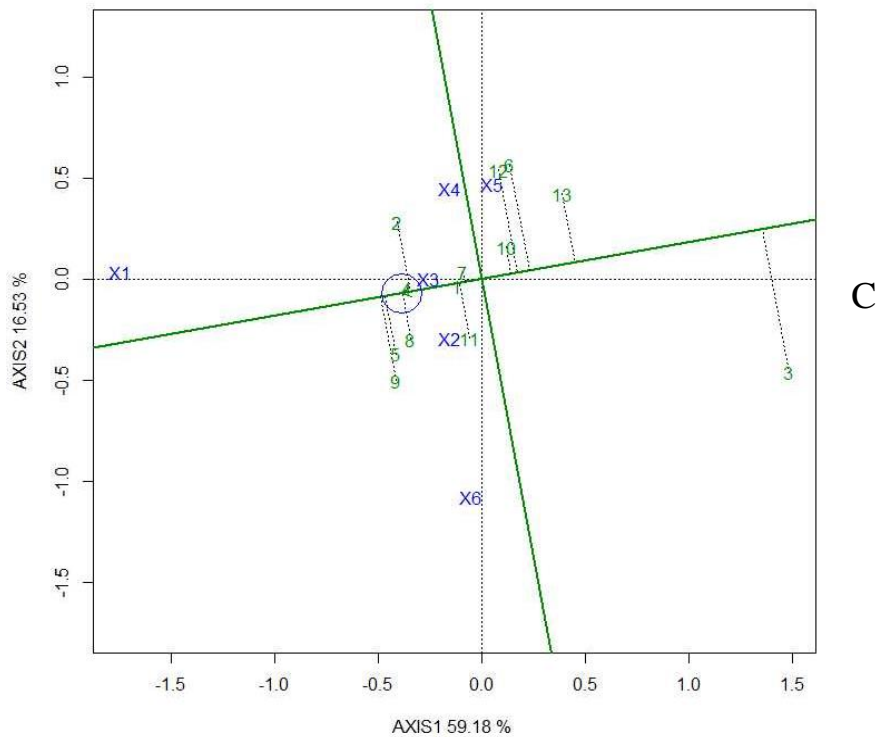
Figuras 4A, 4B – GGE Biplot “Média vs. Estabilidade” para produtividade de grãos e número de dias para o florescimento, que demonstra o desempenho médio quanto aos caracteres avaliados e estabilidade dos genótipos. Linhagens: numerações 1 a 13 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X6, X7, X8, (coloração azul).

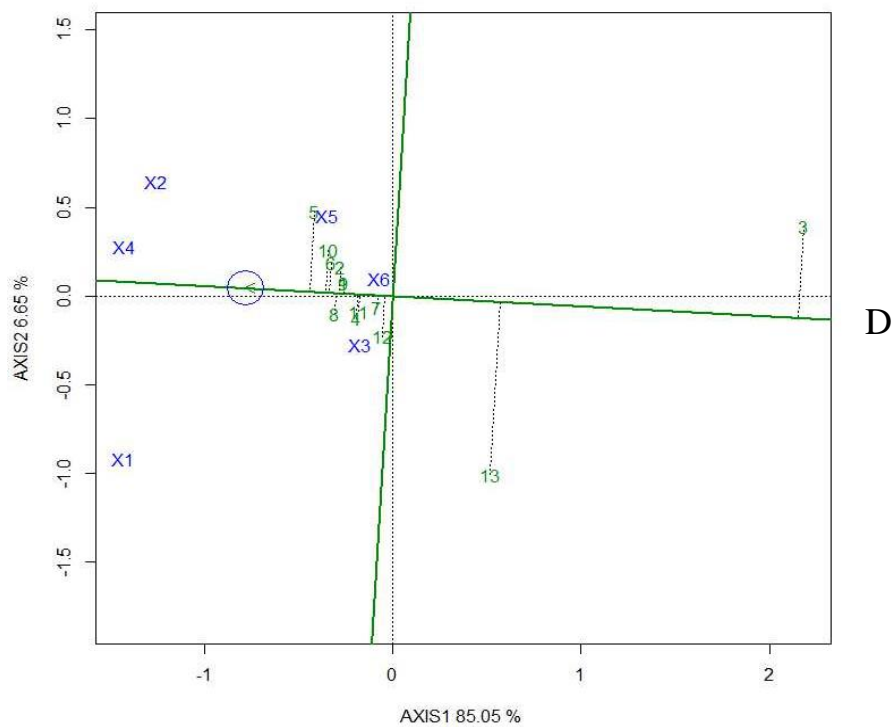




Fonte: Do autor (2019).

Figuras 4C e 4D – GGE Biplot “Média vs. Estabilidade” para notas de severidade de brusone foliar e brusone de pescoço, respectivamente, que demonstra o desempenho médio quanto aos caracteres avaliados e estabilidade dos genótipos. Linhagens: numerações 1 a 13 (coloração verde); Ambientes: designações alfanuméricas X1, X2, X3, X4, X5, X6 (coloração azul).





Fonte: Do autor (2019).

4 DISCUSSÕES

Com o objetivo de estimar a confiabilidade e qualidade dos experimentos, foram obtidos os valores de acurácia e de coeficiente de variação (CV%). Segundo Resende e Duarte (2007), a acurácia é a medida de precisão experimental mais recomendada quando se avalia progênies e/ou cultivares. Está associada à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, ou seja, quanto maior a estimativa da acurácia maior será a confiança na avaliação e no valor genético predito (PIMENTEL et al., 2014). Já em relação ao coeficiente de variação, Costa (2002) enfatiza que deve ser mantido em níveis adequados para cada espécie cultivada e caráter sob avaliação. O valor de CV% depende também da variação residual como proporção da média do experimento.

Através da análise conjunta, foi observada diferença significativa para as fontes de variação genótipos, ambientes e interação GxA, pelo teste de F. A variabilidade entre os materiais genéticos avaliados já era esperada, devido ao fato das linhagens testadas apresentarem diferenças quanto ao *background* genético (GESTEIRA, 2017).

A significância do efeito ambiental neste trabalho pode ser explicada devido à combinação de fatores previsíveis como também imprevisíveis (ALLARD; BRADSHAW, 1964). Ambos os fatores estão presentes, pois as diferentes linhagens foram testadas em locais

distintos no estado de Minas Gerais, como também em dois anos agrícolas. Os fatores imprevisíveis são particularmente importantes para experimentos de VCU pois as linhagens devem ser testadas em pelo menos dois anos agrícolas para se quantificar este efeito e minimizar os erros na recomendação de cultivares (KASTER; FARIAS, 2012).

A interação genótipos por ambientes foi significativa para as características de campo avaliadas, indicando que o comportamento fenotípico das linhagens não foi coincidente nos oito ambientes avaliados. Este fato dificulta a indicação de cultivares para diferentes ambientes (RAMALHO et al., 2012), pois não se pode, nessas circunstâncias, fazer uma recomendação uniforme para todos os locais sem prejuízo considerável na produção. Contudo, há alternativas que podem ser adotadas pelos melhoristas visando minimizar a intensidade da interação genótipos por ambientes, uma delas, é a recomendação de genótipos com alta estabilidade fenotípica (BOTELHO, 2011).

Estudos envolvendo diferentes espécies corroboram com os resultados obtidos neste trabalho a respeito da interação genótipos x ambientes. Cargnin et al. (2009), estudando o efeito de duas épocas de semeadura em trigo, no estado de Minas Gerais, observaram interação genótipos x ambientes, concluindo que os genótipos tinham diferentes respostas com relação a condição ambiental devido, possivelmente à tolerância ao calor. Os autores afirmam que o rendimento de grãos foi o mais afetado pelas condições ambientais, sendo a interação, predominantemente, do tipo complexa, o que dificulta a seleção e a indicação dos melhores genótipos. Na cultura do feijoeiro, Rocha (2010) indicaram que os genótipos avaliados diferiram geneticamente para potencial de produtividade de grãos e que os mesmos, apresentaram respostas diferenciadas aos ambientes em que foram avaliados. Portanto, necessitou-se desdobrar a interação GxA, o que foi feito mediante o uso das análises de estabilidade e adaptabilidade. Concluindo que, os fatores edafoclimáticos são os que mais influenciaram a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos.

De acordo com a Tabela 5, uma justificativa para o comportamento superior da multilinha frente as suas linhagens constituintes, para os caracteres produtividade de grãos e número de dias para o florescimento é que a classificação da capacidade de competição entre os genótipos pode determinar a eficiência do desempenho da mistura. Estudos entre a relação da capacidade de competição e alguns caracteres agronômicos do arroz são encontrados na literatura. Akihama (1968) utilizou duas linhagens e suas progênes F2 e F3, para investigar a herança da capacidade de competição e a relação com outros caracteres. Constatou-se que a seleção da capacidade de competição influenciou na seleção indireta de outros caracteres agronômicos. Uma correlação negativa foi encontrada entre a capacidade de competição e o

peso, e a capacidade de competição e o comprimento da panícula de arroz. Outros estudos da capacidade de competição em arroz foram feitos por Jennings e Herrera (1968) e Wolfe (2000).

A variação dos resultados obtidos na Tabela 7, em relação ao comportamento da multilinha frente a incidência de brusone foliar e de pescoço, pode ser explicado pela grande variabilidade de raças e as diferentes reações dos genótipos. Brunetto (2017) enfatiza que, para que a multilinha apresente total eficiência no campo, é necessário verificar a associação da mistura de linhagens com outras medidas de manejo, a fim de garantir a viabilidade das mesmas ao longo do tempo e tornar os sistemas de cultivo mais sustentáveis. É necessário enfatizar que para a severidade de doenças, os menores valores de estimativas para as notas de severidade justificam uma maior tolerância dos genótipos aos patossistemas avaliados.

Pode-se observar também, que a multilinha obtida do Programa de Melhoramento do Arroz de Terras Altas, nem sempre apresentou superioridade às outras linhagens quanto as características avaliadas, nos ambientes testados, mesmo se tratando de um experimento de VCU, onde os genótipos já são avaliados visando a recomendação. Características como produtividade de grãos e precocidade são primordiais ao lançamento de uma cultivar. Mesmo que muitas vezes estejam correlacionadas a severidade de doenças, o que pode prejudicar todas estas características, nem sempre essa associação é alta. Outro fato que deve ser levado em consideração é o efeito do ambiente. Neste caso, a severidade de doenças é extremamente influenciada pelas condições ambientais, e o ambiente também pode levar a alteração na expressão dos genes de resistência e, conseqüentemente, no desempenho de linhagens nos diferentes ambientes e safras (ALVES, 2018).

Quanto aos resultados obtidos para as correlações de Pearson, pode se observar que as correlações genótípicas apresentaram maior magnitude que as correspondentes correlações fenotípicas, o que sugere que as associações observadas entre os caracteres foram mais influenciadas por causas genéticas que ambientais (FALCONER; MACKAY, 1996).

De acordo com a significância, na diagonal superior, foram detectadas correlações fenotípicas negativas de média a alta magnitude entre número de dias para o florescimento e brusone foliar (-0,7273) e brusone de pescoço (-0,8546), indicando que a utilização de linhagens mais precoces induz à menor severidade de doenças, reduzindo assim, o ciclo de desenvolvimento do patógeno. A correlação negativa de média magnitude entre produtividade de grãos e brusone de pescoço (-0,7273) já era esperada, pois demonstra que o alto rendimento produtivo de grãos está fortemente relacionado a uma menor incidência de brusone de pescoço, a qual traz prejuízo direto às panículas.

As associações positivas de média magnitude entre produtividade de grãos e número

de dias para o florescimento (0,6284) e notas de severidade de brusone foliar e brusone de pescoço (0,7778) foram significativas, indicando respectivamente relação direta entre precocidade de florescimento e alto rendimento produtivo e altos níveis de incidência de brusone foliar com brusone de pescoço.

É importante destacar que foi verificada uma grande similaridade entre os pares de caracteres em relação aos sinais, à magnitude e ao nível de significância, para os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica. Neste caso, a interpretação dos resultados obtidos para as correlações fenotípicas é semelhante para as genotípicas, diferenciando apenas nas causas para a sua ocorrência, no que diz respeito a associação entre genes, ou seja, considerando, por exemplo, que o(s) gene(s) que controlam o florescimento provavelmente estão ligados e/ou são pleiotrópicos com os genes que afetam a produtividade (RAMALHO et al., 2012). Rangel et al. (2000) verificaram uma correlação positiva de alta magnitude entre estes mesmos caracteres, e ainda enfatizam a possibilidade em ganhos em produtividade dentro dos programas de melhoramento mantendo as médias de florescimento, visto que apesar da correlação positiva, esta é de baixa magnitude. Desta forma, a correlação positiva entre a produtividade de grãos e dias para o florescimento torna possível e favorável a seleção para ambos os caracteres simultaneamente.

De acordo com a Figura 1, nota-se que a mistura de linhagens obteve um desempenho acima da média para a maioria das características produtividade de grãos e número de dias para o florescimento. Esse resultado é semelhante aos obtidos por Raboin (2012), os quais apresentam os benefícios da utilização de mistura de cultivares de arroz na região sul da África, proporcionando redução de danos causados por doenças, além de permitir uma produção mais estável, mesmo em condições mínimas de plantio.

De acordo com os resultados obtidos para os caracteres de incidência de brusone foliar e de pescoço, pode se observar que a multilinha apresentou certa tolerância quando a estes patossistemas, estando seu desempenho próximo a média entre as linhagens. Isso pode ser explicado pela elevada variabilidade existente entre os genótipos de arroz quanto à reação a brusone, a qual depende da estrutura populacional do patógeno predominante na região (SANTOS et al., 2017). Rodríguez et al. (1998) mostraram alta variabilidade nos genótipos de arroz para a brusone da folha e permitiram concluir que o grau de resistência de alguns destes genótipos é baixo e necessitam de medidas complementares de controle. Prabhu e Filippi (2001) demonstram a importância da incorporação de genes de resistência nos novos genótipos contra as raças mais frequentes do patógeno.

Os efeitos benéficos da mistura de linhagens têm sido mencionados e discutidos por outros autores (BROWNING, 1969; CASTRO, 2001; ZHU, 2000). Segundo estes, a redução do nível de doença ocorre por meio dos efeitos já mencionados da diluição e barreira. O efeito de diluição ocorre devido a uma maior distância entre as plantas suscetíveis, o que reduz a velocidade de disseminação da doença de planta a planta. O efeito barreira ocorre pela presença de plantas resistentes, funcionando como uma barreira física, impedindo a dispersão dos esporos do patógeno. Esse efeito é proporcional ao número de plantas resistentes, presentes na composição da mistura varietal (CASTRO, 2001). Zhu et al. (2005), utilizando um genótipo suscetível e um resistente à brusone da panícula, obtiveram resultados satisfatórios no controle da doença, com uma redução de mais de 90% na incidência da doença no genótipo suscetível e de 30-40% no genótipo resistente.

Na China, Zhu et al. (2000), testaram uma variedade suscetível e outra resistente à brusone, ambas cultivadas em monocultura e em mistura. Os autores observaram uma redução de 94% na severidade da brusone nas misturas, quando comparados aos plantios separados de cada genótipo. Nakajima et al. (1996), em ensaio conduzido na Ilha de Madagascar, observaram a eficiência da multilinha composta por dez linhas isogênicas do genótipo de arroz Sasanishiki, na supressão da brusone do arroz. Segundo os autores, a severidade da brusone e o percentual de plantas doentes na mistura das linhas foram menores que o observado nos plantios isolados de cada uma delas. Embora proporcionem resultados satisfatórios, poucos estudos são relatados no controle da brusone do arroz utilizando multilinhas no Brasil. Portanto, a escolha das linhagens que constituíram a mistura varietal foi eficiente, indicando uma seleção de múltiplos caracteres favorável a partir do desempenho agrônomico obtido pela multilinha no campo

Para o lançamento de uma nova cultivar é necessário a avaliação dos genótipos selecionados em um conjunto de ambientes, que consiste no VCU (Experimento de Valor de Cultivo e Uso) (ALVES, 2018). Com o resultado do VCU é possível que o melhorista se certifique da manutenção das características agrônomicas, pelas quais os materiais foram selecionados, nos diferentes locais de cultivo. Os resultados deste trabalho mostraram que houve forte interação genótipos por ambiente para todos os caracteres, e esta interação foi do tipo complexa, ou seja, houve alteração no ranking das cultivares quando implantadas em diferentes ambientes. As interações complexas indicam a falta de coincidência no ranqueamento dos genótipos com relação a variação ambiental, isto é, existem linhagens que apresentam comportamento alterado com a mudança do ambiente, sendo melhores em um local que em outro. A interação GxA do tipo complexa é um complicador para os programas de melhoramento, pois não permite a correlação perfeita entre o genótipo e o fenótipo nos

diferentes ambientes. Isso dificulta tanto a recomendação de cultivares como a seleção dos melhores genótipos pelos melhoristas (CRUZ; CASTOLDI, 1991; CRUZ, REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Detectada a interação genótipos por ambientes do tipo complexa, deve-se levar em consideração a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos para a seleção (RESENDE; DUARTE, 2007). Esta interação é decorrente das diferenças abióticas específicas de cada ambiente, bem como de técnicas de manejo e tudo que possa causar qualquer oscilação no desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes. Este também é um indicativo de que a recomendação das cultivares deve ser realizada regionalmente/por safra. Regionalizar a indicação do cultivar é um modo de lidar com a interação genótipo por ambiente, pois assim, é possível reduzir seus efeitos negativos na produção agrícola (RAMALHO et al., 2012).

Os gráficos identificados como *Ranking Genotypes* mostraram que a multilinha (13) apresentou um desempenho superior a maioria das linhagens utilizadas no ensaio, indicando estar próximo ao ideótipo para os caracteres produtividade de grãos e número de dias para florescimento (Figuras 2A e 2B). Esse resultado pode estar relacionado com a alta capacidade de compensação entre as linhagens constituintes da mistura varietal para os caracteres em questão. Essa estimativa permite também concluir que, quando se for elaborar uma multilinha, é aconselhável avaliar maior número de linhagens e identificar as melhores para todos os caracteres, auxiliando, assim, na decisão da escolha dos constituintes da mistura (BOTELHO, 2008). Gizlice et al. (1989), na avaliação de linhagens de soja e suas misturas, constataram que as linhagens diferiram nos parâmetros estimados para avaliar o efeito de complementariedade nas misturas, além de inferirem que as estimativas desses parâmetros de compensação podem auxiliar na identificação de linhagens para comporem uma multilinha. Para os caracteres severidade de brusone foliar e de pescoço (Figuras 2C e 2D), mesmo apresentando estimativas de notas abaixo dos genótipos caracterizados como mais susceptíveis, não foi considerado um ideótipo de resistência contra tal patógeno, justificando que a capacidade de competição intraespecífica entre as linhagens constituintes da mistura não foi satisfatória para este caráter avaliado.

Na Figura 3A (produtividade de grãos), os vértices do polígono são formados pelos genótipos 3, 8 e 11. Os ambientes foram divididos em três grupos, de acordo com as linhas vermelhas que saíram da origem dos biplots. Essa divisão é realizada de acordo com a variação do grupo de linhagens em um determinado grupo de ambientes. Os ambientes foram agrupados da seguinte forma: (i) X1 e X8 (Lavras 2016/17 e Registro 2017/18), (ii) X4 (Lavras 17/18) e, (iii) X2, X3, X5, X6 e X7 (Lambari 16/17, Patos 16/17, Lambari 17/18, Patos 17/18, Epamig

17/18). Os genótipos que estão nos vértices dos grupos de ambientes representam as melhores linhagens para aquele mega-ambiente. A linhagem 3 (BRS MG Caçula), é o vértice do setor que engloba o ambiente X4. Dessa forma, este foi o melhor genótipo neste local. Já para o setor que agrupou os ambientes X1 e X8, o genótipo localizado no vértice é o 8 (CMG ERF 221-7), assim sendo este foi o melhor neste mega-ambiente. Para o mega-ambiente (iii), a linhagem que representa o vértice do polígono é o 11 (CMG ERF 221-19), sendo considerado o melhor genótipo para este grupo de ambientes. Portanto, todas as linhagens apresentaram um bom desempenho para todos os caracteres em pelo menos um ambiente. A multilinha, mais especificamente, apresentou boas médias no mega-ambiente (i), onde estão inseridos os ambientes X1 e X8 (Lavras 16/17 e Registro 17/18).

Na Figura 3B (número de dias para o florescimento), os oito ambientes foram agrupados em apenas um grupo. Os vértices do polígono que representam esse único mega-ambiente foram representados pelas linhagens 3 (BRS MG Caçula) e 9 (CMG 1896). Os genótipos 6 e 13 também apresentaram boas médias quanto ao ciclo de florescimento, em pelo menos um ambiente. Nos setores onde não foram agrupados nenhum dos ambientes em que estão os genótipos 1, 2, 4, 5, 7, 8, 10, 11 e 12 mostram que estes obtiveram as piores médias em um ou mais dos ambientes. Dentre estes genótipos com as piores médias está a linhagem 5 (CMG 2188), com pior desempenho quanto a precocidade de florescimento.

Os genótipos associados a valores abaixo da média, mostrando menores notas de severidade de brusone foliar e de pescoço (FIGURAS 3C e 3D) e, portanto, maior resistência a doenças, dentro do mega-ambiente, são aqueles contidos nos vértices do polígono à esquerda. O genótipo que corresponde ao vértice do grupo de ambientes é aquele que possui a maior ou menor estimativa de nota de severidade, dependendo do posicionamento em relação ao eixo x, para o mega-ambiente em que está contido. Nos setores onde não foram agrupados nenhum dos ambientes, estão os genótipos que apresentaram os mais inconsistentes valores médios para os caracteres avaliados, em um ou mais ambientes. Como o objetivo é identificar os genótipos consistentes, os tratamentos à esquerda merecem maior atenção dentro do programa de melhoramento. Portanto, as linhagens que se destacaram quanto a resistência a brusone foliar foram a 2 e 9 e para brusone de pescoço foram 5 e 8. A linhagem que obtiveram estimativas acima da média de notas de severidade de doenças e que devem ser desconsideradas em relação a resistência dentro do programa de melhoramento é 3 (BRS MG Caçula), pois ocupou ambos os vértices à direita para BF e BP.

Foi possível verificar nos gráficos Média vs Estabilidade, que os genótipos podem ser classificados de acordo com os caracteres avaliados. Para produtividade de grãos (FIGURA

4A) seguiu-se a ordem de classificação: 8>12>10>13>11>2>7>6>5>4>1>9>3. O genótipo 8 (CMG ERF 221-7) foi o mais produtivo, porém, ele apresenta menor estabilidade quando comparado ao genótipo 12 (CMG ERF 221-29), que também apresentou uma produção acima da média (segundo melhor). Contudo, os genótipos mais estáveis para a produtividade de grãos foram o 5 (CMG 2188), 7 (CMG ERF 221-4), 9 (CMG 1896) e 13 (Multilinha), com destaque para a multilinha (genótipo 13) que, aliado a estabilidade, obteve uma produção acima da média. O genótipo que mais contribuiu com a interação foi o 11 (CMG ERF 221-19), que apesar de apresentar uma produção acima da média, se destacando nos ambientes X2 (Lambari 2016/17) e X7 (Epamig 2017/18), não apresentou bom desempenho nos demais ambientes.

Para o caráter ciclo de florescimento (FIGURA 4B), a linhagem 3 (BRS MG Caçula) apresentou o melhor desempenho e estabilidade, seguido pelas linhagens 13 (Multilinha), 6 e 9. O genótipo que mais contribuiu para a interação foi o 9 (CMG 1896), pois apresentou um ciclo de florescimento acima da média nos ambientes X2, X3 e X4, não destacando nos demais.

De acordo com as figuras 4C e 4D, seguindo a ordem estabelecida pelo eixo do ambiente médio, as linhagens 9 e 5 foram as que apresentaram maior resistência a brusone foliar e de pescoço. As linhagens menos resistentes foram 3 (BRS MG Caçula) e a 13 (Multilinha), para os dois casos. Muitos genótipos apresentaram boa estabilidade, devido a maior proximidade em relação ao eixo do ambiente médio. Isso não significa que estes genótipos apresentaram bom desempenho em termos de resistência às doenças, mas sim, que o desempenho relativo de ambos foi consistente. Como a estabilidade por si só não garante o desempenho das linhagens, destaque foi dado aos genótipos 7 e 8, respectivamente para brusone foliar e de pescoço, por associarem alta estabilidade às notas de severidade abaixo da média. As linhagens menos estáveis, ou seja, que mais se distanciaram do eixo do ambiente médio, são as mais imprevisíveis ou variáveis em termos de resistência quando o ambiente é alterado. Estes genótipos são também os que mais contribuem com as estimativas da interação. Neste caso, não são boas alternativas quando o objetivo é recomendar uma cultivar para um conjunto de ambientes ou região. Seguindo esse critério, apenas as linhagens 3, 6 e 12, para o caráter resistência à brusone foliar, 3, 5 e 13 para o caráter resistência à brusone de pescoço, são consideradas os piores genótipos para recomendação devido a menor estabilidade.

Portanto, as linhagens menos estáveis, ou seja, que mais se distanciaram do eixo do ambiente médio são as mais imprevisíveis ou variáveis em termos de resistência quando o ambiente é alterado. Estes genótipos são também os que mais contribuem com as estimativas da interação. Neste caso, não são boas alternativas quando o objetivo é recomendar uma cultivar para um conjunto de ambientes ou região.

Para o lançamento de uma nova cultivar há necessidade da avaliação dos genótipos promissores numa gama de ambientes (FERREIRA et al., 2006), para se certificar que a produção e demais características dos genótipos testados se mantenham nos diferentes locais de cultivo. Neste trabalho foi detectada forte interação genótipos por ambientes para todos os caracteres avaliados, o que indica que a escolha da linhagem deveria ser feita para cada região/safra visando maximizar os ganhos. O fato de regionalizar a indicação da linhagem é um modo de lidar com a interação genótipos por ambientes, diminuindo seus efeitos negativos para a produção agrícola (RAMALHO et al., 2012). Detectada a interação do tipo complexa deve-se levar em consideração a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos para a seleção (RESENDE, 2007). Esta interação é decorrente das diferenças encontradas nos ambientes: temperatura, quantidade de horas de luz e da sanidade das sementes utilizadas nos diferentes ensaios, são fatores que causaram estas oscilações de desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes.

Portanto, em uma análise multi-ambiental, é interessante realizar um teste de ambientes, para a classificação para a sua capacidade de discriminar os tratamentos. Um bom ambiente para se realizar seleção é aquele que melhor discrimina os genótipos (YAN; TYNKER, 2006).

5 CONCLUSÕES

Foi possível constatar que a multilinha é uma boa estratégia para proporcionar uma maior estabilidade fenotípica, além de reduzir o progresso de brusone no campo.

A escolha das linhagens que constituíram a mistura varietal foi eficiente quanto a produtividade de grãos e número de dias para o florescimento, indicando uma seleção favorável, de acordo com o desempenho agrônômico obtido pela multilinha no campo.

A multilinha apresentou uma performance acima da média de resistência a brusone comparada as linhagens mais suscetíveis, porém com menor estabilidade fenotípica para tal caráter.

REFERÊNCIAS

- AHMADI, J.; MOHAMMADI, A.; MIRAK, N. **Targeting promising bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines for cold climate growing environments using AMMI and SREG GGE Biplot analyses.** Journal of Agricultural Science and Technology. [S.I.]. v. 14, n. 03, 645 - 657, 2012.
- AKIHAMA, T. **Inheritance of the competitive ability and effects of its selection on agronomic characters.** Japanese Journal of Breeding, v. 18, n. 1, p. 12-14, 1968.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. **Implications of genotype-environment interactions in applied plant breeding.** Crop science, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ALVES, N. B. **Avanço do programa de melhoramento genético de arroz de terras altas e ganhos para resistência a doenças fúngicas.** 2018. 114 p. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2018.
- ANDRIVON, D.; LUCAS, J. M.; ELLISSECHE. **Development of natural late blight epidemics in pure and mixed plots of potato cultivars with different levels of partial resistance.** Plant Pathology, Oxford, v. 52, n. 5, p. 586-594, 2003.
- ARAÚJO, M. F. C.; ARAÚJO, L. B.; FARIA, P. N.; DIAS, C. T.S. **Statistical test for genotype and environment contribution in the genotype and environment contribution in the genotypes × environments interaction matrix.** Interciencia. 2012; 37:7:515-519.
- ARAUJO, L. B. **Gráficos biplot e joint plot para o estudo da interação tripla.** Ciência Rural, Santa Maria, v. 40, n. 4, p. 833-839, 2010.
- ASHKANI, S.; RAFII, M. Y.; SHABANIMOFRAD, M.; MIAH, G.; SAHEBI, M.; AZIZI, P.; NASEHI, A. **Molecular breeding strategy and challenges towards improvement of blast disease resistance in rice crop.** Frontiers in plant science, v. 6, p. 886, 2015.
- BECKER, H. C.; LÉON, J. **Stability analysis in plant breeding.** Plant Breed. 101:1-23, 1988.
- BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T.; TEXEIRA, R. C.; FIDELIS, R. R.; CRUZ, C. D.; REIS, M. S. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados no estado do Mato Grosso.** Revista Ceres, Viçosa/MG, v. 57, p. 359-366, 2010.
- BEDENDO, I. P.; PRABHU, A. S. Doenças do Arroz (*Oryza sativa*). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. (Ed.). In: **Manual de Fitopatologia: Doenças das Plantas Cultivadas.** 4. ed. São Paulo. Agronômica Ceres, 2005.
- BENIN, G.; PINNOW. C.; SILVA. C. L. S.; PAGLIOSA, E. S.; BECHE, E.; BORNHOFEN, E.; MUNARO, L. B.; SILVA, R. R. **Análises biplot na avaliação de cultivares de trigo em diferentes níveis de manejo.** Bragantia, Campinas, v. 71 n. 01. p.28 - 36. 2012.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants.** 2nd ed. Woodbury: Stemma, 390p, 2010.

- BHAN, M. K. **GGE biplot analysis of oil Yield in lemongrass (*Cymbopogon* spp.)**. Journal of New Seeds, v. 7, n. 2, p. 127-139, 2005.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: UFV, 523 p, 2013.
- BORGES, V.; SOARES, A. A.; REIS, M. S.; RESENDE, M. D. V.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. **Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos**. Bragantia, v. 69, p. 833-841, 2010.
- BOTELHO, F. B. S.; SOARES, P. C.; CASTRO, A. P.; TORGA, P. P.; REIS, M. S.; RODRIGUES, C. S. **Melhoramento genético do arroz em Minas Gerais: avanços e perspectivas**. In: Arroz: do campo à mesa. Informe Agropecuário, EPAMIG. v. 39, n. 301, 2018.
- BOTELHO, F. B. S. **Multiline as a Strategy to Reduce Damage Caused by *Colletotrichum lindemuthianum* in Common Bean**. Journal of Phytopathology, v. 159, p. 175– 180, 2011.
- BOTELHO, F. B. S. **Multilinhas visando atenuação dos estresses bióticos e maior estabilidade fenotípica no feijoeiro**. 2008. 98 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2008.
- BREWBAKER, J. L.; AQUILIZAN, F. **Genetics of Resistance in Maize to a Mosaic-Stripe Virus Transmitted by *Peregrinus maidis***. Crop Science, Madison, v. 5, n. 5, p. 412-415, 1965.
- BROWNING, J. A.; FREY, K. J. **Multiline cultivars as a means of disease control**. Annual Review Phytopathology, Danvers, v.14, p.355-382, 1969.
- BRUNETTO, A. E., MULLER, C., PAZDIORA, P. C., & DALLAGNOL, L. J. **Mistura de cultivares de dois componentes no manejo de múltiplas doenças do trigo**. Revista Brasileira de Ciências Agrárias, 12(3), 269-276, 2017.
- BRUZI, A.T.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. DE F.B.; FERREIRA, D.F.; SENA, M.R. **Homeostasis of common bean populations with different genetic structures**. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.7, p.111 - 116, 2007.
- BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. 2. ed. Lavras: Ed. UFLA, 319 p, 2006.
- BURDON, J. J. et al. **Guiding deployment of resistance in cereals using evolutionary principles**. Evolutionary Applications, v. 7, p. 609–624, 2014.
- BURDON, J. J. **Genetic variation in pathogen populations and its implications for adaptation to host resistance**. In: JACOBS, TH.; PARLEVLIET, J. E. Durability of disease resistance. Dordrecht: Ed. Kluwer Academic Publishers, v. 18, cap. 1, p. 41-56, 1993.
- CARGNIN, A.; SOUZA, M.A. de; FRONZA, V.; FOGAÇA, C.M. **Genetic and environmental contributions to increased wheat yield in Minas Gerais, Brazil**. Scientia Agricola, v.66, p.317-322, 2009.

CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L.; ROCHA, L.M.P.; PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, L.J.M.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONY, S.N.; OLIVEIRA, I.R. **Identificação de cultivares de milho com base na análise de estabilidade fenotípica no Meio-Norte brasileiro.** Revista Ciência Agronômica, v.43, p.346-353, 2012.

CARNEIRO, A. K. **Emprego de multilinhas na cultura da soja.** 2017. 56 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

CARVALHO, S. G. M. **Misturas de feijão carioca como estratégia na obtenção de resistência durável a diferentes raças de *Colletotrichum lindemuthianum*.** 2018. 51 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2018.

CASELA, C. R.; GUIMARÃES, F. B. **Rotação de genes no manejo da resistência a doenças.** Revista Anual de Patologia de Plantas, Passo Fundo, v. 13, p. 321-349, 2005.

CASTRO, A. **Cultivar Mixtures.** The Plant Health Instructor, St. Paul, 2001.

CAVATTE, P. C.; SILVA, L. H.; DE SOUZA MACHADO, C. L. **Fisionômica e a resistência de plantas a estresse bióticos.** Tópicos Especiais em Genética e Melhoramento II. cap. 4, p. 64, 2018.

CHAVES, L. J. **Interação de genótipos com ambientes.** In: NASS, L. L. et al. (Ed.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, p. 675-712, 2001.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Perspectivas para a agropecuária: safra 2018/2019.** Brasília, v.1, p. 1-154, 2018.

CONSORTIUM, R. **Combining Selective Pressures to Enhance the Durability of Disease Resistance Genes.** Frontiers in Plant Science, v.7, p. 1-8, 2016.

COSTA, R. V.; ZAMBOLIM, L.; SILVA, D. D.; COTA, L. V.; CASELA, C. R. **Utilização de multilinhas dinâmicas para o manejo da antracnose do sorgo.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.47, p.173-180, 2012.

COSTA, N. H. A. D.; SERAPHIN, J. C.; ZIMMERMANN, F. J. P. **Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 37, n. 3, p. 243-249, 2002

COWGER, C.; MUNDT, C. C. **Effects of wheat cultivar mixtures on epidemic progression of *Septoria tritici* blotch and pathogenicity of *Mycosphaerella graminicola*.** Phytopathology, v.92, n.6, p.617-623, 2002.

CROSSA, J. **Bayesian Estimation of the Additive Main Effects and Multiplicative Interaction.** Crop Science, Madison, v. 51, n. 4, p. 1458- 1469, 2011.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: estatística experimental e matrizes.** UFV, 2006.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. **Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa.** Revista Ceres, v.38, p.422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV: Viçosa, v. 1, 4. ed, 544 p, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao Melhoramento Genético. 3ªed. Viçosa, Editora UFV. 585p, 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 390 p, 2001.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. **An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto**. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 567-580, 1989.

DIAS, F. T. C. **Adaptabilidade e estabilidade fenotípica para o caráter rendimento de grãos em cultivares de soja para o Estado do Ceará**. Revista Ciência Agronômica, v. 40, n. 01, p. 129-134, 2009.

DIDELOT, F.; BRUNT, L.; PARISIT, L. **Effects of cultivar mixtures on scab control in apple orchards**. Plant Pathology Journal, v. 56, p. 1014-1022, 2007

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. **Stability parameters for comparing varieties**. Crop Science, v.6, p.36-40,1966.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 464 p. 1996.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations -. Top production – Rice, paddy – 2012. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>>. Acesso em: 20 jan. 2018.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Statistical databases, 2016. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>>. Acesso em 10 dez. 2018.

FERREIRA, D.F.; DEMÉTRIO, C.G.B.; MANLY, B.F.J.; MACHADO, A.A.; VENCOSKY, R. **Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding**. Cerne 12: 373-388, 2006.

FIDELIS, R. R.; TONELLO, L. P.; VELOSO, D. A.; SANTOS, V. B.; BARROS, H.B. **Comportamento de cultivares de arroz em condições de baixo nível tecnológico**. Brazilian Journal of Applied Technology for Agricultural Science, Guarapuava-PR, v. 9, n. 2, p. 7- 17, 2016.

FIGUEIREDO, A. G.; VON PINHO, R. G.; SILVA, H. D.; BALESTRE, M. **Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data**. Euphytica, v. 202, n. 3, p. 393-409, 2015.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. **The analysis of adaptation in a plant breeding programme**. Australian Journal of Agriculture Research, v.14, p.742-754, 1963.

FUKUOKA, S.; SAKA, N.; MIZUKAMI, Y.; KOGA, H.; YAMANOUCHI, U.;

YOSHIOKA, Y.; YANO, M. **Shuichi et al. Gene pyramiding enhances durable blast disease resistance in rice.** Scientific reports, v. 5, p. 7773, 2015.

GAUCH, H. G. A. **Simple Protocol for AMMI Analysis of Yield Trials.** Crop Science. 2013;53: 5: 1860-1869.

GEDIF, MULUGETA; YIGZAW, DESSALEGN. **Genotype by Environment Interaction Analysis for Tuber Yield of Potato (*Solanum tuberosum* L.) Using a GGE Biplot Method in Amhara Region, Ethiopia.** Agricultural Sciences, 2014.

GESTEIRA, G. S. **Seleção de linhagens de soja precoce para produtividade e qualidade de grãos.** 2017. 58 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. **Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 42, n. 2, p. 193-198, 2007.

GIZLICE, Z., CARTER, T. E., BURTON, J. W., & EMIGH, T. H. **Partitioning of blending ability using two-way blends and component lines of soybean.** Crop science, 29(4), 885-889, 1989.

GUIMARÃES, C. M.; SANTOS, A. B.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; STONE, L. F. **Sistemas de cultivo.** In: SANTOS, A. B. STONE, L. F. VIEIRA, N. R. A. (Eds.). **A cultura de arroz no Brasil.** 2. ed. rev. ampl. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, cap. 3, p. 53-96, 2006.

HELLAND, S. J.; HOLLAND, J. B. **Blend response and stability and cultivar blending ability in oat.** Crop Science. v. 41. p.1689-1696. 2001.

IBGE. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística,** 2014. Monitoramento da Cobertura e Uso da Terra. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/geociencias-novoportal/informacoes-ambientais/cobertura-e-uso-da-terra/15831-cobertura-e-uso-da-terra-do-brasil.html?=&t=cobertura-e-uso-da-terra>>. Acesso em: 03 dez. 2018.

IRRI. **International Rice Research Institute.** Standard Evaluation System for Rice. Manila, 52 p. 1996.

JENNINGS, P. R.; HERRERA, R. M. **Studies on competition in rice II. Competition in segregating populations.** Evolution, v. 22, n. 2, p. 332-336, 1968.

KASTER, M.; FARIAS, J. R. B. **Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja: terceira aproximação.** Londrina: EMBRAPA Soja, 69 p. (Documentos, 330), 2012.

KUMAR, P.; SINGH, N. K. **Determining behaviour of maize genotypes and growing environments using AMMI statistics.** SAARC Journal of Agriculture, v. 13, n. 1, p. 162-173, 2015.

- LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “Bootstrap” no modelo AMMI**. Piracicaba: ESALQ. 166p (Tese doutorado), 2003.
- LEITE, M. S. O. **Análise multiambientales visando a recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar**. 2011. 72 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2011.
- LEONARD, K. J. **Factors affecting rates of stem rust increase in mixed plantings of susceptible and resistant oat varieties**. *Phytopathology*, Saint Paul, v. 59, p. 1845-1850, 1969.
- LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y. **Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja**. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v.59, n.2, p.341-348, 2002.
- LÓPEZ-OVEJERO, R. F., SOARES, D. J., OLIVEIRA, N. C., KAWAGUCHI, I. T., BERGER, G. U., DE CARVALHO, S. J. P., & CHRISTOFFOLETI, P. J. **Interferência e controle de milho voluntário tolerante ao glifosato na cultura da soja**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 51(4), 340-347, 2016.
- MALAVOLTA, V. M. A.; DE ARRUDA SOLIGO, E.; DIAS, D. D.; AZZINI, L. E.; BASTOS, C. R. **Fungi incidence and damage evaluation on seeds of rice genotypes**. *Summa Phytopathologica*, v. 33, n. 3, p. 280-286, 2007.
- MARSHALL, D. R.; BROWN, A. H. D. **Stability of performance of mixtures and multilines**. *Euphytica*, Wageningen, v. 22, n. 2, p. 405-412, 1973.
- MATTOS, P. H. C. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Estado do Paraná pelos métodos AMMI e GGE biplot**. 2012. 42 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.
- MIAH, G.; RAFII, M. Y.; ISMAIL, M. R.; SAHEBI, M.; HASHEMI, F. S. G.; YUSUFF, O.; USMAN, M. G. **Blast disease intimidation towards rice cultivation: a review of pathogen and strategies to control**. *J Anim Plant Science*, v. 27, p. 1058-1066, 2017.
- MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P. de.; COLOMBARI FILHO, J. M. **Variabilidade genética durante quatro ciclos de seleção recorrente em arroz**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 52, n. 11, p. 1033-1041, 2017.
- MOURA, G. P. L. de. **Estimação de parâmetros de competição entre clones de eucalipto**. 2009. 71 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.
- MUNDT, C. C. **Durable resistance: A key to sustainable management of pathogens and pests**. *Infection, Genetics and Evolution*, v. 27, p. 446-455, 2014.
- MUNDT, C. C. **Use of multiline cultivars and cultivar mixtures for disease management**. *Annual Review of Phytopathology*, v. 40, p. 381-410, 2002.

- NAKAJIMA, T.; SONODA, R.; YAEGASHI, H.; SAITO, H. **Factors Related to suppression of leaf blast disease with a multiline of rice cultivar Sasanishiki and its isogenic lines.** Annals of the Phytopathological Society of Japan, Tokyo, v.62, p.360-364, 1996.
- NASCIMENTO I. O.; RODRIGUES A. A. C.; BRAUN H.; SANTOS C. C.; CATARINO A. M. **Silicon fertilization and seed microbiolization on disease severity and agronomic performance of upland rice.** Rev. Caatinga, Mossoró, v. 31, n. 1, p. 126 – 134, 2018.
- NELSON, R.; WIESNER-HANKS, T.; WISSER, R.; & BALINT-KURTI, P. **Navigating complexity to breed disease-resistant crops.** Nature Reviews Genetics, 19(1), 21., 2018.
- NOGUEIRA, A. P; SEDIYAMA, Y.; SOUZA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, D. G. **Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura.** Bioscience Journal, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.
- NOGUEIRA, A. M. et al. **Avaliação da produtividade e vigor vegetativo de linhagens das cultivares catuaí vermelho e catuaí amarelo (*Coffea arabica* L.) plantadas individualmente e em diferentes combinações.** Ciência e Agrotecnologia, Lavras, v. 29, n. 1, p. 27-33, 2005.
- NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. **Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars.** Annual Report of Bean Improvement Cooperative, Fort Collins, v. 48, p. 182-183, 2005.
- NUNES, C. D.; RIBEIRO A. S.; TERRES, A. L. **Principais doenças do arroz irrigado e seu controle.** In: GOMES, A. S.; MAGALHÃES JUNIOR, A. M. Arroz irrigado no sul do Brasil. Brasília, DF: Embrapa: Informação Tecnológica, p. 579-633, 2004.
- OLIVEIRA J. P.; MOREIRA W.N.; DUARTE J. B.; CHAVES L. J & PINHEIRO J. B. **Genotype-environment interaction in maize hybrids: an application of the AMMI model.** Crop Breeding and Applied Biotechnology 3: 185-192. 2003.
- PIMENTEL, A. JR. B. **Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental.** 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.
- PORTO, W. S., CARVALHO, C. G. P. DE., PINTO, R. J. B. **Adaptabilidade e estabilidade como critérios para seleção de genótipos de girassol.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 42, n. 04, p. 491-499, 2007.
- PRABHU, A. S., BARBOSA FILHO, M. P., DATNOFF, L. E., SNYDER, G. H., BERNI, R. F., RODRIGUES, F. A., & DALLAGNOL, L. J. **Silicon reduces brown spot severity and grain discoloration on several rice genotypes.** Tropical Plant Pathology, v. 37, n. 6, p. 409-414, 2012.

- PRABHU, A.S.; FILIPPI, M.C. **Resistência da cultivar no manejo integrado da brusone.** In: PRABHU, A. S.; FILIPI, M. C. Brusone em arroz: controle genético, progresso e perspectivas. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2006a.
- PRABHU, A. S.; FILIPPI, M. C. **Graus de resistência à brusone e produtividade de cultivares melhoradas de arroz de terras altas.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.36, n.12, p.1453-1459, 2001.
- RABOIN, L. M. **Two-component cultivar mixtures reduce rice blast epidemics in an upland agrosystem.** Plant Pathology Journal, p. 1-9, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B.; NUNES, J.A.R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.** Lavras: Editora UFLA, 522p, 2012.
- RAMBURAN, S.; ZHOU, M.; LABUSCHAGNE, M. **Interpretation of genotype x environment interactions of sugarcane: identifying significant environmental factors.** Field Crops Research, Amsterdam, v. 124, n. 3, p. 392-399, 2011.
- RAMOS, L. M.; SANCHES, A.; COTES, J. M. Teste multiambientais na seleção de genótipos de arroz utilizando o modelo de regressão nos sítios ou locais. Ciência Rural, Santa Maria, v. 39, n. 1, p. 52-57, 2009.
- RANGEL, P. H. N. et al. **Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 35, n. 08, p. 1595-1604, 2000.
- REIFSCHNEIDER, F.J.B.; NASS, L.L.; HEINRICH, A.G.; RIBEIRO, C.S.; HENZ, G.P.; EUCLIDES FILHO, K.; BOITEUX, L.S.; RITSCHER, P.; FERRAZ, R.M.; QUECINI, V. **Uma pitada de biodiversidade na mesa dos brasileiros.** 1. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2015.
- REGITANO NETO, A.; JUNIOR, E.U.R.; GALLO, P.B.; FREITAS, J.G. DE. & AZZINI, E. **Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo.** Revista Ciência Agronômica, vol. 44, n. 3, p. 512-519, 2013.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: Embrapa Florestas, 362 p. 2007.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares.** Pesquisa Agropecuária Tropical, Goiânia, v. 3, n. 37, p. 182- 194, 2007.
- ROCHA, N. P. C. **Adaptabilidade e estabilidade da característica produtividade de grãos dos grupos comerciais carioca e preto de feijão.** Ciências Agrárias, Londrina, v. 31, n. 1, p. 39-54, 2010.
- RODRÍGUEZ, R. E. S.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. **Estimativas de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA 1.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.33, n.5, p.685-691, 1998.

SAMONTE, S. O. P. B. et al. **Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE Biplot analyses.** Crop Science, Madison, v. 45, p. 2124-2424, 2005.

SARI, B. G. **Tamanho de amostra para avaliar a severidade de brusone da folha em experimentos com arroz irrigado.** Revista Caatinga, v. 29, n. 4, p. 822-831, 2016.

SANDHU, S. K. **GGE Biplot analysis for cane and sugar yield from advanced- stage sugarcane trials in subtropical India.** Journal of Crop Improvement, London, v. 28, n. 5, p. 641-659, 2014.

SANTOS, G. R. D.; CHAGAS, J. F. R.; NETO, C.; FIDELIS, R.; LEÃO, E. U. **Selection of rice genotypes to integrate a varietal mixture for blast control.** Summa Phytopathologica, v. 43, n. 4, p. 290-296, 2017.

SANTOS J. B. **Melhoramento de plantas visando resistência à doenças.** Lavras: Universidade Federal de Lavras, p. 149, 2015.

SANTOS, G. R.; CASTRO, M. D.; IGNÁCIO, M.; FURTADO, G. Q.; RANGEL, P. H. N.; SILVA, L. M. A.; RIBEIRO, F. F. **Resistência às doenças de linhagens de arroz de terras altas no sul do Estado do Tocantins.** Bioscience Journal. Uberlândia, v. 25, n. 6, p. 96-105, 2009.

SASAHARA, M., & KOIZUMI, S. (2002). **Rice blast control with Sasanishiki multilines in Miyagi Prefecture.** In Rice Blast: Interaction with Rice and Control (pp. 201-207).

SILVA, G. A. P.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, J. G. R.; PERINA, E. F.; CARBONELL, S. A. M. **Análise da adaptabilidade e estabilidade de produção em ensaios regionais de feijoeiro para o Estado de São Paulo.** Revista Ceres, v.60, n.1, p.059-065, 2013.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. **Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, DF, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1985, Campinas. **Anais...** Campinas: Fundação Cargil, p.49-50. 1985.

SILVA-LOBO, V. L.; DE AGUIAR, J. T.; CÔRTEZ, M. V. D. C. B.; DE FILIPPI, M. C. C.; PRABHU, A. S. **Crítérios para Avaliação da Resistência à Mancha Parda e Relação entre a Mancha Parda na Folha Bandeira e a Mancha de Grãos em Genótipos de Arroz.** Embrapa Arroz e Feijão-Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E), 2014.

SILVEIRA, L. C. I, da et al. **AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes.** Scientia Agraria, Piracicaba, v. 70, n. 1, p. 27-32, 2013.

SILVEIRA, L.C.I. da; KIST, V.; PAULA, T.O.M. de; BARBOSA, M.H.P.; OLIVEIRA, R.A. de; DAROS, E. **Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais.** *Ciência Rural*, v.42, p.587-593, 2012.

SIMMONDS, NORMAN W. **Genotype (G), environment (E) and GEcomponents of crop yields.** *Experimental Agriculture*, v. 17, n. 04, p. 355- 362, 1981.

SINGH, R. P.; SINGH, P. K.; RUTKOSKI, J.; HODSON, D. P. H. E, X., JORGENSEN, L. N.; MOGENS, S.; HOVMOLLER, M. S.; HUERTA-ESPINO, J. **Disease impact on wheat yield potential and prospects of genetic control.** *Annual review of phytopathology*, v. 54, p. 303-322, 2016.

SISTEMA FAEG. **Faeg, Senar Goiás e Sindicato Rural. Revista Campo**, 2018. Disponível em: <<http://sistemafaeg.com.br/mercados-e-cotacoes/custo-de-producao>>. Acesso em: 25 jan.

SOARES, L. C. S.; RAPHAEL, J. P. A.; BORTOLOTTI, R. P.; NORA, D. D.; GRUHN, E. **M. Blast disease in rice culture.** *Brazilian Journal of Applied Technology for Agricultural Science*, Guarapuava, v. 7, n. 2, p. 109-119, 2014.

SOUZA, B. O. **Management of sorghum anthracnose through diversification of genetic resistance in host population.** *Tropical Plant Pathology*, v. 38, n.1, p. 20-27, 2013.

STEELING, D.; EBMEYER, E.; LINK, W. **Yield stability in Faba Bean, *Vicia faba* L.:** Effects of Heterozygosity and Heterogeneity. *Plant Breeding*, v. 112, p. 30-39, 1994.

STRECK, E. A. **Contribuição Genética do Melhoramento de Arroz Irrigado de Terras Baixas para o Rio Grande do Sul.** 146 f. Tese (Doutorado em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, 2017.

TERASAWA JR. F.; VENCOVSKY, R.; KOEHLER, H. **Environment and genotype environment interaction in maize breeding in Paraná, Brazil.** *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v.8, p. 17-22, 2008.

TRETHOWAN, R.M. et al. **Relationships among bread wheat international yield testing locations in dry areas.** *Crop Science*, v.41, n.5, p.1461-1469, 2001.

TOLER, J. E. **Patterns of genotype performance over environmental arrays.** 1990. 154 p. Thesis (Ph.D) – Clemson University, Clemson, 1990.

UTUMI, M. M.; MARCOLAN, A. L.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, C. A. D.; FERNANDES, C. F.; RAMOS, J. E. L.; COSTA, J. N. M.; VIEIRA JUNIOR, J. R.; OLIVEIRA, S. J. M.; GODINHO, V. P. C.; SILVA, W. C. da; HOLANDA FILHO, Z. F. (Ed.) **Sistema de produção de arroz de terras altas.** Porto Velho: Embrapa Rondônia, 32 p. (Sistemas de Produção, 31), 2008.

VALÉRIO, H. M. **Variability of the Anthracnose Fungus *Colletotrichum graminicola* in Sorghum Genotype Mixtures.** *Fitopatologia Brasileira*, v. 29, n. 5, p. 567-569, 2004.

VASCONCELOS, F. S. D. **Agrupamento de modelos de regressão da análise de adaptabilidade e estabilidade de genótipos.** Pesquisa Agropecuária Brasileira. Brasília, DF, v. 45, n.12, p.1357 -1362. 2010.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496 p, 1992.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. **Limitation of conventional regression analysis: a proposed modification.** Theoretical and Applied Genetics, Berlin, v.53, n.1, p.89-91, 1978.

WOLFE, M. S. **Crop strength through diversity.** Nature, London, v. 406, n. 6797, p. 681-682, 2000.

WOLFE, M. S. **The current status and prospects of multiline cultivars and variety mixtures for disease resistance.** Annual Review. Phytopathology, v. 23, p. 251-273, 1985.

WRICKE, G. **Die erfassung der wechelwirkungen zwischen genotype und umwelt bie quantitativen eigenschaften. Zeitscherif fur Pflanzenzüchtg,** Berlin, v. 53, n. 4, p. 266-343, 1965.

YAN, W., RAJCAN I. **Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario.** Crop Science. 42:11–20, 2002.

YAN, W. et al. **Cultivar evaluation and megaenvironment investigation based on the GGE biplot.** Crop Science, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders.** 2003

YAN, W; TINKER, A. **Biplot analysis of multi environment trial data: principles and applications.** Canadian Journal of Plant Science, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006.

YATES, F.; COCHRAN, W.G. **The analysis of group of experiments.** Journal Agriculture Science. v.28, p.556- 580, 1938.

ZHAN, J.; THRALL, P. H.; PAPAÏX, J., XIE, L.; BURDON, J. J. **Playing on a pathogen's weakness: using evolution to guide sustainable plant disease control strategies.** Annual Review of Phytopathology, v. 53, p. 19-43, 2015.

ZHU, Y.Y.; FANG, H.; WANG, Y.Y.; FAN, J.X.; YANG, S.S.; MEW, T.W.; MUNDT, C.C. **Panicle blast and canopy moisture in rice cultivar mixtures.** Phytopathology, v.95, n.4, p.433- 438, 2005.

ZHU, Y.; CHEN, H.; FAN, J.; WANG, Y.; CHEN, J.; FAN, J.X.; YANG, S.; HU, L.; LEUNG, H.; MEW, T.W.; TENG, P.S.; WANG, Z.; MUNDT, C.C. **Genetic diversity and disease control in rice.** Nature, London, v.406, p.718-722, 2000.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. **Statistical analysis of a yield trial.** Agronomy Journal, v. 80, p. 388-393, 1988.

APÊNDICES

Tabela 1A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF) em função das fontes de variação, Departamento de Agricultura, UFLA, Lavras, MG, Safra 2016/2017.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	4154787,11**	154,01**
Repetição	2	299804,21	3,41
Erro	24	433225,81	1,10
CV (%)		13,73	1,03
Acurácia		94,6	99,6
Média		4793,46	101,58

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 2A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF) em função das fontes de variação, EPAMIG, Lambari, MG, Safra 2016/2017.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	1762804,30**	49,15**
Repetição	2	505806,32	0,30
Erro	24	467682,34	1,61
CV (%)		25,36	1,42
Acurácia		85,7	98,3
Média		2696,47	89,61

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 3A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF) em função das fontes de variação, EPAMIG, Patos de Minas, MG, Safra 2016/2017.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	927007,8**	63,22**
Repetição	2	1403978,8	0,33
Erro	24	327765,9	0,30
CV (%)		11,40	0,65
Acurácia		80,4	99,7
Média		5020,6	85,3

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 4A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF) em função das fontes de variação, Fazenda Muquém, Lavras, MG, Safra 2017/2018.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	676448,3**	83,2**
Repetição	2	2911859,6	4,7
Erro	24	179557,4	3,8
CV (%)		22,65	1,94
Acurácia		85,7	97,7
Média		1870,6	100,4

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 5A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF) em função das fontes de variação, EPAMIG, Lambari, MG, Safra 2017/2018.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	1261850,5 ^{ns}	91,9**
Repetição	2	1434156,3	2,2
Erro	24	934848,4	5,4
CV (%)		22,3	2,6
Acurácia		50,9	97,1
Média		4336,1	87,2

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 6A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF) em função das fontes de variação, EPAMIG, Patos de Minas, MG, Safra 2017/2018.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	851659,7 ^{ns}	35,8**
Repetição	2	550108,4	3,8
Erro	24	1399845,8	2,9
CV (%)		34,5	1,9
Acurácia		80,3	95,7
Média		3431,6	87,1

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 7A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF) em função das fontes de variação, Subestação EPAMIG, Lavras, MG, Safra 2017/2018.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	2552695,4**	75,3**
Repetição	2	4842200,4	2,7
Erro	24	968181,4	1,4
CV (%)		18,3	1,4
Acurácia		78,7	99,1
Média		5370,4	84,7

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 8A - Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (PROD), número de dias para florescimento (NDF), em função das fontes de variação, UNESP, Campus Registro, SP, Safra 2017/2018.

FV	GL	Quadrado Médio	
		PROD	NDF
Genótipos	12	1722752,6**	104,7**
Repetição	2	1804823,2	1,7
Erro	24	612871,8	1,4
CV (%)		19,2	1,7
Acurácia		80,3	99,3
Média		4081,9	71,1

** : significativo a 5% e ^{ns}: não significativo.

Fonte: Do autor (2019).