

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
FACULDADE DE AGRONOMIA ELISEU MACIEL
Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de
Sementes



DISSERTAÇÃO

**APLICABILIDADE DO SOFTWARE SELEGEN PARA AVALIAÇÃO DE
DESEMPENHO PRODUTIVO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO**

CYRANO CARDOSO BUSATO

Pelotas, 2013

CYRANO CARDOSO BUSATO

**APLICABILIDADE DO SOFTWARE SELEGEN PARA AVALIAÇÃO DE
DESEMPENHO PRODUTIVO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Pelotas, sob orientação do Professor Dr. Paulo Dejalma Zimmer, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Pelotas, 2013

Dados de catalogação na fonte:

(Elaborada por Gabriela Machado Lopes CRB: 10/1842)

B111a Busato, Cyrano Cardoso

Aplicabilidade do software selegen para avaliação de desempenho produtivo, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de arroz irrigado / Cyrano Cardoso Busato; Paulo Dejalma Zimmer, orientador. – Pelotas, 2013.

69f.: il.

Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2013.

1. Análise de variância; 2. Blup (best linear unbiased predictor); 3. Seleção. I. Zimmer, Paulo Dejalma, orient. II. Título.

CDD : 633.18

**APLICABILIDADE DO SOFTWARE SELEGEN PARA AVALIAÇÃO DE
DESEMPENHO PRODUTIVO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO**

AUTOR: Cyrano Cardoso Busato, Eng^o Agr^o

ORIENTADOR: Prof. Paulo Dejalma Zimmer, Dr.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Paulo Dejalma Zimmer, Dr.
Orientador/FAEM/UFPeI

Eng^o Agr^o Geri Eduardo Meneghello, Dr.
FAEM/UFPeI

Prof. Tiago Zanatta Aumonde, Dr.
FAEM/UFPeI

Prof^a Lilian Vanussa Madruga de Tunes, Dr^a
FAEM/UFPeI

A minha mãe,
Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus por tudo.

A Universidade Federal de Pelotas, e ao programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologia de Sementes, por proporcionarem a oportunidade de um mestrado para quem está atuando profissionalmente.

A Empresa Bayer S/A, por me permitir que durante minhas atividades de trabalho pudesse dedicar parte do tempo a cursar o mestrado profissional.

A equipe de Desenvolvimento de Mercado da Bayer, divisão da Seeds, pelo apoio e amizade.

Ao Prof. Paulo Dejalma Zimmer, pela orientação, pela dedicação, compreensão, pela amizade e pela oportunidade durante a minha formação.

Ao colega Eduardo Venske pela visão de como o âmbito acadêmico pode contribuir na vida profissional do Engenheiro Agrônomo.

Aos professores envolvidos no programa de Pós-Graduação pelos ensinamentos.

Aos colegas do Mestrado, por compartilharem experiências e demonstrar os mais abrangentes aspectos da vida profissional.

A meus pais que tiveram todo o carinho, apoio e incentivo.

Aos meus familiares e amigos pela inigualável convivência.

Em especial e incondicional, a minha namorada Ana Paula Duarte pelo empenho, carinho e paciência dedicados a mim.

OBRIGADO!

RESUMO

BUSATO, Cyrano Cardoso. **Aplicabilidade do software SELEGEN para avaliação de desempenho produtivo, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de arroz irrigado**. 2013. 69f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas.

Em um programa de melhoramento de híbridos de arroz, os dados provenientes de ensaios de VCU são geralmente analisados pela Análise de Variância (ANOVA), que não permite analisar dados desbalanceados, entretanto a metodologia BLUP (Best linear unbiased predictor) pode possibilitar a análise de dados desbalanceados e indicar além das constituições genéticas de melhor desempenho, também as de desempenho mais estável. O presente trabalho objetiva avaliar a aplicabilidade da metodologia BLUP, através do Software SELEGEN REML/BLUP em um programa de híbridos de arroz. O trabalho foi conduzido na safra 2009/2010, 2010/2011 e 2011/2012 em quatro regiões distintas produtoras de arroz do Rio grande do Sul, sendo, a região SUL, Litoral NORTE, Fronteira OESTE e no município de Capão do Leão. Foram analisados os dados dos ensaios de VCU de todos os locais e dos três anos através de ANOVA e do SELEGEN e analisou-se as diferenças nas seleções de híbridos de arroz quanto ao caráter rendimento de grãos. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com três repetições, por local a cada ano e região. Os resultados mostram que o SELEGEN possibilita a seleção de híbridos de alto potencial produtivo e estabilidade de produção, além de oferecer fácil interpretação e forma de trabalhar com dados desbalanceados. A utilização de ferramentas estatísticas que possibilitem a análise de grande número de dados é de extrema importância em um programa de melhoramento de híbridos, pois auxilia o melhorista a buscar grupos genéticos de melhor capacidade de combinação de forma objetiva, focando nas constituições de elevado e estável potencial produtivo. Além disso, com o passar dos anos e ciclos de seleção, os dados gerados podem contribuir para a predição de desempenho, proporcionando redução de custos e tempo no desenvolvimento de híbridos superiores em arroz irrigado.

Palavras-chave: Análise de variância; Blup (best linear unbiased predictor); seleção.

ABSTRACT

BUSATO, Cyrano Cardoso. **Applicability of SELEGEN software for evaluation of productive performance, adaptability and stability in genotypes of irrigated rice.** 2013. 69f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas.

In a breeding program of hybrid rice data from VCU trials are usually analyzed by analysis of variance (ANOVA), which do not allow unbalanced data however the methodology BLUP (Best Linear unbiased predictor) can analyze unbalanced data and indicate beyond genetic constitutions best and more stable performance. This study aims to evaluate the applicability of the BLUP methodology through Software SELEGEN REML/BLUP in a program of hybrid rice. The study was conducted in 2009/2010, 2010/2011 and 2011/2012 seasons at four distinct producing regions of rice in Rio Grande do Sul state, in the SOUTH region, NORTH coast, WEST Border and Capão do Leão District. Data from VCU trials were analyzed including all locations and the three years through ANOVA and through SELEGEN and the differences in the selections of hybrids for grain yield was interpreted. The experimental design was randomized blocks with three replications per location each year and region. The results show that SELEGEN allows selection of hybrids with high yield potential and yield stability among years and locations, and provide an easy interpretation way to unbalanced data. The use of statistical tools that enable the analysis of large amounts of data is extremely important in a hybrid rice breeding program and helps the breeder to seek genetic groups of better combining ability objectively and with focus on the constitutions of high and stable productive potential. In addition, over the years and cycles of selection the data generated can contribute to the prediction of performance saving cost and time in developing superior rice hybrids.

Keywords: Analysis of variance; blup (best linear unbiased predictor); selection.

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1. Presença dos genótipos nos anos agrícolas e nas quatro diferentes regiões de condução dos ensaios de desempenho.....	23
Tabela 2. Ordenamento geral e categorização para cada local dos genótipos classificados em 4 classes de intervalos fixos, de acordo com o ranqueamento pelo SELEGEN na safra 2009/2010.....	26
Tabela 3. Produtividade (kgha ⁻¹) de genótipos de arroz irrigado em quatro regiões do estado do Rio Grande do Sul, na safra 2009/2010 nos locais INT, SUL, OESTE, NORTE.....	28
Tabela 4. Ordenamento geral e categorização para cada local dos genótipos classificados em 4 classes de intervalos fixos, de acordo com o ranqueamento pelo SELEGEN na safra 2010/2011.....	32
Tabela 5. Produtividade (kgha ⁻¹) de genótipos de arroz irrigado em duas regiões do estado do Rio Grande do Sul, na safra 2010/2011 nos locais INT, SUL.....	34
Tabela 6. Ordenamento geral e categorização para cada local dos genótipos classificados em 4 classes de intervalos fixos, de acordo com o ranqueamento pelo SELEGEN na safra 2011/2012.....	37
Tabela 7. Produtividade (kgha ⁻¹) de genótipos de arroz irrigado em quatro regiões do estado do Rio Grande do Sul, na safra 2011/2012 nos locais INT, SUL, OESTE, NORTE.....	39
Tabela 8. Componentes da produtividade (Kgha ⁻¹) (Saída do Programa SELEGEN) analisando conjuntamente os quatro locais nas três safras.....	42
Tabela 9. Valores médios de produtividade (Kgha ⁻¹) dos híbridos/cultivares e locais que se mantiveram constantes nas três safras de condução dos ensaios, Capão do Leão, RS, 2012.....	47

SUMARIO

	Página
BANCA EXAMINADORA	2
DEDICATÓRIA	3
AGRADECIMENTOS	4
RESUMO.....	5
ABSTRACT.....	6
LISTA DE TABELAS	7
1. INTRODUÇÃO	9
2. REVISÃO BIBLIOGRAFICA.....	11
3. MATERIAL E MÉTODOS	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	26
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	53
6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	54
ANEXO	58

1. INTRODUÇÃO

Manter a produção de arroz compatível com o aumento da população mundial, sem agravar a degradação do meio ambiente, e em um cenário climático instável, é um desafio à agricultura, que só pode ser conquistado com esforço da pesquisa, pelo desenvolvimento de novas técnicas de manejo, mais eficientes ou adequadas e, com grande destaque, através do melhoramento genético de plantas e sua adequada e específica condução.

Na cultura do arroz, tem ganhado destaque o cultivo de híbridos, cuja utilização é comum na Ásia, porém bastante recente no Brasil (GOULART, 2012). O seu cultivo se deve principalmente pelo maior potencial produtivo, em comparação com cultivares convencionais, além de outras características inerentes a cada híbrido em particular, como precocidade e tolerância a estresses abióticos (LUZZARDI et al., 2005).

Após o cruzamento teste de um híbrido pelo programa de melhoramento, este deve ser testado, não só quanto ao seu potencial produtivo, mas quanto sua estabilidade e adaptabilidade nas várias regiões de cultivo, pois somente após a comprovação da performance do material é que a empresa decide pelo lançamento ou não no mercado. Para tanto, estes materiais são cultivados em vários locais e por várias safras, juntamente com outros em teste e com cultivares ou híbridos já em utilização, para que seja possível a comparação do desempenho.

Nestes ensaios vários cuidados são tomados durante a condução, como quanto ao delineamento e casualização experimental, para que o resultado represente realmente o desempenho dos materiais, entretanto, os dados gerados ainda sim são muitas vezes difíceis de interpretar, pois sabe-se dos riscos que uma análise simples, sem tratamento estatístico, pode representar. A análise estatística convencional nem sempre é adequada, pelo fato de que alguns ensaios tornam-se extremamente desbalanceados, pela perda de parcelas que podem acontecer por inúmeros motivos, como acúmulo de água em uma parte do ensaio levando ao descarte as parcelas que não possuem estande compatível com as demais, quando ocorrem problemas na semeadura e há um efeito bordadura acentuado que acarretará em uma superestimação da produtividade, quando há uma distribuição desuniforme das sementes na parcela por causa das imprecisões do mecanismo de

distribuição das sementes, e quando há algum problema (deriva, danos por pássaros, acamamento) que podem levar ao descarte de todo o ensaio, são fatores que dificultam a análise uma vez que os dados estão incompletos e isto é bem comum devido à grande dificuldade técnica de se manter ensaios em inúmeros locais de forma simultânea.

O programa SELEGEN (Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos) é um software destinado à análise de modelos lineares mistos via REML/BLUP (*Restricted Maximum likelihood/Best linear unbiased predictor*) delineado para maximizar a eficiência global do melhoramento genético e que para isso utiliza processos estatísticos de eficiência máxima: procedimentos ótimos de estimação de variância e predição de valores genéticos, pois os modelos para índice de seleção, componentes principais genéticos e análise de agrupamento genético trabalham em nível genotípico e não fenotípico como é feito tradicionalmente.

Segundo Desmond Patterson & Robin Thompson (1971) a análise de variância e regressão têm limitações em lidar com dados desbalanceados e tratamentos com parentesco, sendo a REML uma forma de maior flexibilidade e eficiência na modelagem de dados com estas características, pois pode ser considerado uma generalização da ANOVA para situações mais complexas e de forma eficiente, uma vez que desdobra a variação fenotípica em seus vários componentes como, genético, ambiental e de interação genótipo-ambiente. Na prática representa vantagem, porque permite comparar indivíduos ou constituições genéticas através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos), podendo ser aplicados a dados desbalanceados e delineamentos não ortogonais.

Assim, o objetivo do estudo foi avaliar a aplicabilidade do Software SELEGEN para medição de desempenho produtivo, adaptabilidade e estabilidade em híbridos de arroz nas áreas de cultivo do sul do Brasil.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

O arroz (*Oryza sativa L.*) é um dos cereais mais importantes em cultivo no planeta, constituindo-se a base alimentar de mais de três bilhões de pessoas (FAO, 2013). O Brasil é o nono maior produtor mundial, com área cultivada de aproximadamente três milhões de hectares e produção anual entre 11 e 13 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2011). No Rio Grande do Sul predomina o cultivo sob irrigação por inundação e o estado destaca-se como maior produtor nacional, sendo responsável por mais de 61% do total produzido no país (REUNIÃO, 2012).

Manter a produção de arroz compatível com o aumento anual da população mundial é um desafio formidável à comunidade científica, que poderá ser superada, provavelmente pelo emprego da heterose (GOULART, 2012).

No Brasil, o arroz é o responsável por 18% das calorias e 1,2% das proteínas da dieta básica da população com uma produção anual de 11,26 bilhões de toneladas de arroz (CONAB, 2011), o país detém área de 2,7 milhões de hectares e a produção desse cereal no país é originária, principalmente, das lavouras irrigadas do Rio Grande do Sul e Santa Catarina (CONAB 2011).

O Rio Grande do Sul é o Estado com a maior produção de arroz do Brasil, com 61,5% da produção nacional, com uma área cultivada de arroz na safra de 2010/11, próxima de 1,1 milhões de hectares (IRGA, 2012). Os rendimentos médios foram superiores a 7 toneladas por hectare, na safra 2011/2012. Em algumas situações, os potenciais genéticos das cultivares de arroz e as práticas de manejos contribuíram para os orizicultores extrapolar estas médias alcançando resultados superiores a 10 toneladas por hectares.

Na última década, foram obtidas inúmeras transformações nos sistemas de cultivo de arroz. As principais foram a introdução da tecnologia para o controle do arroz vermelho e as novas variedades de arroz com alto potencial de rendimento. Dentre as novas variedades, destacam-se os híbridos, pois apresentam os maiores tetos produtivos (GOULART, 2012).

Outra adequação importante foi a redução da densidade de semeadura do arroz irrigado que varia em função da cultivar utilizada, dos tipos de solos, da qualidade fisiológica das sementes e da época de semeadura. As cultivares

modernas apresentam alta capacidade de afilamento, requerendo menores quantidades de sementes por área.

O aumento do rendimento da cultura de arroz irrigado está sendo alcançado de diversas formas. Em destaque as práticas de manejo adequadas, e fácil utilização e de baixo custo para a lavoura (RIEFFEL NETO et al., 2000), porém vêm se dando um grande destaque ao melhoramento genético e a heterose das cultivares híbridas (GOULART, 2012).

Uma das alternativas de melhoria da rentabilidade do cultivo de arroz é o investimento na formação de uma lavoura de qualidade. Um dos insumos que mais influenciam nesta característica é a semente de alta qualidade, que se expressa por atributos como pureza física, qualidade fisiológica, sanitária e genética, sendo a semente é um meio de levar ao produtor todo o potencial de uma cultivar, e sem dúvida, é isto que a agricultura moderna requer (PESKE et al., 2004).

O arroz híbrido é cultivado na China desde 1976 (YUAN et al., 1994), seu cultivo no Brasil iniciou-se em 2003, utilizando cultivares desenvolvidas pela empresa Rice Tec. Nesse mesmo ano de lançamento do primeiro híbrido comercial no Brasil, se deu início as pesquisas em híbridos no IRGA em colaboração com a Fazenda Ana Paula e o instituto de Pesquisa de Arroz de Hunan, da China. A pesquisa para desenvolvimento de híbridos na EMBRAPA iniciando em 1984 (COUTINHO, 2011) e a última a ingressar nesse cenário comercial de híbridos no Brasil, foi a Bayer S/A, na década de 90, que trabalhava com cultivares e migrou em meados de 2002, suas pesquisas em híbridos de arroz, lançando o primeiro híbrido comercial em 2005, no ano de 2011 fez a compra do projeto de híbridos do IRGA em colaboração com a Fazenda Ana Paula. Contudo, a tecnologia de híbridos em arroz ainda é nova para o Brasil, porém poderá ter grande impacto diante do alto nível tecnológico empregado por alguns produtores em nosso estado.

Esse vigor associado à heterose positiva que os híbridos comerciais possuem é explorada e reconhecida como a técnicas da genética mais importante na agricultura. Esse fenômeno contribui não somente para a segurança alimentar, mas também beneficia diretamente o ambiente. A China foi o primeiro país a produzir e usar híbridos comercialmente, em 1976 lançou seu primeiro híbrido comercial e atualmente é cultivado em 17 milhões de hectares (60% da área total), produzindo 103,5 milhões de toneladas anualmente de arroz (rendimento médio de 6.900 kg/ha¹), porém outros países também passaram a utilizar, em escala

comercial, a tecnologia dos híbridos. Além dos EUA, em 2007 foi registrado seu cultivo em Bangladesh (300 mil ha), Índia (1,1 milhões de ha), Indonésia (130 mil ha), Filipinas (341 mil ha) e Vietnã (650 mil ha) (XIE, 2008), já no Brasil os híbridos já chegaram a ocupar 3,16% da área arrozeira do Rio Grande do Sul ou cerca de 34 mil ha. (IRGA, 2010).

No Brasil os seus benefícios são reconhecidos, mas o alto investimento inicial dificulta o aumento da área cultivada. As empresas que detêm a tecnologia para a produção dos híbridos de arroz enfrentam dificuldade

s no processo produtivo quando realizado em escala maior, o que impacta no preço da semente. Além disso, a pesquisa de produção de sementes híbridas no Brasil deve avançar em direção aos esclarecimentos básicos como, por exemplo: época de semeadura, época de adubação nitrogenada, principalmente, utilização eficiente de hormônios de crescimento com intuito de melhorar a sincronização na floração e maximizar a taxa de polinização cruzada das linhas parentais, aumentar o rendimento de grãos por panículas da linha A (linha macho-estéril) e aumentar a relação entre A:B (linha mantenedora da macho-esterelidade) e A:R (linha restauradora da fertilidade), coincidência floral entre as linhas que são razão entre ciclo e escalonamento de plantio destas linhas (GOULART, 2012).

Em relação aos aspectos econômicos as empresas de sementes terão lucro se os orizicultores tiverem sucesso, e estes terão a chance de optar utilizando variedades ou híbridos semeando o que lhes proporcione melhor relação custo benefício com o menor risco (SCHERER, 2005). O presente trabalho explora a possibilidade de gerar novos híbridos com maior platô de rendimento através da adaptabilidade específica dos híbridos para cada uma das regiões produtoras de arroz do Rio Grande do Sul em função das grandes diferenças edafoclimáticas entre as regiões produtoras.

Os ambientes onde se cultiva arroz irrigado no Rio Grande do Sul são bastante distintos entre si, sendo que pode-se estabelecer 5 ambientes maiores: Zona sul, Campanha, Fronteira oeste, Depressão central e Litoral norte. Cada uma destas regiões tem clima e condições edafoclimáticas diferentes, o que influencia nos níveis de adubação, época de semeadura, escolha de variedades, susceptibilidade a doenças, toxidez por ferro entre outros. Porém, a interação deste conjunto de fatores intrínsecos a região de cultivo culmina em peculiaridades e especificidades que determinarão a escolha do material genético pelo produtor.

Além dos fatores citados acima, deve-se salientar que atualmente há um fator de peso maior, determinando a escolha de variedades na lavoura orizícola do Rio Grande do Sul, que seria o nível de infestação de arroz vermelho que as áreas possuem. Conseqüentemente, em regiões que possuem alto nível de infestação por arroz vermelho, está se optando pelo uso de variedades com genes de tolerância á herbicidas do grupo das Imidazolinonas, um grupo químico de herbicidas que contém moléculas capazes de controlar o arroz vermelho.

A definição das épocas mais apropriadas de semeadura, nas regiões climaticamente aptas, pode contribuir para reduzir riscos nessa cultura, principalmente devido aos efeitos das baixas temperaturas (abaixo de 15º) ocasionadas pela entrada de frentes frias no Rio Grande do Sul. Em termos práticos, isso requer a semeadura de ensaios de VCU em época apropriada tanto para genótipos de ciclo médio (130-145 dias) e de ciclo curto (110-125 dias). Para cada região de cultivo isso poderá variar em função do zoneamento agrícola, mas em termos gerais as semeaduras que atendem à época ideal para variedades de ciclo precoce e de ciclo médio são entre 10 e 25 de Outubro, começando com as primeiras semeaduras ao sul e terminando no Litoral norte, devido ao baixo risco de frio na época de floração.

A acurada predição de valores genéticos é fundamental no melhoramento genético de qualquer espécie vegetal. Entretanto, métodos diferenciados de predição são demandados em função das diferentes situações experimentais e do balanceamento associados aos dados experimentais.

Tratando os valores genéticos como variáveis aleatórias, a predição pode ser efetuada pelo menos em três situações distintas: (a) iguais quantidades e precisões das informações associadas a todos os candidatos à seleção, primeiro momento (médias) e segundo momento (variâncias) conhecidos ou estimados com precisão; (b) diferentes quantidades e precisão das informações associadas aos candidatos à seleção, primeiro momento e segundo momento conhecidos ou estimados com precisão; (c) diferentes quantidades e precisões das informações associadas aos candidatos à seleção, segundo momento conhecidos ou estimados com precisão, primeiro momento não conhecidos ou não estimados com precisão pelo método dos quadrados mínimos ordinários (RESENDE, 2005).

A situação (a), cujos preditores são "melhores preditores" (BP), ocorre com frequência no melhoramento florestal, os seus fundamentos teóricos já são

amplamente difundidos e, já existe instrumental prático (software RESENDE et al.1996). Os algoritmos implementados por RESENDE et al. (1996), denominados BLP, são similares ao procedimento denominado quadrados mínimos "regredidos" (RLS) relatados no melhoramento animal por Henderson (1948); Lindley e Smith (1972); Henderson (1978) e Harvey (1979). A situação (c) exige preditores BLUP (melhores preditores lineares não viciados) os quais têm sido provados serem superiores aos procedimentos RLS (HENDERSON, 1978; HARVEY, 1979).

Os programas de melhoramento enfrentam continuamente os problemas da interação genótipo por ambiente, sendo este um complicador para os melhoristas na identificação de linhagens geneticamente superiores. Dentre as alternativas utilizadas está a de avaliar as linhagens em uma rede de experimentos em vários ambientes representativos, entretanto, só esta estratégia não é suficiente, uma vez que se avalia os valores fenotípicos e não genotípicos. Para contornar esse problema, tem-se recomendado o uso de modelos mistos, também denominado método REML/BLUP (MRODE, 2006). REML indica Restricted Maximum Likelihood (Máxima Verossimilhança Restrita ou Residual), que estima componentes de variância necessários nesse modelo e BLUP indica Best Linear Unbiased Prediction (melhor preditor linear não viesado). Nessa técnica, os valores genotípicos, considerados como de efeitos aleatórios, são preditos por meio de BLUP e os efeitos de blocos, local e ano que, em modelos mistos, podem ser considerados como fixos ou aleatórios, são estimados por meio de BLUE (Best Linear Unbiased Estimator ou melhor estimador linear não viesado) quando considerados de efeitos fixos.

Segundo Piepho e Möhring (2005), no meio misto, os erros são minimizados enquanto que os ganhos esperados com a seleção são máximos. Dessa forma, utilizar métodos acurados como REML/BLUP devem ser preferidos, pois o que se obtém são os valores genotípicos preditos livres de todos os efeitos ambientais identificáveis. Smith et al. (2005) ressaltam que se o alvo da análise é seleção, ou seja, identificar os melhores genótipos dentre todos os considerados, então, a classificação (ranqueamento) desses genótipos é exigida para ser tão próxima quanto possível da classificação dos efeitos verdadeiros das linhagens, ou seja, de ser o mais próximo possível do valor genotípico, que é o valor verdadeiro, sendo este obtido pelos métodos mistos.

Segundo Lemma (2003), BLUP pode ser utilizado para prever a performance de híbridos não realizados com base na matriz de parentesco obtida

através de marcadores moleculares, mostrou a existência de moderada correlação entre os valores dos BLUP's da produção de grãos e os valores preditos a partir dos híbridos observados, indicando que a metodologia tem a capacidade de prever valores não observados, porém com alguma imprecisão, dadas as correlações moderadas.

Para a aplicação do BLUP são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância. O método ótimo de estimação de componentes de variância, com dados desbalanceados ou não, é o REML desenvolvido por Patterson & Thompson (1971) e Thompson (1973, 1977, 1980).

O procedimento REML/BLUP passou a ser usado rotineiramente no melhoramento animal no exterior a partir da década de 1980. Isto se deveu ao desenvolvimento de softwares específicos que permitem tratar adequadamente a matriz de parentesco genético aditivo entre os indivíduos em avaliação. Algoritmos para escrever diretamente essa matriz de parentesco genético aditivo foram apresentados por Henderson (1976) nos EUA e Thompson (1977) na Inglaterra.

Os primeiros softwares desenvolvidos foram o REML na Inglaterra (ROBINSON e THOMPSON, 1982), o DFREML na Inglaterra e Austrália (MEYER, 1988). Posteriormente (GILMOUR et al., 1998) foi desenvolvido o software ASREML, que emprega o algoritmo AI desenvolvido por Johnson e Thompson (1995) e Gilmour et al. (1995).

O software SELEGEN-Reml/Blup foi desenvolvido para atender a rotina dos programas de melhoramento genético vegetal e contempla as seguintes categorias de plantas: alógamas, autógamas, de sistema reprodutivo misto e de propagação clonal. Considera vários delineamentos experimentais, vários delineamentos de cruzamento, interação genótipo x ambiente e experimentos repetidos em vários locais, medidas repetidas, progênies pertencentes a várias populações dentre outros fatores. O software SELEGEN-REML/BLUP é de fácil uso e interpretação, permitindo lidar de forma eficiente com a maioria das situações corriqueiras no melhoramento vegetal, sendo gratuito para uso em Universidades e Institutos Públicos de Pesquisa no Brasil e no exterior. Alguns softwares de excelência são pagos anualmente inclusive para uso em Universidades e Institutos Públicos de Pesquisa. Isto significa que, cada vez que um estudante ou pesquisador roda uma análise nesses softwares, ele está, de fato, pagando para que seja feita a análise.

Até o momento, o SELEGEN-REML/BLUP tem sido aplicado ao melhoramento de plantas perenes e anuais nos países Brasil, África do Sul, Argentina, China, Chile, Costa Rica, Índia, Peru e Tunísia. Na iniciativa privada tem sido usado no melhoramento de eucalipto, pinus, acácia-negra, teca, milho, soja, seringueira, cana-de-açúcar. Em instituições públicas tem sido usado nessas mesmas espécies e também em feijão, arroz, caju, acerola, cupuaçu, cacau, café, guaraná, dendê, pupunha, palmeira real, laranja, brachiaria, panicum, estilosantes, leucena, erva-mate, pequi, batata, mandioca, açaí, manga, maracujá, camu-camu, buriti, dentre outras (RESENDE, 2006).

Em termos de projetos de pesquisa e programas de melhoramento relevantes desenvolvidos no exterior com o uso do programa SELEGEN, destacam-se: Melhoramento de Teca, Gmelina, Acácia mangium e espécies nativas na Costa Rica.

As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: a) permite comparar indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); b) permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; c) permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); d) pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a imprecisas estimativas de componentes de variância e conseqüentemente a inaccuradas predições de valores genéticos.

Os ambientes, onde se cultiva arroz de terras altas, são os mais variados possíveis, devido principalmente aos diferentes tipos de solo, clima e, sobretudo à distribuição irregular de chuvas, que frequentemente causam perdas parciais ou totais de lavouras. Assim, os programas de melhoramento arroz de terras altas procuram identificar e selecionar linhagens que apresentam o máximo de estabilidade e adaptabilidade, associados a altos potenciais de produtividade de grãos. Até hoje, os melhoristas que rotineiramente realizam estudos de estabilidade e adaptabilidade de cultivares e linhagens avançadas de suas redes de ensaio, utilizam métodos baseados em dados fenotípicos e não genotípicos, como por exemplo: Lin e Binns (1998) e Annicchiarico (1992), cujos resultados não são interpretados diretamente como valores genotípicos do caráter. Do exposto, hoje, tem-se apregoado o uso da metodologia de modelos mistos (método REML –

Restricted Maximum Likelihood/BLUP – Best Linear Unbiased Prediction), de interpretação mais simples, cujos resultados obtidos são os valores genotípicos. Para estudos de estabilidade e adaptabilidade, empregando dados genotípicos que incorporam em uma única estatística a estabilidade, a adaptabilidade e a produtividade de grãos, simultaneamente, Resende (2004, 2007) desenvolveu o método MHPRVG – BLUP. Nesse método, a média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) estima a estabilidade e a produtividade de grãos de forma direta, simultaneamente. Assim, a seleção pelos valores da MHVG implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade. Já, a adaptabilidade é estimada pela performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), através dos ambientes. Valores de PRVG indicam seleção conjunta para produtividade e adaptabilidade.

A MHPRVG, por sua vez, estima simultaneamente a adaptabilidade, a estabilidade e a produtividade, onde os genotípicos são ordenados com base em seus valores genotípicos. Esse método, além de selecionar os materiais simultaneamente para os três atributos mencionados, tem outras vantagens como: (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; (ii) permite lidar com desbalanceamento; (iii) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (iv) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (v) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (vi) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; (vii) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; (viii) permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (ix) não depende da estimação de outros parâmetros, tais como coeficientes de regressão; (x) elimina os ruídos da interação genótipos x ambientes, pois considera a herdabilidade desses efeitos; (xi) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado, e (xii) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (RESENDE, 2004; 2007; CARBONNEL et al.; 2007).

Em estudo para avaliação do ganho genético do programa de melhoramento de arroz de terras baixas, Borges et al 2009 salienta que atualmente o método mais eficiente para a análise de dados, tanto balanceados como não balanceados, é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada) (RESENDE, 2007a, 2004, 2002). Nesse método, efeitos de tratamentos são

considerados como de tratamentos aleatórios, e os demais efeitos principais como de efeitos fixos. A técnica REML/BLUP envolve, simultaneamente, a predição dos valores genéticos e estimação de componentes de variância, sendo o procedimento ótimo de estimação/predição para estimação de componentes de variância/predição de valores genéticos.

O uso da técnica REML/BLUP já é consagrado no melhoramento animal (MRODE, 2006; VAN VLECK et al., 1987) em plantas perenes (RESENDE, 2007a, 2002). Em plantas anuais ou semianuais seu uso ainda é restrito. No Brasil, foi utilizado em feijão (CARBONELET al., 2007), cana de açúcar (BASTOS et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2005), batata doce (BORGES et al., 2010). Em arroz, Xu et al. (2000) utilizou BLUP na predição da performance de híbridos. No Brasil, há poucos registros de sua utilização em arroz.

Segundo Resende e Duarte (2007), os ensaios de avaliação de cultivares devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico, e não apenas sob a perspectiva estatística. Dessa forma tem sido mais recomendado por esses autores o uso da acurácia seletiva, que considera as proporções entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação, além da magnitude da variação residual.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização deste trabalho foram utilizados híbridos provenientes da empresa Bayer S/A. Os ensaios foram conduzidos em clientes desta empresa em quatro regiões distintas produtoras de arroz do Rio grande do Sul, sendo, a região SUL, onde os experimentos foram instalados no município de Santa Vitória do Palmar, Litoral NORTE com experimentos instalados em Palmares do Sul, Fronteira OESTE representada pelo município de Uruguaiana e no município de Capão do Leão, por ser considerada uma área intermediária em termos de fertilidade do solo, disponibilidade de radiação solar e temperatura entre os ambientes utilizados no estudo, doravante será tratado pela sigla “INT”.

Vale ressaltar que a diversidade nos tipos de solos que foram instalados os ensaios eram grandes, devido serem alocados em distintas regiões orizícolas. Podem ser previamente descritos como os solos cultivados com arroz irrigado na região Subtropical do Rio Grande do Sul (RS), esses solos são encontrados, principalmente, nos ecossistemas de várzeas (solos de várzeas) na região SUL e INT predominam os solos do tipo Planossolo, no ambiente Oeste predominam os Chernossolos e no ambiente Norte os Organossolos.

Além dos diferentes tipos de solo, os ambientes utilizados no estudo diferem quanto ao clima, sendo duas variáveis muito importantes para a produtividade das plantas, sendo a temperatura e a radiação solar. Quanto a temperatura, as áreas de menor risco compreendem as regiões do litoral norte (NORTE) e grandes lagoas, excetuando-se as áreas mais ao sul, onde situa-se o município de Santa Vitória do Palmar (Ambiente SUL), e a fronteira Oeste (ambiente OESTE) sendo o município de destaque Uruguaiana.

O ambiente INT fica em uma região intermediária para o risco de ocorrência de frio entre as regiões citadas anteriormente. Quanto a disponibilidade de radiação solar, entre os quatro ambientes do estudo, os níveis mais altos são observados na zona SUL e na Fronteira OESTE e essa é uma das razões pelas quais os rendimentos na fronteira oeste são, em média superiores aos obtidos nas demais regiões do estado, e quando não há ocorrência de frio altos rendimentos também são obtidos no Ambiente SUL. As demais regiões do

presente estudo (NORTE e INT) apresentam níveis menores de disponibilidade de radiação.

A área total utilizada de parcela foi de 8,33m², com cada parcela medindo 1,17m x 7m. O delineamento do experimental utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições.

O sistema de cultivo utilizado nos ensaios foi de acordo com o manejo dos produtores, de modo a representar características intrínsecas de cada região. Foi efetuada dessecação prévia da vegetação antes da semeadura com o herbicida glifosato (1440g/ha⁻¹) antes da emergência do arroz, em “ponto de agulha”, para minimizar a influência de plantas daninhas no desempenho dos híbridos.

A adubação de base foi realizada na linha, no momento da semeadura. A, quantidades de adubo variaram em torno de 400 kg/ha⁻¹ da formula NPK 5-20-30 e duas doses da adubação de cobertura da formula NPK 46-00-00, num total de 220kg/ha⁻¹ de ureia, aplicadas em duas etapas, 70% na entrada da água e os outros 30% restantes na diferenciação do primórdio floral.

A semeadura ocorreu, em todas as regiões, entre 15 de Outubro a 15 de Novembro (período recomendados para o cultivo de arroz no Rio Grande do Sul) em todos os anos. Para a distribuição das sementes foi utilizada semeadora experimental da marca SEMINA II, que garante a distribuição correta das sementes e adubo. Os híbridos de arroz foram submetidos a diferentes avaliações que definiram seus componentes. Tais quais foram analisados o rendimento de grãos.

Para definir o ponto de colheita foi analisada a umidade dos grãos. Quando se alcançou a umidade ideal (entre 18 a 25% de umidade), aferida por determinador de umidade de campo, marca H - 10, a colheita foi realizada de forma mecanizada com colhedora de parcelas da Marca Wintersteiger, modelo Classic 800 que possui sistema de pesagem e determinação de umidade que foram aferidos previamente à colheita. Para cada parcela foi retirada uma amostra de aproximadamente 800 gramas para análise de grãos, posteriormente enviada para análise de Grãos para a realização das análises qualitativas.

Os dados foram computados e corrigiu-se pelo cálculo de parcela perdida (Média das médias do tratamento e média da repetição) as parcelas que em uma das repetições apresentaram desvio maior do que 10% em relação as outras que apresentavam resultado semelhante. Após os dados foram submetidos à análise de

variância com o auxílio do software SASM-Agri e com o software SELEGEN-Embrapa Versão Janeiro de 2008 (RESENDE, 2007a) adotando-se o modelo estatístico 54 – delineamento em blocos completos em vários locais de observação por parcela/método MHPRVG para as análises a cada ano e quando foram analisados os três anos conjuntamente utilizou-se o modelo 114 – Estabilidade, Adaptabilidade e Produtividade: várias plantas por parcela, vários anos e locais – Método MHPRVG, média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos.

Em cada ano agrícola foram avaliados híbridos e cultivares testemunhas, sendo que em todos os anos procedeu-se a seleção de híbridos promissores e descarte de híbridos de pior desempenho, mantendo-se os promissores para nova etapa de teste e possível futuro posicionamento em mercado. Eventualmente foram substituídas as variedades testemunhas, sempre permanecendo as que possuem participação representativa na lavoura arrozeira do Rio Grande do Sul.

Na Tabela 1 são apresentados os Genótipos testados a cada ano nas diferentes regiões, considerando que alguns híbridos não são produzidos nos anos seguintes. Em função do desempenho em cada ano alguns genótipos são descontinuados, ou seja, deixam de entrar nos ensaios do ano seguinte, por apresentar desempenho similar ou inferior aos demais híbridos e testemunhas avaliadas. Isso faz com que ao longo dos anos tenha-se um grande desbalanço nos dados, dificultando a tomada de decisão por parte do melhorista.

Tabela 1. Presença dos genótipos nos anos agrícolas e nas quatro diferentes regiões de condução dos ensaios de desempenho.

N	Genótipo	2009/2010	2010/2011	2011/2012
1	55H07002	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
2	55H07004	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
3	55H08003	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
4	55H08005	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
5	55H08008	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, X, NORTE
6	55H08009	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, X, NORTE
7	55H08012	X, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
8	55H08013	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
9	55H08014	X, SUL, OESTE, X	X, X, X, X	X, X, X, X
10	55H08015	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
11	55H08016	X, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
12	55H08017	X, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
13	55H09001	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, X, X
14	55H09002	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, X, NORTE
15	55H09003	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, X, X
16	55H09005	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
17	55H09007	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
18	55H09008	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, X, NORTE
19	55H09009	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
20	55H09011	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
21	55H09013	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
22	55H09014	X, SUL, OESTE, X	X, X, X, X	X, X, X, X
23	55H09015	X, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
24	55H09016	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
25	55H09017	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
26	55H09018	X, SUL, OESTE, X	INT, SUL, X, X	X, X, X,
27	55H09019	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
28	55H09020	INT, SUL, OESTE, X	X, X, X, X	X, X, X, X
29	55H09021	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
30	55H09022	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
31	55H09023	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
32	55H09024	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, X, NORTE
33	55H09025	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
34	55H09026	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
35	55H09027	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
36	55H09028	INT, SUL, OESTE, X	X, X, X, X	X, X, X, X
37	55H09029	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
38	55H09030	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
39	55H09031	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
40	55H09032	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
41	55H09033	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE

(continuação)

42	55H09034	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
43	55H09035	INT, X, X, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
44	55H10002	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
45	55H10004	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
46	55H10006	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
47	55H11001	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
48	55H11002	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
49	55H11003	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
50	55H11004	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
51	55H11005	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
52	55H11006	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
53	55H11007	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
54	55H11008	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
55	55H11009	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, X
56	55H11010	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
57	55H11011	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
58	55H11012	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
59	55H11013	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, X, X, X
60	55H11014	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
61	55H11015	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
62	55H11016	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
63	55H11017	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
64	55H11018	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
65	55H11019	X, X, X, X	X, X, X, X	X, SUL, X, NORTE
66	55H11020	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, X
68	55H11022	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
69	55H11023	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
70	55H11024	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, X, NORTE
71	ARIZE QM 1010	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
72	ARIZE QM 1010 CL	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
73	ARIZE QM1003	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
74	ARIZE QM1003 USA	INT, SUL, OESTE, NORTE	X, X, X, X	X, X, X, X
75	AVAXI CL	INT, SUL, OESTE, X	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
76	BHX 0074	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
77	BRS CIRAD	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
78	EL PASSO	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
79	H14	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
80	H15	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
81	H17	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
82	H18	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
83	H28	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
84	H33	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
85	H41	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
86	H45	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X

(continuação)

87	H50	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, X, X, X
88	H7	X, X, X, X	INT, SUL, X, X	X, SUL, X, NORTE
89	INOV CL	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
90	IRGA 417	INT, SUL, OESTE, X	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
91	IRGA 424	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
92	Prime CL	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
93	PUITÁ INTA CL	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, X, X, X
94	SINUELO CL	X, X, X, X	X, X, X, X	INT, SUL, OESTE, NORTE
95	TAIM	INT, SUL, OESTE, NORTE	INT, SUL, X, X	X, X, X, X

Legenda: INT: Capão do Leão – RS; SUL: Santa Vitória do Palmar – RS; OESTE: Fronteira oeste do RS; NORTE: Costa Norte do RS; X: ausência de genótipo em um local

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 está apresentado o resultado da análise do desempenho dos genótipos pela MHPRVG – SELEGEN para os quatro locais no ano 2009/2010, dos 50 genótipos analisados, os classificados no quarto superior do ordenamento geral foram: ARIZE QM 1010, ARIZE QM 1003 USA, 55H09026, 55H09033, 55H09002, 55H09003, INOV CL, 55H08008, ARIZE QM 1003, 55H09032, IRGA 424, 55H09024, AVAXI CL.

Analisando a Tabela 2 verifica-se que até a posição 3 do ordenamento geral, todos os genótipos ficaram na categoria 1 em todos os locais que foram testados e até a posição 9 do ranqueamento geral, ficaram na categoria 1 em, pelo menos 3 locais e categoria 2 no outro local demonstrando a importância da estabilidade no desempenho entre diferentes locais. Após a posição 22 do ordenamento geral para este ano, nenhum genótipo da categoria 1 pode ser observado, o que também evidencia o peso da média para ranquear os genótipos, fato este que pode ser também observado entre os genótipos IRGA 424 (posição 11), 55H09024 (posição 12) e AVAXI (posição 13), que possuem categorias diferentes e inferiores, porém ordenam-se de maneira oposta, devido ao valor das médias.

Tabela 2. Ordenamento geral e categorização para cada local dos genótipos classificados em 4 classes de intervalos fixos, de acordo com o ranqueamento pelo SELEGEN na safra 2009/2010.

Genótipo	Ordenamento Geral	Quarto				
		Todos locais	INT	SUL	OESTE	NORTE
ARIZE QM 1010	1	1	1	1	1	1
ARIZE QM1003USA	2	1	1	1	1	1
55H09026	3	1	1	1	1	1
55H09033	4	1	1	1	2	1
55H09002	5	1	1	1	2	1
55H09003	6	1	1	1	1	1
INOV CL	7	1	1	2	1	1
55H08008	8	1	1	1	1	1

(continuação)

ARIZE QM1003	9	1	1	1	1	2
IRGA 424	11	1	1	1	2	2
55H09024	12	1	2	1	1	1
AVAXI CL	13	1	2	3	1	-
55H08009	14	2	2	1	1	1
55H09001	15	2	1	1	2	3
55H09031	16	2	2	2	2	3
55H08014	17	2	-	2	2	-
55H09008	18	2	2	2	1	3
55H09014	19	2	-	3	1	-
55H09028	20	2	2	2	2	-
55H09015	21	2	-	2	2	3
55H09005	22	2	2	1	3	2
TAIM	23	2	2	3	2	2
55H08017	24	2	-	2	2	3
55H07002	25	2	3	2	2	2
55H08013	26	2	2	2	3	3
55H08012	27	3	-	2	3	2
55H09029	28	3	3	3	2	2
55H09022	29	3	3	2	3	2
55H08016	30	3	-	3	3	2
55H09009	31	3	3	3	4	2
55H09020	32	3	3	3	3	-
55H09013	33	3	3	3	2	3
55H09011	34	34	3	2	3	3
55H09025	35	3	2	3	4	2
EL PASO 144	36	3	3	4	3	3
55H09027	37	3	3	4	3	3
55H09023	38	3	3	3	4	4
55H09030	39	3	3	3	4	3
55H09019	40	4	4	4	3	4
55H09007	41	4	4	3	4	4

(continuação)

55H09016	42	4	4	3	4	4
55H07004	43	4	4	4	4	4
55H09034	44	4	4	4	4	4
55H09018	45	4	-	4	4	-
IRGA 417	46	4	4	4	4	-
55H08015	47	4	4	4	4	4
55H09035	48	4	4	-	-	4
55H09021	49	4	4	4	4	4
55H09017	50	4	4	4	4	4

Fonte: dados de pesquisa.

Os resultados da análise estatística tradicional para os quatro locais no ano de 2009/2010 estão demonstrados na Tabela 3. A análise gerou diferente número de classes para cada local. Em Capão do Leão, geraram-se 4 classes (a, b, c, d), no Sul e Norte geraram-se 3 e no Oeste somente duas classes de médias (Tabela 3).

Tabela 3. Produtividade (kg ha^{-1}) de genótipos de arroz irrigado em quatro regiões do estado do Rio Grande do Sul, na safra 2009/2010 nos locais INT, SUL, OESTE, NORTE.

GENÓTIPO	INT	SUL	OESTE	NORTE
55H07002	10.441d*	10.667a	12.670a	7.561b
55H07004	9.499d	10.332b	11.385b	5.711c
55H08008	11.621c	11.754a	13.578a	7.653b
55H08009	10.718d	11.185a	13.074a	7.931b
55H08012	-	11.550a	10.980b	7.693b
55H08013	10.836d	11.181a	12.135a	7.126b
55H08014	-	10.753a	12.804a	-
55H08016	-	10.402b	11.267b	7.675b
55H08017	-	11.229a	12.179a	6.881b
55H09001	12.134c	11.390a	12.673a	6.426c
55H09002	11.843c	12.270a	12.263a	8.537a
55H09003	12.341c	10.952a	13.573a	7.870b
55H09005	11.017d	11.541a	11.749b	7.233b

(continuação)

55H09007	9.998d	10.444b	10.171b	6.763b
55H09008	11.521c	10.496b	13.141a	6.916b
55H09009	11.042d	10.777a	10.716b	7.583b
55H09011	10.414d	11.046a	11.269b	7.202b
55H09013	9.896d	10.763a	12.463a	6.914b
55H09014	-	10.268b	13.204a	-
55H09015	-	10.871a	12.684a	7.137b
55H09016	9.403d	10.861a	10.863b	6.100c
55H09017	9.712d	7.008c	8.236b	5.925c
55H09018	-	8.536c	11.177b	-
55H09019	9.373d	9.945b	12.624a	5.594c
55H09020	10.409d	10.470b	12.232a	-
55H09021	8.729d	9.256b	10.066b	5.127c
55H09022	10.089d	11.2951a	11.994a	7.474b
55H09023	10.778d	10.091b	10.950b	6.568c
55H09024	11.478c	11.515a	12.921a	7.723b
55H09025	11.358c	10.006b	9.933b	8.459a
55H09026	12.579c	11.339a	14.117a	7.848b
55H09027	10.297d	9.303b	12.178a	7.181b
55H09028	11.099d	10.889a	12.625a	-
55H09029	10.739d	10.200b	12.928a	7.316b
55H09030	10.128d	10.577a	10.386b	6.905b
55H09031	11.547c	11.217a	12.642a	6.883b
55H09032	11.418c	10.083b	13.672a	8.682a
55H09033	12.470c	11.797a	12.263a	8.566a
55H09034	9.882d	10.458b	10.340b	5.650c
55H09035	9.748d	-	-	4.679c
ARIZE QM 1010	14.908a	11.563a	15.833a	9.181a
ARIZE QM1003	12.600c	11.479a	13.872a	6.551c
ARIZE QM1003 USA	13.294b	11.668a	13.911a	7.602b
AVAXI CL	11.829c	10.157b	13.573a	-
EL PASO 144	10.558d	9.621b	12.395a	6.848b

(continuação)

INOV CL	12.587c	10.675a	12.562a	8.806a
IRGA 417	8.767d	9.598b	11.079b	-
IRGA 424	11.819c	12.707a	12.134a	7.078b
TAIM	10.764d	10.059b	13.061a	7.632b
C.V. (%)	8,46	9,3	8,62	11,43

* Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott a 5% de erro.

Cruzando a classificação pela MHPRVG – SELEGEN, que prima fornecer somente os valores genotípicos, com a ANOVA e teste de médias, que apresenta as médias fenotípicas, isto é, o desempenho dos genótipos não só em função dos valores genotípicos, como da interação destes com o ambiente, e, evidenciada a correspondência entre os métodos, é possível sugerir que os genótipos classificados até a posição 14 pela MHPRVG poderiam ser considerados como promissores para lançamento no mercado, evidentemente se o programa levasse em consideração os resultados de somente esta safra (2009/2010). Saliencia-se que os genótipos das posições 7, 9 e 13 são híbridos já lançados e o 11º genótipo é atualmente a cultivar de arroz irrigado que tem proporcionado altas produtividades nas lavouras do Rio Grande do Sul.

A observação conjunta das Tabelas 2 e 3 permite o comparativo entre os métodos de análise de desempenho dos genótipos, nos quatro locais no ano 2009/2010. Os genótipos classificados no primeiro quarto do ordenamento geral se enquadraram em diferentes classes pela ANOVA e teste de médias em cada local. Na ANOVA feita em Capão do Leão, dos 13 genótipos, o primeiro do ordenamento geral ficou na classe “a”, o segundo na “b” e os outros 11 na classe “c”. Para Sul, somente o 10º e 13º genótipos do ordenamento SELEGEN ficaram na classe “b”, ficando todos os demais na classe “a”. Na região Oeste todos os genótipos do quarto superior pelo ordenamento geral ficaram na classe de médias “a”. Por fim, no NORTE os treze genótipos se distribuíram nas três classes geradas.

A distribuição em classes dos genótipos do quarto superior, pelo ordenamento geral feito pelo SELEGEN percebe-se que houve uma correspondência nos resultados entre ambos os métodos de análise, ao passo que foi possível destacar a distinção do desempenho dos materiais superiores (Arize QM

1010 e Arize QM 1003 USA), pois não só estiveram nas classes de médias superiores, como se posicionaram nelas isoladamente. Já para o local SUL, a correspondência foi menor, pois não somente os genótipos do quarto superior do ordenamento SELEGEN ocuparam a classe de médias “a”, mas de outros quartos do ordenamento. Além disso, genótipos superiores pelo SELEGEN foram classificados com média abaixo de genótipos intermediários no ordenamento SELEGEN. No local OESTE a correspondência entre os métodos foi verificada, pelos genótipos superiores do SELEGEN terem se posicionado na classe “a”, porém novamente não diferiram estatisticamente de outros genótipos inferiores pelo SELEGEN. Por fim, na região Norte se evidenciou a menor correspondência entre os métodos, ao passo que os genótipos superiores ficaram distribuídos em todas as classes de médias, isto é, não diferindo de uma série de outros genótipos inferiores quando ranqueados pelo SELEGEN.

O SELEGEN analisou conjuntamente os 4 locais, permitindo uma avaliação de desempenho de ampla adaptabilidade, enquanto a ANOVA analisou separadamente por locais.

Quanto à correspondência evidenciada entre os métodos principalmente para Capão do Leão, mas também SUL e OESTE, Sturion e Resende, em trabalho com erva mate, comparando o mesmo método de modelos mistos MHPRVG, com outros métodos verificou que os métodos selecionaram praticamente os mesmos materiais, porém o primeiro método apresenta a vantagem de fornecer resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, permitindo interpretação direta.

Quanto ao local NORTE, uma vez que o modelo MHPRVG considera todos os locais analisados para fazer a Seleção, poderia ser este o motivo de não apresentar correspondência a ANOVA, por esta última ter sido realizada em cada local de forma separada, entretanto a análise pelo MHPRVG feita por local (dados não apresentados) se correlacionou com a análise conjunta MHPRVG, de todos locais, comprovando a falta de correlação entre os métodos para o local NORTE. Ao analisarmos os dados de ANOVA para este local, percebemos que apenas o genótipo 55H09025 da classe “a” não foi selecionado no MHPRVG, possivelmente por não ter apresentado desempenho consistentemente superior nos outros locais, além disso, outros genótipos de classe “B” não entraram na seleção pelo MHPRVG e mais inusitadamente, o genótipo Arize QM 1003, que era classe “C” foi selecionado pelo MHPRVG para o local, mas podemos admitir a eficiência na

seleção, também para este local do método MHPRVG, pois foi possível discriminar os genótipos superiores, mais a inclusão de genótipos de desempenho não-superior para este local, mas com desempenho superior em nos outros 3 locais. Baseado nisto, podemos inferir que para adaptabilidade específica as médias podem discriminar genótipos superiores com mais precisão, mas para ampla adaptabilidade o SELEGEN oferece resultados de maneira mais fácil e objetiva.

Na tabela 4 observa-se semelhanças com a Tabela 2 quanto à tendência de ordenamento geral, sendo que os genótipos que ficaram ranqueados até a posição 6 ficaram na categoria 1 para ambos locais e os que ficaram até a posição 14 do “ranking”, classificaram-se na categoria 1 em um dos locais e 2 no outro local. Os genótipos H33 e H7, que ficaram ranqueados no ordenamento geral nas posições 25 e 27, respectivamente, pode-se verificar a penalização causada pela falta de estabilidade no desempenho, sendo que estavam na categoria 1 para um local e em categorias 3 e 4 para o outro local, sendo que ficaram em posições baixas no ranking geral para este ano.

Tabela 4. Ordenamento geral e categorização para cada local dos genótipos classificados em 4 classes de intervalos fixos, de acordo com o ranqueamento pelo SELEGEN na safra 2010/2011.

Genótipo	Ordenamento		Quarto		
	Geral	Todos locais	INT	SUL	
ARIZE QM1010	1	1	1	1	
55H09033	2	1	1	1	
INOV CL	3	1	1	1	
55H10006	4	1	1	1	
AVAXI CL	5	1	1	1	
BRS CIRAD	6	1	1	1	
55H08009	7	1	2	1	
55H09009	8	1	2	1	
ARIZE QM1003	9	1	1	1	
55H09026	10	1	1	2	
55H09024	11	1	1	2	
H15	12	2	1	2	
55H09003	13	2	2	2	

(continuação)

55H09025	14	2	2	1
55H09022	15	2	2	2
H41	16	2	2	2
55H08003	17	2	2	3
55H09032	18	2	2	3
55H09008	19	2	3	2
55H08008	20	2	3	2
H45	21	2	3	2
H28	22	2	2	3
H14	23	3	2	3
55H10004	24	3	3	2
H33	25	3	1	4
55H09002	26	3	3	3
H7	27	3	3	1
55H090071	28	3	4	2
EL PASO 144	29	3	3	3
55H08005	30	3	3	3
H17	31	3	2	4
H18	32	3	3	4
55H090072	33	3	4	3
55H09034	34	4	3	3
55H09001	35	4	3	3
TAIM	36	4	4	4
55H09018	37	4	4	3
IRGA 424	38	4	4	4
55H09019	39	4	3	4
H50	40	4	4	4
IRGA 417	41	4	4	4
55H10002	42	4	4	4

Na Tabela 5 apresentam-se as médias dos genótipos testados no ano seguinte, sendo que no Ambiente INT os genótipos apresentaram médias elevadas e foram formadas apenas duas classes, dificultando a discriminação de genótipos

promissores, uma vez que o genótipo que apresentou a maior média na classe “a” atingiu 20.697kg ha^{-1} e a menor média dessa mesma classe foi de 15.531 kg ha^{-1} . Baseado no teste de comparação de médias inferiu-se que uma diferença de aproximadamente 30% no rendimento de grãos pode não significar que estes dois genótipos diferem significativamente para o caráter rendimento de grãos. No ambiente INT, houve a formação de 4 classes distintas, sendo que ainda há uma diferença grande para o genótipo de maior e menor média na classe “a”, porém esta diferença é menor do que no local INT, ficando aproximadamente 12%.

Pode-se também verificar a importância da estabilidade na Seleção de genótipos ao analisar as médias dos genótipos 55H09003 que pertence à classe “a” para o local SUL e “b” para o local INT e 55H09025, que agrupou na classe “a” para ambos os locais, entretanto na média este último é superior ao primeiro, sendo que no ranqueamento feito pelo SELEGEN, ocupa uma posição inferior, pois apresenta uma grande diferença no desempenho entre os dois locais e, além disso, o genótipo da posição 15 do ordenamento geral possui uma média muito próxima do 55H09003, também é inferior ao 55H09025 e ordenou-se abaixo dele por ter uma diferença maior do que o 55H09003 entre os locais avaliados.

Tabela 5. Produtividade (kg ha^{-1}) de genótipos de arroz irrigado em duas regiões do estado do Rio Grande do Sul, na safra 2010/2011 nos locais INT, SUL.

GENÓTIPO	INT	SUL
55H08003	16.846a*	16.290b
55H08005	15.117b	15.958b
55H08008	15.611a	16.552b
55H08009	15.531a	18.164a
55H09001	14.332b	15.622c
55H09002	15.663a	16.675b
55H09003	16.492a	16.615b
55H09005	14.061b	14.964c
55H09007	14.468b	16.938b
55H09008	15.210b	17.584a
55H09009	15.857a	17.910a
55H09018	13.403b	16.636b

(continuação)

55H09019	14.861b	12.043d
55H09022	16.270a	16.781b
55H09024	16.583a	17.596a
55H09025	15.500a	18.033a
55H09026	16.970a	17.740a
55H09032	16.606a	15.497c
55H09033	18.274a	18.554a
55H09034	13.945b	18.490a
55H10002	12.652b	12.104d
55H10004	14.448b	16.646b
55H10006	17.720a	19.012a
ARIZE QM 1010	20.697a	17.402a
ARIZE QM1003	16.486a	17.501a
AVAXI CL	16.382a	17.985a
BRS CIRAD	16.891a	17.304a
EL PASO	14.559b	16.357b
H14	16.250a	16.006b
H15	16.856a	16.404b
H17	16.057a	14.314c
H18	15.781a	14.150c
H28	16.338a	15.219c
H33	18.089a	13.561d
H41	15.985a	15.775b
H45	15.704a	16.288b
H50	14.076b	12.535d
H7	13.656b	17.823a
INOV CL	16.907a	19.608a
IRGA 417	12.185b	13.008d
IRGA 424	13.134b	15.525c
TAIM	14.277b	15.206c
C.V. (%)	9,23	6,94

* Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott a 5% de erro.

No ano 2010/2011 os dados reduziram-se para dois ambientes de testes, devido à perda de ensaios, o que geralmente dificulta ou até impossibilita a seleção de genótipos para ampla adaptabilidade pelas análises rotineiras. Os genótipos ARIZE QM 1010, 55H09033, INOV, AVAXI CL, 55H008009, 55H09024, 55H09026 mantiveram a performance superior, como na safra anterior e 55H10006, BRS CIRAD e H15 que estavam em sua primeira safra de teste tiveram um bom desempenho em ambos ambientes. Isto ficou evidenciado pela MHPRVG – SELEGEN, em que estes genótipos se posicionaram até a 11^o de um ordenamento total de 42 genótipos (Tabela 4).

Quanto às análises estatísticas convencionais (Tabela 5), para o ensaio em SUL a mesma separou em apenas duas classes, já para o ensaio em INT foram quatro classes distintas, o que pode significar que neste ano sobre este último local culminou em um ambiente onde as diferenças genóticas entre as constituições genéticas se tornaram mais evidentes, isto é, onde cada genótipo pode expressar de forma mais acentuada suas características genóticas.

A repetição de desempenho superior apresentado por alguns genótipos entre os anos de 2009/10 e 2010/11 permite sugerir que os locais SUL e INT possam ser ambientes adequados para selecionar materiais de boa adaptação também para os demais ambientes (OESTE e NORTE). Isto pode estar relacionado ao fato de o ambiente SUL ser o mais desfavorável entre todos os ambientes testados, caracterizado por primaveras amenas com baixas temperaturas que causam um desenvolvimento vegetativo prejudicado, e posteriormente, no mês de Fevereiro uma alta frequência de baixas temperaturas, também prejudiciais às fases do ciclo que correspondem geralmente a este período. Desta forma, os genótipos que tiverem performance superior neste local, muito provavelmente terão também nos demais locais de cultivo de arroz do Rio Grande do Sul.

É possível verificar que o SELEGEN foi novamente eficiente em discriminar os genótipos de melhor desempenho, quando nota-se que alguns apresentaram também desempenho superior (agrupando-se no quarto superior ou quarto intermediário superior na categorização do ranqueamento feito pelo Selegem) no ano 2009/2010, e por terem este comportamento na maioria dos locais foram ranqueados nas primeiras posições.

Ao analisar a Tabela 6 percebe-se que os genótipos ranqueados no ordenamento geral até a posição 10 pertence à categoria 1 e 2 na maioria dos locais

avaliados, confirmando os resultados dos anos anteriores. Os genótipos que ocuparam as posições 41 a 50 do ordenamento geral, tiveram desempenhos inferiores em todos os locais, conseqüentemente ocuparam as últimas posições no ranking.

Pode-se perceber que o genótipo BRS CIRAD que obteve bom desempenho no ano anterior, neste ano não confirmou o comportamento, ficando na posição 38.

Tabela 6. Ordenamento geral e categorização para cada local dos genótipos classificados em 4 classes de intervalos fixos, de acordo com o ranqueamento pelo SELEGEN na safra 2011/2012.

Genótipo	Ordenamento Geral	Quarto			
		Todos locais	INT	SUL	OESTE NORTE
ARIZE QM 1010CL	1	1	1	1	1
ARIZE QM1010	2	1	1	1	2
AVAXI CL	3	1	1	1	1
BHX 0074	4	1	2	3	1
INOV CL	5	1	1	1	1
55H09002	6	1	1	1	-
55H08009	7	1	1	1	-
H7	8	1	-	2	1
55H09009	9	1	1	1	1
55H11015	10	1	1	1	-
55H09008	11	1	1	1	-
Prime CL	12	1	1	3	2
55H09026	13	1	1	1	3
55H11005	14	2	2	2	1
55H09024	15	2	2	2	-
55H11003	16	2	2	2	-
ARIZE QM1003	17	2	2	1	3
55H11004	18	2	2	2	3
55H09032	19	2	1	3	2
SINUELO CL	20	2	3	-	2
55H11008	21	2	2	2	-

(continuação)

IRGA 424	22	2	3	3	3	1
55H09003	23	2	2	3	-	-
55H09033	24	2	2	2	4	1
55H09022	25	2	2	2	4	2
55H11021	26	2	3	1	-	4
55H08008	27	3	2	2	-	3
55H11007	28	3	3	3	2	3
55H11014	29	3	3	2	-	2
EL PASO 144	30	3	3	3	2	4
55H11012	31	3	3	2	-	2
55H11011	32	3	3	2	-	3
55H11010	33	3	2	3	3	3
55H11002	34	3	3	3	4	2
55H11001	35	3	3	3	4	3
IRGA 417	36	3	4	3	2	4
55H09001	37	3	3	3		1
BRS CIRAD	38	3	3	4	4	3
55H11013	39	3	4	-	-	-
PUITÁ INTA CL	40	4	4	-	-	-
55H11006	41	4	4	4	3	4
55H11009	42	4	4	4	-	-
55H11020	43	4	4	4	-	-
55H11023	44	4	4	4	-	4
55H11022	45	4	4	4	-	4
55H11024	46	4	4	4	-	4
55H11016	47	4	4	4	-	4
55H11019	48	4	-	4	-	4
55H11017	49	4	4	4	-	4
55H11018	50	4	4	4	-	4

Os resultados das análises do terceiro ano (2011/2012) estão apresentados nas Tabelas 6 (MHPRVG) e 7 (ANOVA). Dentre os anos utilizados no presente estudo, este ano os ambientes formaram um número de classes bastante

expressivo, sendo que o ambiente INT separou os genótipos testados (48) em nove classes distintas, o ambiente SUL em 6 classes distintas, OESTE separou os 26 genótipos testados neste ambiente em quatro classes e no NORTE os genótipos testados foram separados entre as classes “a” e “f”. Quando comparamos o ranqueamento feito pelo SELEGEN podemos perceber que os 13 primeiros genótipos ordenados pelo programa (quarto superior) ficaram entre as classes “a” e “d” no ambiente INT que classificou os demais genótipos até a classe “i”, no ambiente SUL os genótipos constituintes do quarto superior do ranqueamento feito pelo SELEGEN, se encaixaram entre as classes “a” e “b” apenas, bem como no ambiente OESTE, exceto o genótipo 55H09026 e no ambiente NORTE que tinha ao todo cinco classes distintas, os genótipos do quarto superior incluíam genótipos das classes “a” até “c”.

Quanto aos genótipos que agrupam-se na classe “a” em todos os ambientes podemos perceber que nenhum dos genótipos testados tem essa capacidade, porém os genótipos Arize QM 1010CL, BHX 0074 e AVAXI são classe “a” em dois ambientes. Neste ano de teste, pela MHPRVG, o híbrido ARIZE QM 1010 CL, até então não testado, se destacou como o genótipo de maior produtividade, seguido por ARIZE QM 1010 e AVAXI CL. O híbrido BHX 0074 que estava em primeiro ano de teste ficou na quarta posição neste mesmo ranking, seguido por INOV CL, 55H09002, 55H08009, H7, 55H09009, que obtiveram bom desempenho em anos anteriores e permaneceram entre os melhores neste ano também. Além destes os híbridos 55H09008, Prime CL, 55H09026, também desempenhos superiores neste ano. Cabe ainda destacar o bom desempenho do híbrido 55H11015, que também estava em teste pela primeira vez neste ano e que ficou na décima posição do ranqueamento.

Tabela 7. Produtividade (kg ha^{-1}) de genótipos de arroz irrigado em quatro regiões do estado do Rio Grande do Sul, na safra 2011/2012 nos locais INT, SUL, OESTE, NORTE.

GENÓTIPO	INT	SUL	OESTE	NORTE
55H08008	12.393d*	14.169b	-	10.514c
55H08009	13.453c	17.285a	-	10.886c
55H09001	9.303f	13.755b	-	-
55H09002	13.323c	16.476a	-	12.207b
55H09003	12.300d	14.033b	-	-

(continuação)

55H09008	13.092c	16.271a	-	10.723c
55H09009	13.383c	15.874a	17.200b	11.307b
55H09022	12.754d	15.710a	13.180d	11.142c
55H09024	12.456d	15.593a	-	10.682c
55H09026	12.992d	17.385a	13.751d	11.917b
55H09032	13.978c	13.736b	15.891b	10.288c
55H09033	12.357d	15.544a	12.937d	12.116b
55H11001	11.247e	13.626b	12.761d	10.671c
55H11002	10.482e	13.565b	13.322d	11.411b
55H11003	12.462d	15.325a	-	10.909c
55H11004	12.915d	15.686a	14.024c	11.447b
55H11005	12.818d	14.219b	17.406b	11.425b
55H11006	8.069f	9.242d	14.781c	8.567d
55H11007	10.542e	14.148b	17.057b	10.191c
55H11008	12.393d	15.105a	-	10.163c
55H11009	8.320f	11.394c	-	-
55H11010	12.351d	12.661c	15.809b	99.55c
55H11011	10.768e	14.516b	-	10.672c
55H11012	10.749e	14.337b	-	10.874c
55H11013	8.676f	-	-	-
55H11014	11.529e	14.670b	14.101c	11.284b
55H11015	12.840d	16.115a	-	11.963b
55H11016	4.238h	4.146f	-	6.682e
55H11017	3.025i	3.334f	-	4.540f
55H11018	3.033i	3.346f	-	3.519f
55H11019	-	4.274f	-	4.395
55H11020	6.360g	7.786d	-	-
55H11021	12.184d	15.795a	-	9.117d
55H11022	5.572g	6.156e	-	5.572e
55H11023	6.080g	5.996e	-	6.897e
55H11024	4.948g	5.448e	-	6.083e
ARIZE QM 1010	15.021b	18.003a	16.313b	13.387a

(continuação)

ARIZE QM 1010 CL	17.221a	-	18.352b	14.544a
ARIZE QM 1003	12.469d	16.354a	14.962c	10.313c
AVAXI CL	13.541c	15.695a	19.461a	11.876b
BHX 0074	12.280d	13.420b	21.325a	13.514a
BRS CIRAD	11.156e	12.490c	12.562d	10.604c
EL PASO 144	11.443e	13.718b	17.374b	8.828d
H9 CL	-	15.932a	-	-
H7	-	15.531a	18.226b	11.118c
INOV CL	14.431b	16.330a	18.146b	11.014c
IRGA 417	8.661f	14.273b	16.303b	8.863d
IRGA 424	12.180d	13.878b	15.588c	11.628b
Prime CL	13.692c	13.965b	17.095b	11.374b
PUITÁ INTA CL	8.673f	-	-	-
SINUELO CL	11.633e	14.663b	17.049b	10.725c
CV. (%)	6,65	7,92	7,25	6,66

* Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott a 5% de erro.

Comparando os métodos de análise dos dados neste ano, percebe-se que os dois melhores materiais, na análise conjunta de todos os locais pelo MHPRVG, ARIZE QM 1010 CL e ARIZE QM 1010, não ficaram na classe “a” pelo teste de médias de Scott-Knott em todos os locais. Entretanto, conforme Vencovsky e Barriga (2002) e Cruz et al. (2004), é natural a alteração de classificação de genótipos quando se mudam os métodos de avaliação.

Os materiais ARIZE QM 1003, IRGA 424 e 55H09033, que vinham tendo bons ranqueamentos nos anos anteriores não tiveram o mesmo comportamento, porém deve se levar em conta que são genótipos de ciclo médio e as datas de semeaduras dos ensaios poderão ter favorecido os genótipos de ciclo menor, porém isto não ocorreu com o híbrido ARIZE QM 1010 que também tem ciclo médio e teve o melhor desempenho na avaliação conjunta de todos os locais, devido à tolerância a frio bastante elevada na fase reprodutiva deste material.

Após análise e comparação de ambos os métodos de análises ano a ano, podemos verificar na Tabela 8 que apresenta a seleção feita pelo SELEGEN

considerando os três anos de testes podemos observar que os genótipos híbridos ocupam as 26 primeiras posições. O híbrido Arize QM 1010 CL ficou em primeiro, seguido pela versão convencional. Este resultado pode ser corroborado quando observa-se o comportamento deste híbrido ano a ano e região por região, sempre apresentando bom desempenho.

Na Tabela 8 o híbrido 55H10006 ficou em terceiro colocado devido ao desempenho apresentado em apenas um ano, mas com média elevada. As posições 4, 5 e 6 foram ocupadas por híbridos que possuem ciclo bastante semelhante, sendo os híbridos das posições 5 e 6 já comercializados e com área expressiva de cultivo, e o híbrido BHX0074 que ocupou a posição 4 ainda em fase inicial de testes, mas com excelente desempenho.

Os híbridos Arize QM 1010, Inov CL, 55H09026, 55H09033, 55H08009, Arize QM 1003, 55H09009, 55H09032, 55H08008, 55H09022 e as variedades IRGA 424 e El passo 144, nessa ordem ranqueados pelo método MHPRVG, estiveram presentes em todos os locais durante os três anos de teste relatados no presente estudo. O genótipo QM 1010 apresentou desempenho superior aos demais no ambiente INT nos três anos de teste, assim como no ambiente SUL, exceto no ano 10/11, provavelmente por este ano ter sido muito favorável aos outros genótipos (todos com ciclo mais curto) fazendo com que estes expressassem mais o potencial genético, como foi, neste local/ano o desempenho do híbrido INOV CL. Porém não agrupou na classe superior nos demais anos/locais, ficando nas classes imediatamente inferiores.

Tabela 8. Componentes da produtividade (kg ha^{-1}) (Saída do Programa SELEGEN) analisando conjuntamente os quatro locais nas três safras.

Ordem	Genótipo	g	u+g	Ganho	Nova média	u+g+gem
1	Arize QM 1010CL	3.612	15.419	3.612	15.419	15.603
2	Arize QM 1010	3.085	14.892	3.348	15.155	15.049
3	55H10006	2.547	14.354	3.082	14.888	14.483
4	BHX 0074	2.430	14.237	2.919	14.725	14.360
5	INOV CL	2.121	13.928	2.759	14.566	14.036
6	AVAXI CL	1.878	13.685	2.612	14.419	13.780
7	55H11015	1.796	13.602	2.496	14.302	13.693

(continuação)

8	Arize QM 1003 USA	1.727	13.533	2.400	14.206	13.621
9	55H09026	1.588	13.395	2.309	14.116	13.475
10	55H09033	1.554	13.360	2.234	14.040	13.439
11	55H08009	1.507	13.314	2.168	13.974	13.390
12	Prime CL	1.483	13.290	2.111	13.917	13.365
13	55H11005	1.428	13.235	2.058	13.865	13.307
14	55H09002	1.418	13.225	2.013	13.819	13.297
15	55H09024	1.310	13.117	1.966	13.772	13.183
16	H7	1.224	13.031	1.919	13.726	13.093
17	Arize QM 1003	1.207	13.013	1.877	13.684	13.075
18	55H09009	1.198	13.004	1.840	13.646	13.065
19	55H09003	1.194	13.000	1.806	13.612	13.061
20	55H09008	1.178	12.985	1.774	13.581	13.045
21	55H11003	1.172	12.979	1.746	13.552	13.039
22	H15	1.145	12.951	1.718	13.525	13.010
23	55H08003	1.095	12.901	1.691	13.498	12.957
24	55H09032	1.067	12.874	1.665	13.472	12.928
25	55H11004	1.042	12.849	1.640	13.447	12.902
26	55H08008	1.030	12.837	1.617	13.423	12.889
27	SINUELO CL	1.001	12.807	1.594	13.401	12.858
28	55H08014	904	12.711	1.569	13.376	12.757
29	55H11008	882	12.689	1.546	13.352	12.734
30	55H09014	870	12.676	1.523	13.330	12.720
31	55H09031	829	12.635	1.501	13.307	12.677
32	55H09028	811	12.617	1.479	13.286	12.659
33	55H09015	747	12.553	1.457	13.264	12.591
34	H14	740	12.546	1.436	13.242	12.584
35	55H11021	724	12.531	1.416	13.222	12.568
36	55H09022	709	12.515	1.396	13.202	12.551
37	55H09025	685	12.491	1.377	13.183	12.526
38	55H09005	668	12.474	1.358	13.165	12.508
39	TAIM	663	12.469	1.340	13.147	12.503
40	55H08017	634	12.441	1.323	13.129	12.473
41	H45	633	12.439	1.306	13.112	12.472
42	55H07002	625	12.431	1.290	13.096	12.463

(continuação)

43	55H08012	615	12.422	1.274	13.080	12.453
44	55H08013	612	12.418	1.259	13.065	12.449
45	55H09029	591	12.398	1.244	13.051	12.428
46	55H11007	585	12.391	1.230	13.036	12.421
47	H41	539	12.346	1.215	13.022	12.373
48	55H11014	509	12.315	1.200	13.007	12.341
49	H33	494	12.301	1.186	12.992	12.326
50	IRGA 424	468	12.275	1.171	12.978	12.299
51	H28	457	12.264	1.157	12.964	12.287
52	55H11012	406	12.212	1.143	12.950	12.233
53	55H11011	404	12.211	1.129	12.936	12.232
54	55H09020	390	12.197	1.115	12.922	12.216
55	55H08016	369	12.176	1.102	12.908	12.195
56	BRS CIRAD	367	12.174	1.089	12.895	12.193
57	EI PASO 144	362	12.169	1.076	12.883	12.187
58	55H09013	345	12.152	1.063	12.870	12.169
59	55H11010	335	12.142	1.051	12.858	12.159
60	55H09011	322	12.129	1.039	12.845	12.145
61	55H10004	270	12.077	1.026	12.833	12.090
62	55H08005	263	12.069	1.014	12.821	12.082
63	55H09027	114	11.921	1000	12.806	11.927
64	55H09023	- 9	11.798	984	12.790	11.797
65	H17	- 22	11.785	968	12.775	11.783
66	55H09034	- 58	11.749	953	12.759	11.746
67	55H09007	- 66	11.741	938	12.744	11.738
68	55H09001	- 92	11.715	923	12.729	11.710
69	55H11002	- 93	11.714	908	12.714	11.709
70	55H09030	- 93	11.714	894	12.700	11.709
71	55H11001	- 195	11.612	878	12.685	11.602
72	H18	- 199	11.607	863	12.670	11.597
73	55H09016	- 258	11.549	848	12.654	11.536
74	55H07004	- 322	11.485	832	12.639	11.468
75	QUALIMAX 13	- 380	11.426	816	12.622	11.407
76	55H09018	- 547	11.259	798	12.605	11.231
78	55H09019	- 751	11.056	760	12.566	11.018

(continuação)

79	IRGA 417	-1.035	10.771	737	12.543	10.719
80	55H09035	-1.083	10.723	714	12.521	10.668
81	55H09021	-1.126	10.680	691	12.498	10.623
82	H50	-1.541	10.266	664	12.471	10.188
83	55H09017	-1.619	10.187	637	12.443	10.105
84	55H11013	-1.735	10.071	608	12.415	9.983
85	PUITÁ INTA CL	-1.737	10.069	581	12.387	9.981
86	55H11006	-1.835	9.971	553	12.359	9.878
87	55H11009	-1.915	9.892	524	12.331	9.795
88	55H10002	-2.290	9.517	492	12.299	9.401
89	55H11020	-4.163	7.643	440	12.247	7.432
90	55H11023	-4.355	7.452	387	12.193	7.230
91	55H11022	-4.824	6.983	329	12.136	6.738
92	55H11024	-5.054	6.753	271	12.078	6.496
93	55H11016	-5.449	6.357	209	12.016	6.080
94	55H11019	-5.965	5.842	144	11.950	5.538
95	55H11017	-6.618	5.189	73	11.879	4.853
96	55H11018	-6.898	4.909	0	11.807	4.558

Fonte: dados de pesquisa.

Observa-se que no ranqueamento feito pelo SELEGEN, o Arize QM 1010 está em segundo lugar e o Inov CL em quinto lugar, corroborando com a análise de grupos de experimentos como pode-se verificar na Tabela 9.

Analisando a Tabela 9, verifica-se que as análises estatísticas convencionais restringem bastante a análise do desempenho dos genótipos, pois através desta metodologia estatística foi possível analisar apenas 12 genótipos em 2 locais, sendo a interpretação passível de ser feita apenas entre os genótipos dentro de cada ano.

Quando procura-se verificar a correspondência entre as duas análises (Tabelas 8 e 9) podemos verificar que para os genótipos que apresentaram-se sempre com desempenho produtivo elevado, pela análise do Selegen o Arize QM 1010 ocupou a segunda posição do ranqueamento feito com os dados de todos os locais avaliados e de todos os anos e na análise de grupos de experimentos (Tabela 9) é possível verificar que ele apresenta as classes de separação de médias para a

maioria dos anos em ambos os locais (exceto no Ambiente SUL na safra 2010/11) demonstrando a correlação entre os métodos.

Em análise similar os genótipos 55H8009 e 55H9033 (posição 10 e 11 do ranqueamento do Selegen entre todos anos e locais) podemos verificar que na análise de grupos de experimentos eles possuem classes muito próximas (tabela 9), sendo que somente na safra 2010/11 apresentam desempenhos diferentes entre si em ambos os locais. Para verificar se os métodos possuem uma correspondência na classificação e distinção de genótipos em ambientes distintos, também para genótipos com potencial produtivo menor, verifica-se esta mesma tendência com o genótipo El paso 144 que ficou na posição 57 do ranqueamento geral do Selegen e na análise de experimento de grupos apresentou as classes inferiores em todos os locais que foi testado e comparativamente a este grupo de genótipos, em sua maioria híbridos.

O híbrido 55H08009 teve desempenho consistentemente superior no ambiente SUL durante os três anos de teste, porém no ambiente Capão do Leão no ano 2009/2010 não apresentou bom desempenho, ficando na classe “d”. Este genótipo ficou na 11ª posição na classificação do SELEGEN. Os genótipos 55H09026 e 55H09033 também agrupam-se nas classes superiores nos ambientes Capão do Leão e SUL em 2 dos três anos, sendo no ambiente Capão do Leão ambos os genótipos estatisticamente iguais, o que pode explicar o fato de os referidos genótipos terem as posições 9 e 10 no ranking feito pelo SELEGEN, e logo abaixo está ranqueado o genótipo 55H08009 que também agrupou nas classes superiores nos três anos quando testados no ambiente SUL, com desempenho distinto entre os três anos de teste no ambiente Capão do Leão, porém com bom desempenho na safra 2011/2012 para este local. Seguindo com a mesma tendência de desempenho, o híbrido Arize QM 1003 apresentou desempenho superior no ambiente SUL e na safra 2009/2010 no ambiente INT, sendo ranqueado abaixo do genótipo 55H08009. Outros 3 genótipos, 55H09009, 55H09032 e 55H08008 agruparam-se de maneira muito parecida pela análise de grupos de experimentos apresentando performances similares entre anos e locais estatisticamente, e ficaram respectivamente nas posições 18, 24 e 26 no ranqueamento do SELEGEN (Tabela 8) sendo que os genótipos intermediários a estas posições não foram contemplados pela análise de grupos por estarem ausentes em algum ano ou local, ou seja, eles ficaram ranqueados nesta ordem, e pela análise de grupos estão em classes iguais,

observando-se que no ambiente SUL, na safra 2009/2010 apresentam desempenho superior de maneira geral, provavelmente devido ao ambiente favorável para estes genótipos naquele local/ano, sendo materiais de ciclo similar.

Tabela 9. Valores médios de produtividade (Kg ha^{-1}) dos híbridos/cultivares e locais que se mantiveram constantes nas três safras de condução dos ensaios, Capão do Leão, RS, 2012.

Genótipo	INT				SUL			
	2010/11	2011/12	2009/2010	2010/11	2011/12	2009/2010	2011/12	2009/2010
55H08008	cde 15.611A	cde 12.393B	bcd 11.621B	cde 16.552A ^{ns}	de 14.169B*	ab11.754C ns		
55H08009	cde 15.531A	abcde 13.453B	d 10.718C	abc 18.164 A*	abc17.285A*	abc11.185B ns		
55H09009	cde 15.857A	abcd 13.383B	bcd 11.042C	abcd 17.910A*	bcd15.874B*	bc10.777C ns		
55H09022	cde 16.270A	bcde 12.754B	d 10.089C	cde 16.781A ns	bcd15.710A*	abc11.295B ns		
55H09026	bc 16.970A	bcde 12.992B	bc 12.579B	bcd 17.740A ns	ab17.385A*	abc11.339B ns		
55H09032	bcd 16.606A	abc 13.978B	bcd 11.418C	e 15.497 A ns	f13.736B ns	bc10.083C ns		
55H09033	b 18.274A	de 12.357B	b 12.470B	ab 18.554A ^{ns}	cd15.544B*	ab11.797C ns		
ArizeQM 1003	cd 16.486A	de 12.469B	b 12.600B	bcd 17.501A ns	abc16.354A*	ab11.479B ns		
ArizeQM 1010	a 20.697A	a 15.021B	a 14.908B	bcd 17.402A*	a18.003A*	ab11.563B*		
El paso 144	ef 14.559A	e 11.443B	d 10.558B	de 16.357A*	e 13.718B*	c9.621C ns		
Inov	bcd16.907A	ab14.431B	b 12.587C	a 19.608A*	abc16.330B*	bc10.675C*		
Irgra 424	f 13.134A	de 12.180A	bcd 11.819A	e 15.525A*	de13.878AB ns	a12.707B ns		
Média Geral				14.250				
C.V. (%)				7,53				

Médias antecedidas de letras minúsculas comparadas nas colunas e / ou seguidas de maiúsculas nas linhas, quando distintas, dentro de cada local, diferem entre si; ^{ns} e * representam, respectivamente, não diferença e diferença significativa, e compararam médias entre mesmas cultivares / híbridos e mesmo ano, porém em diferentes locais, todos pelo teste DMS de Fisher ($p \leq 0,05$).

O genótipo 55H09022, dentre os locais e anos testados, apresenta um desempenho bom, apenas no ambiente SUL na safra 2009/2010, e por isso pode justificar a posição 36 no ranking geral, e também o genótipo IRGA 424 apresentou desempenho inferior aos demais genótipos supracitados neste parágrafo, sendo seu desempenho significativamente diferente entre ambos locais (SUL e Capão do Leão) no ano 2010/2011, ficando com a posição de número 50 no ranking geral. E por fim o genótipo El Paso 144 na posição 57 do ranking geral, agrupo nas classes mais inferiores em todos os anos de teste, em ambos locais.

Analisando a Tabela 8, pode-se perceber que o híbrido 55H10006 é o terceiro do “ranking”, sendo que foi testado apenas no ano 2010/2011. O alto valor de nova média é justificado pelo seu desempenho superior no ambiente SUL (primeiro colocado) e no ambiente Capão do Leão (terceiro colocado). Apesar do genótipo ter sido testado em apenas um ano e em dois locais conseguiu um desempenho muito bom e obteve o terceiro lugar no “ranking” geral, o que pode ser interessante dentro de um programa de melhoramento de híbridos, onde é de extrema importância avaliar se um híbrido que está entrando na fase de *testing*, com apenas um ano de avaliação, pode ser comparado com híbridos com mais anos de testes. Isto pode ser evidenciado também ao analisarmos os resultados do híbrido 55H11015, que foi testado na safra 2011/2012 e é o sétimo do ranking geral, sendo que no ano em que foi testado estava nos locais Capão do Leão, SUL e NORTE, obtendo desempenho consistentemente superior entre estes locais, sendo as médias deste ano maiores que as médias da safra 2009/2010 e menores que a safra 2010/2011, porém este ano continha apenas dois locais, o que fez com que uma média alta em três locais no ano seguinte, ranqueasse o genótipo em posição superior a muitos genótipos com médias maiores. No entanto, em apenas 2 locais, e também porque no ambiente Norte, a grande maioria dos genótipos teve uma redução grande de produtividade neste ambiente, sendo que o híbrido 55H011015 manteve-se com alto potencial produtivo, o que certamente elevou seu valor genotípico quando calculado a “nova média”. Borges (2009) realizou estudo para estimar o ganho de um programa de melhoramento de arroz utilizando modelos mistos e através da utilização do valor de $u+g+gem$ concluiu que o ganho genético foi nulo entre o período 1997/1998 a 2007/2008 quanto á rendimento de grãos, porém as variedades lançadas neste período eram superiores para qualidade de grãos e resistência a doenças, principalmente brusone, o que evidencia a eficiência

do programa. O mesmo autor utilizou modelos mistos para avaliar o ganho genético, e no momento em que há híbridos que entraram em fase em teste nos últimos anos, e estão ranqueados em posições superiores que híbridos que possuem mais anos de teste, mostra que o programa vem obtendo ganho genético, sendo mais uma aplicabilidade dos modelos mistos dentro do programa de melhoramento, como demonstrado por Vencovsky et al. (1998) é possível utilizar os dados dos ensaios de VCU para tal.

Em um programa de híbridos obter dados balanceados, ou seja, replicados de forma igual em todos os locais, pode ser dificultado em primeiro lugar pela disponibilidade de volume de sementes híbridas para todos os locais, uma vez que o processo de produção de sementes experimentais pode ser insuficiente, ou por ser colhido em época que possibilite ser semeado apenas nos locais de semeaduras mais tardias, além da ocorrência de parcelas perdidas e até mesmo o descarte de algum ensaio. Além disto, Vencovsky e Barriga (2002) e Cruz et al. (2004) afirmaram que a mudança no número de locais levados em consideração na análise conjunta leva a alterações em ranqueamentos nestes tipos de análises. Colombo (2005) considera um refinamento na seleção o fato de genótipos que não apresentam a média mais elevada serem selecionados, quando se considera na análise outros atributos como estabilidade, adaptabilidade e indica que mesmo com a utilização de robustos e refinados modelos de análise de dados, os cuidados com a avaliação dos genótipos em um maior número de locais possíveis é indispensável para a acurácia da seleção.

O fato de alguns genótipos que estavam em teste desde o primeiro ano terem se mantido com desempenho superior em todos os anos dá bastante segurança para promoção destes materiais para nível comercial, uma vez que foram testados em ambientes distintos, por três anos e apresentaram desempenho superior aos demais, de forma estável.

Chama a atenção nos resultados do terceiro ano, a ausência de muitos genótipos no local OESTE, caracterizando, para fins estatísticos, grande desbalanceamento dos dados. O modelo testado apresenta como vantagens a possibilidade de análise conjunta de todos os genótipos mesmo com desbalanceamento de dados, uma das grandes vantagens do método.

A resposta eficiente do modelo utilizado – MHPRVG – também foi evidenciada por Borges et al. (2010), o qual concluiu ser uma estatística de grande

utilidade na avaliação de ensaios de VCU, importante também para seleção e descarte de genótipos, além de ser de fácil aplicação. Usando o mesmo modelo, em comparação com mais dois métodos diferentes, Carbonell et al. (2007) evidenciou ser um método de mesma eficiência dos demais, porém apresentou vantagens como de fornecer resultados na mesma escala do caráter avaliado, permitindo interpretação direta de valores genéticos para a produtividade, estabilidade e adaptabilidade de forma simultânea. Tal constatação ainda foi corroborada por Resende (2004), em estudo similar.

O desafio de separar genótipos para cultivo nas diferentes regiões produtoras de arroz do Rio Grande do Sul é bastante grande, uma vez que as diferenças edafoclimáticas são acentuadas, porém uma série de dados de três anos pode fazer tal seleção com precisão e esta série tem características de grande variabilidade pois a safra 2009/10 foi com forte influência do fenômeno “El Niño”, a safra 2010/11 foi sob influência do fenômeno “La Niña” e a safra 2011/12 foi considerado um ano dentro da normalidade em termos de clima.

Conhecidamente os anos de “El Niño” são anos chuvosos no Sul do Brasil, o que para a cultura do Arroz representa perda de produtividade por falta de radiação solar, porém uma oportunidade de selecionar os híbridos com maior tolerância para estresses abióticos e os anos de La Niña são anos de pouca precipitação e consequentemente de alta incidência de luz solar que proporciona altas produtividades, sendo ótimo para expressar o potencial genéticos de genótipos de arroz irrigado. No ano neutro seria possível comprovar as seleções com o bom desempenho de ambos os grupos (tolerantes a estresses e altamente produtivos) selecionados nos anos anteriores.

Acerca desta discussão e ainda sobre os resultados da ANOVA, no terceiro ano, tido como normal, um maior número de classes foi encontrado após as análises, principalmente nos locais Capão do Leão e Santa Vitória do Palmar, mas também no NORTE. De forma bastante lógica, quando experimentos são bem conduzidos, com grande esforço para controle do erro experimental, quanto mais classes a análise estatística apresentar, mais útil é esta para discriminar diferenças genéticas em meio a análises fenotípicas.

Atualmente, de acordo com a conjuntura de mercado, onde as sementes híbridas ocupam menos de 10% da área plantada de arroz irrigado (Rio Grande do Sul e Santa Catarina) as empresas vêm buscando genótipos de ampla adaptação,

que possam ser semeados em todas as regiões produtoras, uma vez que o sistema de produção de sementes híbridas é bastante complexo e aprimora-se com o conhecimento do comportamento dos parentais, não permitindo a produção de um grande número de híbridos.

É provável que com o aumento da adoção de sementes híbridas de arroz por parte dos produtores, viabilize-se a produção de constituições genéticas que tenham adaptação a uma região específica, ou seja, possibilite explorar um platô de rendimento mais alto, em uma região mais restrita. Desta forma, deve-se repensar os caminhos para a seleção de híbridos superiores no futuro, com base nas peculiaridades de cada região produtora, uma vez que todas as regiões dispõem de área suficientemente grande para suportar um plano de produção de uma constituição genética de adaptabilidade restrita.

No Rio grande do Sul, pode-se identificar, no mínimo cinco regiões com especificidades edafoclimáticas bastante distintas entre si e segundo Mariotti et al. (1976), a adaptabilidade é a capacidade de genótipos serem responsivos de forma positiva à melhoria de ambiente, sendo, portanto, uma característica de grande valor e a qual deve ser critério de seleção e posicionamento de genótipos.

Verificando a correspondência entre o ranqueamento pela MHPRGV - SELEGEN e o agrupamento da ANOVA, pelo teste de médias de Scott Knott ($p < 0,05$), fica evidenciado que o primeiro método não induziria a erros por seleção de genótipos de performance inferior, dando segurança para ranquear os genótipos superiores, porém deve-se estabelecer um limite. Não há separação de grupos, cabendo ao pesquisador estabelecer o ponto de corte para discriminar os genótipos promissores e que conseqüentemente devem continuar sendo testados, como foi observado por Borges et al. (2010), onde enfatizam que para identificar genótipos com adaptabilidade é primordial que se utilize de métodos apropriados.

Este ponto de corte precisa incluir os genótipos que tem a possibilidade de ter desempenho, no mínimo semelhante aos genótipos já lançados comercialmente, pois nos anos seguintes de testes se comprovará a performance superior ou serão eliminados por não terem desempenho promissor. Poderiam ser admitidos genótipos com rendimento de grãos até 5% inferior à testemunha varietal, pois de acordo com o erro experimental e outros desvios, como por exemplo a janela de floração que é diferente porque há materiais de diferentes ciclos no mesmo ensaio, faz com que uma pequena variação ainda represente uma chance de similaridade de

desempenho entre genótipos. Portanto, pode-se pensar que genótipos com 5% de diferença de produtividade podem ser similares para esta questão e caso apresente outra característica interessante (qualidade de grãos, ciclo precoce, resistência a doenças, entre outras).

Entretanto, se considerarmos as razões que levam o orizicultor nos tempos atuais a utilizar sementes híbridas na lavoura, em virtude do custo destas sementes e o preço do grão de arroz pago ao produtor, é preciso uma diferença entre 12 a 17 sacos para equilibrar a receita. Para ter atratividade na incorporação da tecnologia - semente de híbridos na lavoura é preciso que após a equalização da receita em comparação com uma lavoura de semente varietal, tenha um excedente de, no mínimo, dez sacos. Com o nível tecnológico utilizado na lavoura de arroz atualmente, pode-se considerar uma produtividade acima de 9 toneladas por hectare um nível tecnológico que possibilita ao produtor ter sucesso quando da adoção de sementes híbridas com alto potencial genético para incremento de produtividade, portanto, para que isto tenha sustentabilidade a produtividade com o híbrido deve ser acima de 10,5 toneladas por hectare.

De acordo com a atual exigência de mercado, um programa de melhoramento de híbridos de arroz deve avançar híbridos que apresentem, no mínimo 15% de heterose comercial sobre a variedade de maior produtividade e representatividade na lavoura de arroz, considerando o mesmo tempo de maturação e similar qualidade de grãos.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O software SELEGEN é capaz de ranquear genótipos levando em consideração o desempenho destes, entre os ambientes que foram testados, e atribui grande parte da seleção à estabilidade do genótipo.

Os ambientes utilizados no estudo eram bastante diferentes entre si, sendo a adaptabilidade específica muito interessante para elevação da produtividade nestes locais, porém através dos anos de testes pode-se identificar os parentais que tem a capacidade de apresentar desempenho superior em diferentes ambientes e estes serão progenitores que após sucessivos ciclos de seleção, poderão compor híbridos estáveis e com ampla adaptabilidade.

O programa de melhoramento genético poderá identificar grupos genéticos específicos para cada região, além de gerar genótipos com desempenho estável e média produtiva elevada cabendo ao pesquisador avaliar a competitividade dos novos híbridos no mercado.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.

BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; PETERNELLI, L.A.; SILVEIRA, L.C.I.; DONDA, L.R.; FORTUNATO, A.A.; COSTA, P.M.A.; FIGUEIREDO, I.C.R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.195-203, 2007.

BORGES, V.; SOARES, A.A.; RESENDE, M.D.V.; REIS, M.S.; CORNÉLIO, V.M.O.; SOARES, P.C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Revista Bras. de Biom.**, São Paulo, v.27, n.3, p.478-490, 2009.

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**, Campinas, v.69, n.4, p.833-842, 2010.

CANTERI, M.G.; ALTHAUS, R.A.; VIRGENS-FILHO, J.S.; GIGLIOTI, E.A.; GODOY, C.V. SASM - Agri: Sistema para análise e separação de médias em experimentos agrícolas pelos métodos Scott - Knott, Tukey e Duncan. **Revista Brasileira de Agrocomputação**, v.1, n.2, p.18-24. 2001.

CARBONEL; S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BERALDO, AL.A.; PERINA, E.F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, v.66, n.2, p. 193-201, 2007.

CONAB 2011. 13 **Levantamento da safra de grãos**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/6af.pdf>>. Acesso em: 23 set. 2011

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. V.1, 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

EMBRAPA. Centro de Pesquisa Agropecuária Temperado (Pelotas – RS). Arroz Irrigado: **Recomendações técnicas da Pesquisa para o Sul do Brasil**. Pelotas: 1993. 87p (EMBRAPA-CPACT Documento, 3).

EMBRAPA. Centro de Pesquisa Agropecuária Temperado (Pelotas – RS). Arroz Irrigado: disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Arroz/ArrozIrrigadoBrasil/cap03.htm>> Sistemas de Produção, 3. ISSN 1806-9207 Versão eletrônica. Nov./2005.

FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nation. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/018/i3107e/i3107e.PDF> > Acesso em: 20 Jun. 2013.

GILMOUR, A.R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B.R. Average information REML: an efficient algorithm for parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**, v.51, p.1440-1450, 1995.

GOULART, E.S. **Arranjos de semeadura e desempenho de híbridos de arroz**. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, UFPel, 2012. 25p.

HARVEY, W.R. Accuracy of simplified regressed least-squares (SRLS) vs BLUP methods for ranking sires. **Indian Journal of Animal Genetics and Breeding**, v.1, p.7-13, 1979.

HENDERSON, C.R. Ph.D. **Tesis**. Estimation of general, specific, and maternal combining abilities in crosses among inbred lines of swine. Ames: Iowa State University, 1948.

HENDERSON, C.R. Undesirable properties of regressed least squares prediction of breeding values. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v.61, p.114-120, 1978.

INSTITUTO RIO-GRANDENSE DO ARROZ (IRGA). Resultados da safra de arroz-**Área, produção e produtividade**. Disponível em: http://www.irga.rs.gov.br/uploads/anexos/1329418135Area_Producao_e_Produtivida_de.pdf. Acesso em: 20 Maio de 2013.

IRGA. 2010. Cultivares – safra 2009/2010. Disponível em: <http://www.irga.rs.gov.br/index.php?action=dados_safra_detlhes&cod_dica=277>. Acesso em: 25 jun. 2012

LINDLEY, D.V.; SMITH, A.F. Bayes estimates for the linear model. **Journal of the Royal Statistical Society**, London, v.34, p.1-41, 1972.

LIN, C.S.; BINNS, M.R.A. Superiority measure of cultivar performance for cultivar x locations data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.193-198, 1988.

LUZZARDI, R. et al. Redução da densidade de semeadura e sua influência na produtividade de arroz híbrido irrigado no Estado do Rio Grande do Sul. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 4.; REUNIÃO DA CULTURA DO ARROZ IRRIGADO, 26., Santa Maria, 2005. **Anais...** Santa Maria: [s.n.], 2005, p.342-343.

MEYER, K.; KIRKPATRICK, M. Restricted maximum likelihood estimation of genetic principal components and smoothed covariance matrices. **Genetics, Selection, Evolution**, v.37, p.1-30, 2005.

MRODE, R.A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. CABI Publishing. 2nd ed. 2006.

OLIVEIRA, R.A.; RESENDE, M.D.V.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; KOEHLER, H.S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.426-434, 2005.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v.58, p.545-554, 1971.

PESKE, S.T.; SCHUCH, L.O.B.; BARROS, A.C.S.A. **Produção de arroz irrigado**. Pelotas: Universidade Federal de Pelotas. Editora Universitária. 2004.

PIEPHO, H.P.; MOHRING, J. Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. **Crop Science**, v.45, p.1151-1159, 2005.

RAYMOND, C.A. (Eds.). **Eucalyptus plantations: improving fibre yield and quality**. Sandy Bay: CRCTHF, 1995, p.191-193. Proceedings papers from the CRCTHF/IUFRO Conference realized during 1995, in Hobart, Austrália.

RESENDE, M.D.V.; HIGA, A.R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v.28/29, p.37-55, 1994.

RESENDE, M.D.V. de; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em Pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.32/33, p.18-45, 1996.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. S. C.; Procedimento BLUP individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v.17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M.D.V. de; FERNANDES, J.S.C.; SIMEÃO, R.M. BLUP individual multivariado em presença de interação genótipo x ambiente para delineamentos experimentais repetidos em vários ambientes. **Revista de Matemática e Estatística**. São Paulo, v.17, p.209-228, 1999.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Documentos 47)

RESENDE, M.D.V.; STURION, J.A. **Análise genética de dados com dependência espacial e temporal no melhoramento de plantas perenes via modelos geoestatísticos e de séries temporais empregando REML/BLUP individual**. Colombo: Embrapa Florestas, p.80, 2001. (Embrapa Florestas. Documentos, 65).

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

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

RESENDE, M.D.V.; BERTOLUCCI, F.L.G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: POTTS, B.M.; BORRALHO, N.M.G.; REID, J.B.; CROMER, R.N.; TIBBITS, W.N.; RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN – REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2002b. 67p (Documentos 77).

RESENDE, M.D.V.; THOMPSON, R. **Multivariate spatial statistical analysis of multiple experiments and longitudinal data**. Colombo: Embrapa Florestas, 2003. 126p. (Documentos, 90).

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

SCHERER, R. & Rice Tec. IRGA no mundo do híbrido. Híbrido - a nova geração do arroz. **Planeta Arroz**, Cachoeira do Sul, ano V, edição 15, agosto 2005.

RESENDE, M.D.V. **SELEGEN-REML/BLUP; Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 361, p.2007

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

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

SMITH, A.B.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. Centenary review. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v.143, p.449-462, 2005.

VAN VLECK, L.D.; POLLACK, E.J.; BRANFORD, E.A. **Genetics for the animal sciences**. New York: W.H. Freeman, 1987. 391p.

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

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In CONGRSSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., 1998, Belo Horizonte, MG. **Anais...** Sete Lagoas: Embrapa-CNPMS, 1998, p.300-307.

XIE, F. 2008. IRRI's Role in Development Tropic Hybrid Rice. Disponível em: <<http://hrdc.irri.org/imagens/5thHybridRiceSymposiumPresentations?5,%20fangming%20xieirri%27%20role%20developing%20tropc%20hybrid%20rice.pdf>>. Acesso em: 25 jun. 2012.

YUAN, L.P.; YANG, Z.Y.; YANG, J.B. Hybrid rice research in China. In: VIRMANI, S.S (Ed.). **Hybrid Rice technology: new developments and future prospects**. Manila. International Rice Research Institute, 1994, p.143-148.

ANEXOS

AVALIAÇÃO EM VÁRIOS LOCAIS E EM VÁRIOS ANOS (CULTURAS ANUAIS)

Em culturas anuais é comum a realização de experimentação envolvendo vários locais e anos de cultivo. Uma análise completa desses ensaios pode ser realizada adotando-se o modelo 114, o qual considera os três efeitos principais (genótipos, locais e anos), bem como suas interações. Adicionalmente fornece medidas de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos ao longo dos ambientes (locais e anos). Modelos reduzidos podem também ser ajustados empregando-se os modelos 115 (modelo sem ajuste para a interação tripla) ou 54 (modelo sem ajuste para a interação tripla e sem ajuste para a interação genótipos x anos). Também, no próprio modelo 114 podem ser obtidas essas análises reduzidas, bastando para isso declarar o parâmetro $c_{22} = 0$ para se obter análise idêntica à obtida pelo modelo 115 e $c_{21} = c_{22} = 0$ para se obter análise idêntica à obtida pelo modelo 54. Fazendo-se essas declarações pode-se também testar a significância de tais efeitos fazendo-se a análise de deviance via LRT, conforme descrito no tópico 3.

No SELEGEN Windows, os modelos 114 e 115 podem ser encontrados na caixa “Interação com Locais e Anos” da tela principal.

Delineamento em Blocos Completos com Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 114.

Modelo Estatístico

$y = Xf + Zg + Qa + Ti + Wt + e$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), a é vetor dos efeitos da interação de genótipos com anos (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais, t é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Todas as colunas podem ser facilmente montadas fazendo-se as combinações entre os códigos dos efeitos de genótipos, de locais e de anos. A coluna Repetição-Local-Ano é obtida fazendo-se a numeração sequencial das repetições através dos locais e anos.

Interpretação dos Resultados

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vga: variância da interação genótipos x anos.

Vgl: variância da interação genótipos x locais.

Vgla: variância da interação genótipos x locais x anos.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2ga = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos.

$c2gl = c21$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais.

$c2gla = c22$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais x anos.

rgl: correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer ano.

rga: correlação genotípica através dos anos, válida para qualquer local.

rgl_a: correlação genotípica através dos locais, em um dado ano.

rga_l: correlação genotípica através dos anos, em um dado local.

rgl_ma: correlação genotípica através dos locais, para a média de todos os anos.

rga_ml: correlação genotípica através dos anos, para a média de todos os locais.

rgla: correlação genotípica através dos locais e anos.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos

Maximização de Função de Verossimilhança Residual para Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) e Análise de Deviance

Modelos Lineares Mistos com Heterogeneidade de Variância Residual dentro de Tratamentos; Predição Pontual e Intervalar de Efeitos Aleatórios (Valores Genéticos); Cômputo de Resíduos para Análise de Homogeneidade e Normalidade; Autocorrelação Espacial para Análise de Resíduos; Análise Hierárquica para Genética de Populações; Amostragem Genética (Tamanho Efetivo Populacional);

Análise Espacial (em implementação); Análise de Competição e Espacial (em implementação).

O programa atual contempla cerca de 150 modelos de análise e, em termos de experimentação, genética e melhoramento, fornece os seguintes resultados de interesse: BLUP e REML/BLUP para efeitos aditivos, de dominância e genotípicos; Herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas, ganho genético; BLUP sob heterogeneidade de variâncias dentro de tratamentos; Análise de deviância; Delineamentos experimentais: DIC (Delineamento Inteiramente Casualizado), DBC (Delineamento em Blocos ao Acaso), blocos aumentados, látice, linha e coluna; Grupos de experimentos, vários locais e interação genótipo x ambiente; Delineamentos de cruzamento: polinização aberta, controlada (meios irmãos, irmãos germanos, fatorial, dialélico, hierárquico, delineamentos desbalanceados, híbridos); Testes clonais; Uma ou várias populações; Uma ou várias plantas por parcela; Uma ou várias medidas repetidas; Componentes principais genéticos; Análise de agrupamento por valores genotípicos; Divergência genética via valores genotípicos; Índice de seleção multi-características; Tamanho efetivo populacional; Otimização da seleção e restrição na endogamia; Estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos.

O SELEGEN-Reml/Blup foi delineado para maximizar a eficiência global do melhoramento e aborda de forma intrínseca os tópicos mencionados anteriormente, sobrepondo esquema de seleção recorrente, delineamento de cruzamento, delineamento experimental, controle estatístico via covariável, sistema de propagação do material melhorado. Utiliza procedimentos estatísticos de eficiência máxima: procedimentos ótimos de estimação de componentes de variância e de predição de valores genéticos. Os modelos para índice de seleção, componentes principais genéticos e análise de agrupamento genético trabalham no nível genotípico e não no nível fenotípico, conforme realizado tradicionalmente. Meyer e Kirkpatrick (2005) enfatizam a relevância dos componentes principais no nível genético em detrimento do fenotípico.

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento. A experimentação de campo, via de regra, está associada a

desbalanceamento de dados devido a vários motivos tais quais perdas de plantas e parcelas, desiguais quantidades de sementes e mudas disponíveis por tratamento, rede experimental com diferentes números de repetições por experimento e diferentes delineamentos experimentais, não avaliação de todas as combinações genótipo-ambiente, dentre outros. Em função disso e do que foi exposto o procedimento ótimo de avaliação genotípica refere-se ao REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada), também denominado genericamente de metodologia de modelos mistos. Estes procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento conduzindo a estimações e predições mais precisas de parâmetros genéticos e valores genéticos, respectivamente.

O procedimento ótimo de seleção é o BLUP para os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g), dependendo da situação. O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outro índice de seleção combinada, exceto aquele que usa todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (índice multiefeitos, conforme Resende e Higa, 1994), o qual é o próprio BLUP para o caso de dados balanceados (RESENDE e FERNANDES, 1999). O BLUP permite também o uso simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias colheitas. O BLUP individual utiliza todos os efeitos do modelo estatístico, contempla o desbalanceamento, utiliza o parentesco genético entre os indivíduos em avaliação e, considera a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação.

A análise de variância (ANOVA) e análise de regressão foram, durante muito tempo, o principal esteio da análise e modelagem estatística. Entretanto, estas técnicas têm limitação para lidar com dados desbalanceados e com parentesco entre tratamentos. O método REML permite lidar com essa situação permitindo maior flexibilidade e eficiência na modelagem. Tal procedimento foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson em 1971 e hoje constitui-se no procedimento padrão para a análise estatística em uma grande gama de aplicações.

Em experimentos agronômicos e florestais, o REML tem substituído com vantagens o método ANOVA criado pelo cientista inglês Ronald Fisher em 1925. Na verdade, o REML é uma generalização da ANOVA para situações mais complexas.

Para situações simples, os dois procedimentos são equivalentes, mas para as situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA é um procedimento apenas aproximado. O REML é um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos de campo, permitindo desdobrar a variação fenotípica em seus vários componentes genéticos, ambientais e de interação genótipo x ambiente.

O software SELEGEN-Reml/Blup combina os métodos de Takahashi e o método da bifatoração esparsa de Zollenkoff (1973) no algoritmo EM. Portanto, o algoritmo é do tipo SB-EM (SparseBifactorisation/Expectation-Maximisation) e o software é do tipo SB-EMREML. Os métodos de Takahashi e de Zollenkoff foram desenvolvidos na área de Engenharia Elétrica, associados a matrizes de impedância em circuitos elétricos. Os estimadores e preditores empregados no SELEGEN-Reml/Blup encontram-se descritos com detalhes na série de 10 trabalhos publicados pelo autor na Revista de Matemática e Estatística de 1999 a 2006 em São Paulo e também em Resende et al. (1996), Resende (1999; 2000; 2002a; 2004), Resende e Sturion (2001) e Resende e Thompson (2003).

A função de verossimilhança restrita a ser maximizada é dada a seguir. Um modelo linear misto generalizado tem a seguinte forma: $y = X\beta + Z\tau + \varepsilon$ onde:

y: vetor conhecido de observações

β : vetor paramétrico de efeitos fixos, com matriz de incidência X.

τ : vetor paramétrico de efeitos aleatórios, com matriz de incidência Z.

ε : vetor desconhecido de erros.

G: matriz de variância-covariância dos efeitos aleatórios.

R: matriz de variância-covariância dos erros.

O: vetor nulo.

É adequado para análise de experimentos tanto balanceados quanto desbalanceados, conduzindo a eficiência máxima. Não há a necessidade de informar se é balanceado ou não, pois utiliza procedimento matemático e estatístico ótimo e genérico para qualquer situação. Os arquivos a serem analisados devem apresentar extensão “.txt” (texto MS-DOS) com uma linha de cabeçalho. Esta linha é apenas para orientação do usuário, pois é ignorada pelo programa, assim, tal linha pode conter quaisquer nomes.

Em termos estatísticos, os seguintes métodos de análise são executados pelo SELEGEN: Estatística Geral: média, variância, desvio padrão,

coeficiente de variação, máximo, mínimo, curtose, assimetria, covariância, correlação; Análise de Variância: Análise de Covariância e de Correlação; Análise Multivariada: Componentes Principais e Análise de Agrupamento; Modelos Lineares Mistos via REML/BLUP; Modelos Lineares Mistos via REML/GLS; Modelos Lineares Mistos para Medidas Repetidas; Modelos Lineares Mistos para Análise de Múltiplos Experimentos e Interação G x E; Modelos Lineares Mistos com Covariáveis.

Na análise de modelos mistos com dados desbalanceados os efeitos do modelo não são testados via testes F tal como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste cientificamente recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT). Para os efeitos fixos, um teste F aproximado pode ser usado. Um quadro similar ao quadro da análise de variância pode ser elaborado. Tal quadro pode ser denominado de Análise de Deviance (ANADEV) e é estabelecido segundo os seguintes passos:

- (a) obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado;
- (b) obtenção da deviance $D = -2 \log L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado;
- (c) Fazer a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR);
- (d) Testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

Considere como exemplo, o seguinte experimento, conduzido no delineamento de blocos ao acaso com várias plantas por parcela. Tem-se então o seguinte modelo $y = u + g + b + gb + e$, em que g refere-se ao efeito aleatório de genótipos, b refere-se ao efeito fixo de blocos, gb refere-se ao efeito aleatório de parcela e e refere-se ao resíduo aleatório dentro de parcela. A seguinte análise de deviance (ANADEV) pode ser realizada.

Efeito	Deviance	LRT (Qui-quadrado)	Comp.Var.	Coef. Determ.
Genótipos	647.1794	6.5546**	0.032924*	$h2g = 0.0456^*$
Parcela	654.1289	13.5041**	0.068492**	$c2parc = 0.0948^{**}$
Resíduo	-	-	0.6206	$c2res=0.8595$
Modelo Completo	640.6248	-	-	$c2total=1.0000$
Bloco	-	$F = 7.0172^{**}$	-	-

Qui – quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

O software SELEGEN fornece via arquivo com extensão.dev as deviances quando se rodam os modelos com ou sem (basta zerar os coeficientes de determinação $c2$ correspondentes, na tela do SELEGEN) os efeitos a serem testados. De posse dessas deviances torna-se fácil construir a tabela da análise de deviance. No presente exemplo, verifica-se que os efeitos de genótipos e de parcelas são significativos. Conseqüentemente os respectivos componentes de variância são significativamente diferentes de zero assim como os respectivos coeficientes de determinação (herdabilidade dos efeitos genotípicos – $h2g$ e coeficiente de determinação dos efeitos de parcela - $c2parc$, conforme obtidos pelos modelos 1 e 2 do SELEGEN). O fator bloco, considerado de efeito fixo, foi testado via F de Snedecor.

No SELEGEN é também apresentado o desvio padrão da herdabilidade individual. De posse da estimativa da herdabilidade e de seu desvio padrão pode-se também inferir sobre a significância dos efeitos genotípicos e, conseqüentemente, sobre a presença de variabilidade genotípica significativa. Essa é outra forma de avaliar a significância dos efeitos genéticos, além daquela já relatada por meio da análise de deviance via o teste da razão de verossimilhança (LRT).

Componentes de Variância

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

h²_{mc}: herdabilidade da média de genótipo, assumindo ausência de perda de parcelas.

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo ausência de perda de parcelas.

CV_{gi}%: coeficiente de variação genotípica.

CV_e%: coeficiente de variação residual.

CV_r = CV_g/CV_e = coeficiente de variação relativa.

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas.

SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcelas.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança

Valores Genotípicos e Intervalos de Confiança 2. Componentes de Média (BLUP Individual) Seleção de Genótipos

Ordem	Genótipos	g	u + g	Ganho	Nova Média
1	133	0.5969	5.2398	0.5969	5.2398
2	123	0.4809	5.1237	0.5389	5.1817
3	119	0.3555	4.9984	0.4778	5.1206
4	122	0.3344	4.9772	0.4419	5.0848
5	124	0.3032	4.9461	0.4142	5.0570

Em que:

g: efeito genotípico predito.

u + g: média genotípica ou valores genotípicos.

Os valores genotípicos preditos, em conjunto com a estimativa SEP podem ser usados para a obtenção de intervalos de confiança dos valores genotípicos preditos por meio da expressão $(u + g) \pm t \text{ SEP}$, que $t = 1.96$ é o valor tabelado da distribuição t de Student. Isto é realizado pelo SELEGEN e apresentado no arquivo com extensão.fam. Verificando-se a sobreposição desses intervalos de confiança pode-se inferir sobre comparações múltiplas entre genótipos baseando-se em seus

valores genotípicos preditos. Esses resultados são apresentados abaixo, em que LIIC e LSIC referem-se aos limites inferior e superior do intervalo de confiança, respectivamente. Outra forma de verificar a existência diferença significativa entre os genótipos é por meio da diferença mínima significativa dada por $LSD = DMS = 1 .4142$ t $SEP = 1 .4142$ 1 .96 $SEP = 2 .7718$ SEP.

Ordem	Genotipo	u+g	LIIC	LSIC
1	133	5.239	94.9821	5.4977
2	123	5.123	84.8660	5.3817
3	119	4.998	54.7406	5.2563
4	122	4.977	34.7195	5.2351
5	124	4.946	24.6883	5.2040

Verifica-se, pelos resultados acima, que os genótipos 122 e 124 diferem do genótipo 133, visto que seus LSIC são inferiores ao LIIC do genótipo 133.

Com respeito a comparações múltiplas é importante relatar que os testes estatísticos provam apenas diferenças, ou seja, não provam igualdades. Assim, pode-se provar estatisticamente que determinados efeitos genotípicos não são iguais. Mas não se pode provar que determinados efeitos genotípicos são iguais. Pode-se apenas dizer que não se conseguiu provar diferenças entre eles. Assim, genótipos com mesma letra em um teste de comparação múltipla não podem ser tomados como iguais, mas apenas que suas diferenças não puderam ser provadas como estatisticamente significativas, dada a experimentação empregada.

Delineamento em Blocos Completos em Vários Locais e uma Observação por Parcela – Método MHPRVG: Modelo 54.

Essa situação refere-se a uma extensão dos modelos 23 e 25.

Modelo Estatístico

$y = Xr + Zg + Wi + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais (ajusta combinações repetição-

local). Nesse caso, esse vetor contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais. É essencial que as repetições sejam codificadas com diferentes números nos diferentes locais.

Desejando-se ajustar os efeitos de repetições e de locais como aleatórios pode-se empregar o modelo 52, seguindo a sequência de colunas de tal modelo e preenchendo-se toda a coluna de repetições com 1 (onde será ajustada a média geral) e a coluna de blocos com os blocos completos nos vários locais.

Sequência de Colunas no Arquivo de Dados

Local, Parcela, Genótipo, Repetição, Interação, Obs/Parc e Variáveis

Exemplo: Avaliação de 2 variáveis em 2 genótipos em 2 repetições em cada um de 2 locais (repetições 1 e 2 no local 1 e repetições 3 e 4 no local 2).

Local	Parcela	Genótipo	Repetição	Interação	Obs/Parc	Variável
1	1	1	1	11	1	10.3
1	2	2	1	12	1	8.5
1	3	1	2	11	1	8.6
1	4	2	2	12	1	8.7
2	5	1	3	21	1	12.4
2	6	2	3	22	1	5.2
2	7	1	4	21	1	5.3
2	8	2	4	22	1	5.4

A coluna Interação deve codificar combinações local-genótipo. Assim, o código 12 representa local 1 genótipo 2. No Excel, essa codificação pode ser obtida pelo comando A2&C2, quando se tem a codificação de locais na coluna A e de genótipos na coluna C.

Outras codificações similares são também válidas. O arquivo não necessita estar ordenado dessa forma.

Interpretação dos Resultados

1. Componentes de Variância (REML Individual)

Vg: variância genotípica.

Vint: variância da interação genótipo x ambiente.

Ve: variância residual.

Vf: variância fenotípica individual.

$h2g = h2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

$c2int = c2$: coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente.

$h2mg$: herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa.

Acgen: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

rgloc: correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes.

CVgi%: coeficiente de variação genotípica.

CVe%: coeficiente de variação residual.

Média geral do experimento.

Valores Genotípicos