



Bragantia

ISSN: 0006-8705

editor@iac.sp.gov.br

Instituto Agrônômico de Campinas

Brasil

Do Vale, Júlio César; Soares, Plínio César; Oliveira Cornélio, Vanda Maria; Souza Reis, Moizés;
Borges, Vanderley; Barcelos Bisi, Rayane; Alves Soares, Antônio; Fritsche-Neto, Roberto
Contribuição genética na produtividade do arroz irrigado em Minas Gerais no período de 1998 a 2010
Bragantia, vol. 71, núm. 4, 2012, pp. 460-466
Instituto Agrônômico de Campinas
Campinas, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=90825123002>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal

Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

Contribuição genética na produtividade do arroz irrigado em Minas Gerais no período de 1998 a 2010

Júlio César DoVale ^(1*); Plínio César Soares ⁽²⁾; Vanda Maria Oliveira Cornélio ⁽²⁾; Moisés Souza Reis ⁽²⁾; Vanderley Borges ⁽³⁾; Rayane Barcelos Bisi ⁽⁴⁾; Antônio Alves Soares ⁽⁵⁾; Roberto Fritsche-Neto ⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Universidade Federal do Ceará (UFC), Departamento de Fitotecnia, 60021-970 Fortaleza (CE), Brasil.

⁽²⁾ Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), 31170-495 Belo Horizonte (MG), Brasil.

⁽³⁾ Universidade Federal do Acre (UFAC), Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, 69915-900 Rio Branco (AC), Brasil.

⁽⁴⁾ Universidade Federal de Viçosa (UFV), Departamento de Fitotecnia, 36571-000 Viçosa (MG), Brasil.

⁽⁵⁾ Universidade Federal de Lavras (UFLA), Departamento de Agricultura, 37200-000 Lavras (MG), Brasil.

(*) Autor correspondente: juliocvale@gmail.com

Recebido: 1.º/maio/2012; Aceito: 21/dez./2012

Resumo

O objetivo desse estudo foi quantificar o ganho genético para produtividade de grãos do programa de melhoramento do arroz irrigado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2010. Foram utilizados dados dos ensaios comparativos avançados realizados em quatro localidades diferentes de Minas Gerais. Nem todos os locais foram contemplados em todos os anos agrícolas e para estimativas com maior acurácia, utilizou-se o método de modelos mistos. O ganho genético para produtividade de grãos no período considerado foi de 107,42 kg ha⁻¹, o que representou uma proporção de 17,88% da estimativa total do progresso. Esse ganho correspondeu ao aumento de 8,95 kg ha⁻¹ ano⁻¹, ou ainda, aumento de 1,99% em produtividade de grãos por ano. Apesar de o ganho genético ter sido satisfatório, novas alternativas de melhoramento podem ser empreendidas para que o incremento produtivo seja maior nos próximos anos.

Palavras-chave: *Oryza sativa*, progresso genético, obtenção de cultivares, REML/BLUP.

Genetic contribution in yield of irrigated rice in Minas Gerais State between 1998 and 2010

Abstract

The objective of this study was to quantify the genetic gain for grain yield of the breeding program of irrigated rice in Minas Gerais State, Brazil, in the period of 1998 to 2010. For this, data from advanced comparative trials performed in four different sites of Minas Gerais were analyzed. Some sites were not included in all crop years and thus a mixed model methodology was used to obtain more accurate estimates. The genetic gain for grain yield over the period was 107.42 kg ha⁻¹, which represented a proportion of 17.88% of the total progress estimative. This gain corresponds to an increase of 8.95 kg ha⁻¹ yr⁻¹ or even a 1.99% increase in grain productivity per year. Although the genetic gain has been satisfactory, new alternatives may be applied to improve the rice yield in coming years.

Key words: *Oryza sativa*, genetic progress, cultivar development, REML/BLUP.

1. INTRODUÇÃO

O programa de avaliação e seleção de linhagens de arroz irrigado no Estado de Minas Gerais é realizado pela parceria entre a Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), Embrapa Arroz e Feijão e a Universidade Federal de Lavras (UFLA), e constituído pelos Ensaios Comparativos Preliminares (ECPs) e Ensaios Comparativos Avançados (ECAs), que, em geral, denomina-se Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCUs). Na primeira classe de ensaios, são selecionadas as melhores linhagens, para posteriormente serem avaliadas nos ECAs. As informações obtidas nesses ensaios são decisivas para a

identificação das linhagens com potencial para serem liberadas como novos cultivares (ATROCH e NUNES, 2000).

O conhecimento do ganho genético é de fundamental importância em programas de melhoramento, pois permite averiguar seu sucesso, buscar novos métodos que venham a ampliar sua eficácia, orientar futuras ações de pesquisa e reavaliar as estratégias empregadas (SOARES et al., 2005; MENEZES JÚNIOR et al., 2008). Normalmente, estimar o progresso genético em um programa de melhoramento significa verificar a contribuição efetiva do melhoramento genético, na elevação da média dos genótipos selecionados em um ano e testados no ano seguinte (BORGES et al., 2009).

VENCOVSKY et al. (1988) demonstraram que é possível utilizar os dados dos ECAs ou VCUs para estimação dos ganhos genéticos em produtividade de grãos. Neste contexto, diversos estudos foram realizados com arroz e objetivaram estimar os ganhos anuais, como SOARES et al. (1999), BRESEGHELLO et al. (1999), ATROCH e NUNES (2000) e RANGEL et al. (2000). No entanto, a grande maioria de estudos dessa natureza baseia-se em estimativas de quadrados mínimos. Dessa forma, as análises são realizadas com valores fenotípicos que, em virtude dos elevados graus de desbalanceamentos (locais, repetições, anos, genótipos, etc.) e da dinâmica dos programas com a inserção e exclusão de genótipos, inviabilizam a obtenção de estimativas fiéis do verdadeiro valor genético. Assim, métodos mais eficientes que permitam estimar os ganhos de um programa de melhoramento com maior acurácia, são extremamente importantes (BORGES et al., 2009).

Um método atualmente mais eficiente na análise de dados balanceados ou não, é o da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não-viesado (REML/BLUP) (FRITSCHÉ-NETO et al., 2010). Nesse método, efeitos de genótipos são considerados como de efeitos aleatórios e os de mais 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 dos valores genéticos (RESENDE, 2002).

Diante do exposto, objetivou-se quantificar o ganho genético para produtividade de grãos do programa de melhoramento de arroz irrigado do Estado de Minas Gerais, no período de 1998 a 2010.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados os dados dos Ensaio Comparativos Avançados do programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais no período de 1998 a 2010. Os

dados do ano agrícola 2008/2009 não foram considerados na análise, uma vez que o elevado índice pluviométrico (nebulosidade) desse ano reduziu significativamente a produtividade dos genótipos (cultivares e/ou linhagens) avaliados, inviabilizando dessa forma, sua comparação com a das outras safras.

Anualmente, no período mencionado, os genótipos que não tinham bom desempenho eram descartados e substituídos por outros. Os genótipos com bom desempenho foram mantidos em avaliação contínua e, dependendo de seu desempenho anual, poderiam ser avaliados por dois ou mais anos.

Os ensaios foram realizados em quatro localidades distribuídas em diferentes regiões do Estado de Minas Gerais que cultivam arroz irrigado. Contudo, nem todos os locais foram contemplados em todos os anos agrícolas (Tabela 1). O número de ensaios variou de um a quatro, totalizando 28. Anualmente, foram avaliados 25 genótipos, com exceção do ensaio de 1999, quando se avaliaram 26. Assim, ao longo destes 12 anos agrícolas, foram avaliados 102 genótipos.

Todos os ensaios foram instalados em delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por cinco fileiras de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,3 m (5x1,5 m=7,5 m²). Como área útil, foram considerados os 4 m centrais das três fileiras internas (4 x0,9 m=3,6 m²). Os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura para a região (SOARES et al., 2005).

Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, submeteram-se os dados à análise por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP), conforme descrito por RESENDE (2002). Inicialmente, procederam-se as análises de *deviance* para locais dentro de cada ano, considerando o seguinte modelo:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

Tabela 1. Número de ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs), locais e número de genótipos avaliados pelo programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, no período de 1998 a 2010, Minas Gerais, Brasil

Anos	Locais				Número de ensaios	Número de genótipos
	Janaúba	Lambari	Leopoldina	Prudente de Moraes		
1998	1	1	1	1	4	25
1999	1	1	1		3	26
2000	1	1		1	3	25
2001			1	1	2	25
2002	1		1		2	25
2003	1		1		2	25
2004	1		1		2	25
2005			1		1	25
2006	1		1		2	25
2007	1	1	1		3	25
2008	1		1		2	25
2010			1	1	2	25
Total	10	4	11	3	28	102

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

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

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

$$\text{em que, } \lambda_1 = \frac{1 - h_g^2 - h_i^2}{h_g^2} \text{ e } \lambda_2 = \frac{1 - h_g^2 - h_i^2}{h_i^2};$$

onde: h^2 é a herdabilidade no sentido amplo dos genótipos; h_i^2 é o coeficiente de determinação da interação genótipo x local.

Posteriormente, foi realizada a análise de *deviance* global envolvendo todos os anos, considerando o seguinte modelo:

$$y = Xa + Zg + Wu + e$$

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

As equações de modelo misto para a predição de a , g e u equivalem a:

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

$$\text{em que, } \lambda_1 = \frac{1 - h_g^2 - h_u^2}{h_g^2} \text{ e } \lambda_2 = \frac{1 - h_g^2 - h_u^2}{h_u^2};$$

onde: h^2 é a herdabilidade no sentido amplo dos genótipos; h_u^2 é o coeficiente de determinação da interação genótipo x ano.

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos. Estes foram estimados pelo método REML, utilizando o pacote estatístico computacional SELEGEM-REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Para se obter as estimativas do progresso genético, foram usados os valores genotípicos ($\hat{u} + \hat{g}$) obtidos em cada ano de avaliação. Esses valores consistem na previsão dos valores genéticos (\hat{g}) de cada genótipo, considerados como aleatórios, ajustando-os simultaneamente aos efeitos fixos (\hat{u}), para um número desigual de informações de genótipos ao longo dos anos agrícolas. Assim, a flexibilidade do método de modelos mistos permite a obtenção de estimativas mais acuradas, principalmente no caso de dados desbalanceados, como a não avaliação dos genótipos em todos os locais dentro de cada ano (FRITSCH-NEITO et al., 2010).

Após se obter as estimativas dos valores genotípicos, foram estimadas as taxas de substituição genotípica e o progresso genético. Para isso, utilizou-se o aplicativo computacional em genética e estatística GENES (CRUZ, 2006), por meio dos métodos descritas por MORESCO et al. (2004) e VENCOSKY et al. (1988) respectivamente. Pelo primeiro método foram estimadas as taxas dos genótipos incluídos (I), excluídos (E), mantidos (M) e avaliados (T) de um ano para o subsequente, por meios das seguintes equações (em porcentagem),

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

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

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

$$\text{e } \%R = \frac{100I}{M+I}, \text{ em que:}$$

I = número de genótipos incluídos no ano subsequente; E = número de genótipos excluídos no ano anterior e M = número de genótipos mantidos de um ano para o outro. Pelo segundo método, a estimativa do ganho genético foi obtida pelo contraste entre a média de todos os genótipos de um dado ano e a do ano anterior. Deste contraste, subtraiu-se o efeito do ano, estimado pela diferença entre a média do grupo de genótipos comuns nesses dois anos consecutivos. Assim, considerando-se dois anos consecutivos, o ganho genético é estimado pela diferença genética, conforme a expressão $gd_{21} = td_{21} - ed_{21}$, em que: $td_{21} = (Y_2 - Y_1)$ é a diferença total entre a média de todos os genótipos avaliados no ano 2 e a média dos genótipos avaliados no ano 1, representadas por Y_2 e Y_1 respectivamente; $ed_{21} = (\bar{Y}_{(21)2} - \bar{Y}_{(21)1})$ é a diferença ambiental entre as médias dos grupos de genótipos avaliados nos anos 2 e 1 representada por $\bar{Y}_{(21)2}$ e $\bar{Y}_{(21)1}$ respectivamente.

O aumento em produtividade foi estimado por meio da melhoria dos genótipos avaliados e das condições ambientais, com base em "a" anos e "a-1" diferenças genéticas e ambientais entre cada par de anos avaliados. A soma de todos os valores de gd e ed representam o acréscimo em produtividade no período considerado no estudo, sendo o resultado da melhoria genotípica e ambiental. Para obter

o aumento na média por ano, o progresso acumulado foi dividido pelo número de anos do período considerado. Essa última estimativa dividida pela média geral do experimento do primeiro ano (média de referência) e multiplicada por 100, forneceu o ganho genético anual médio em porcentagem (VENCovsky et al., 1988).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os genótipos diferiram significativamente, pela análise de *deviance*, para produtividade de grãos na maioria dos locais avaliados em cada ano, com exceção dos avaliados em 2010 (Tabela 2). Nesses genótipos, observou-se comportamento diferencial quando submetidos às várias localidades do Estado de Minas Gerais, evidenciado pelo efeito significativo das interações genótipo x local e genótipo x ano. Este fato indica que a seleção deve ser realizada em cada ambiente específico, uma vez que quando se constata esse tipo de interação pode ocorrer alteração na classificação dos genótipos de um local para outro. A interação genótipo x local só não foi significativa para os anos de 2001, 2005 e 2010. Em específico para 2005, apenas realizou-se ensaio em Leopoldina, o que inviabilizou a estimativa do componente da interação. Os ensaios de 2001 e 2010 foram realizados nos mesmos locais, Leopoldina e Prudente de Moraes. Para isso, podem ser levantadas duas hipóteses: (a) por estar situadas na Zona da Mata Mineira, provavelmente as condições de ambas as localidades foram similares nesses dois anos, não permitindo detectar a significância da interação genótipo x local; (b) pelo fato de se ter eliminado, mantido e renovado genótipos durante o período considerado, é possível que os genótipos avaliados em 2001 e 2010 não tenham respondido significativamente às alterações do ambiente, o que resultou na não significância da interação. Contudo, em geral, os

locais utilizados foram suficientemente contrastantes para identificar a variabilidade genética entre os genótipos, constatada pela significância na grande maioria dos anos avaliados, comprovando que a escolha deles foi eficaz para representar a diversidade edafoclimática em Minas Gerais.

Com relação à análise de *deviance* global, ou seja, dos ensaios ao longo dos anos (Tabela 2), verificou-se efeito significativo para genótipo bem como para interação genótipo x ano. Neste contexto, é possível constatar que a seleção foi viável ao longo dos anos avaliados o que permitiu a obtenção de ganhos genéticos.

De forma geral, a produtividade média de grãos dos genótipos avaliados de 1998 a 2010 aumentou, principalmente nos cinco primeiros anos (Figura 1), o que reitera o ganho em produtividade estimado para o programa durante o período em estudo. A oscilação observada no período de avaliação pode ser decorrente das mudanças, a cada ano, no grupo de genótipos avaliados. Assim, um grupo avaliado em um determinado ano pode responder diferentemente do grupo avaliado no ano anterior ou subsequente. Outra

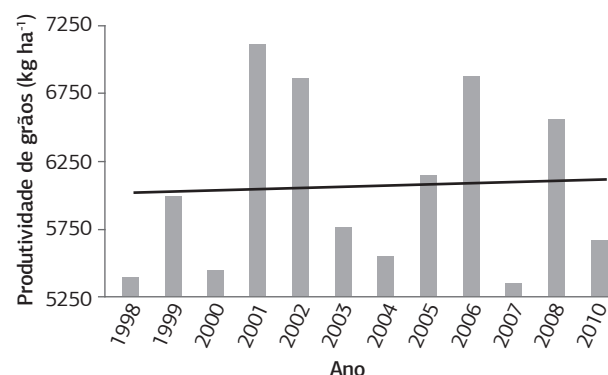


Figura 1. Regressão linear entre produtividade de grãos e ano de avaliação de genótipos do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, no período de 1998 a 2010, Minas Gerais, Brasil.

Tabela 2. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT)¹ para os efeitos de genótipo e das interações genótipo x local e genótipo x ano, estimativas de herdabilidade no sentido amplo (I^2), médias e coeficientes de variação dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, no período de 1998 a 2010, Minas Gerais, Brasil

Efeitos	Produtividade (kg ha ⁻¹)											
	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2010
Genótipo ⁽¹⁾	116,79***	15,45***	100,28***	8,74***	53,05***	4,8**	27,38***	26,67***	2,52*	15,2***	13,18***	0,08 ^{ns}
Genótipo x Local ⁽¹⁾	10,38***	26,18***	35,79***	0 ^{ns}	5,18**	12,01***	3,33*	0 ^{ns}	6,46**	59,99***	14,56***	0 ^{ns}
h^2_g	0,34	0,05	0,35	0,13	0,34	0,008	0,29	0,31	0,007	0,03	0,08	0,01
Média	5387	5980	5436	7097	6847	5756	5545	6136	6862	5348	6551	5661
CV(%)	15,06	14,54	13,19	11,19	9,23	12,86	12,62	8,52	13,90	14,19	11,89	16,03
Efeitos	Produtividade (kg ha ⁻¹)											
Genótipo ⁽¹⁾	341,68***											
Genótipo x Ano ⁽¹⁾	27,87***											
h^2_g	0,21											
Média	5870											
CV(%)	15,24											

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

explicação pode ser embasada no diferenciado número de ambientes avaliados, uma vez que, em geral, as estimativas de rendimentos foram maiores quando se avaliaram os genótipos em um número reduzido de locais e menores quando os genótipos foram avaliados em mais ambientes. Com base nestes resultados e procurando obter estimativas de maior confiabilidade, será mobilizado o máximo de recursos para que nas avaliações futuras os genótipos sejam avaliados em pelo menos três locais.

Neste trabalho, foram estimados os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo em nível de média de locais, onde ocorreram estimativas de baixa a moderada magnitude. Esse fato decorre, principalmente, da interação linhagens x locais ter sido significativa, em razão dos efeitos de ambientes contrastantes, que proporcionam “redução” da variância genética média e, consequentemente, estimativas de herdabilidade de menor magnitude. Outro fator que deve ser considerado, é que essas herdabilidades foram estimadas por meio de equações de modelos mistos, os quais geram estimativas de menor magnitude, próximas aos valores reais desses parâmetros (BORGES et al., 2009). Além disso, a produtividade de grãos é um caráter quantitativo, isto é, controlada por vários genes de pequeno efeito e altamente influenciada pelo ambiente (FALCONER, 1981). Assim, as baixas magnitudes das estimativas observadas no presente trabalho, podem ser devidas aos efeitos contrastantes dos ambientes avaliados, evidenciados pela presença das interações genótipo x local significativas ao longo dos anos. Todavia, tanto os coeficientes de herdabilidade como os de variação experimental (CV) estão dentro do observado para estudos com a cultura do arroz (MORAIS et al., 1997; CORDEIRO, 2008), o que indica boa precisão experimental e confiabilidade das estimativas.

A dinâmica de um programa de melhoramento é quantificada pela taxa média de substituição genotípica, composta pelas taxas de inclusão, exclusão, manutenção e renovação, mensurada entre um ano de avaliação e outro (CRUZ e CARNEIRO, 2003). A taxa média de renovação no período considerado (1998 a 2010) foi de 29% (Tabela 3). BRESEGHELLO et al. (1999) estimaram o ganho em produtividade de grãos de arroz irrigado para a Região Nordeste do Brasil e observaram uma taxa de 27%, enquanto SOARES et al. (1999), em Minas Gerais, e ATROCH e NUNES (2000), no Amapá, constatarem taxas de 44% e 46% respectivamente. Entre as linhagens modernas, as diferenças de produtividade a serem detectadas são cada vez mais estreitas. Assim, levando em consideração esse fato e comparando as taxas observadas no presente trabalho com as de outros estudos, verifica-se certo grau de similaridade. Este fator é um indicativo da contribuição do programa de melhoramento em termos de liberar cultivares, contribuindo com novas opções de cultivo para os agricultores. De fato é o que ocorre, pois o programa de melhoramento de arroz irrigado do Estado de Minas Gerais lança nova cultivar em um intervalo médio de dois anos.

A taxa média de manutenção observada no programa no período considerado foi de 58% (Tabela 3), o que possibilita boa estimativa da variação do ambiente entre os anos de avaliação, uma vez que o efeito do ambiente é função do contraste entre os genótipos comuns nos diferentes anos considerados (ATROCH e NUNES, 2000). Assim, quanto maior o número de linhagens comuns a cada par de anos, mais acurada será a estimativa do efeito ambiental e, consequentemente, dos ganhos genéticos obtidos (VENCovsky et al., 1988). Neste contexto, em geral, o número de linhagens comuns entre um ano e outro foi superior a 50%, constatado pela relação entre o número de linhagens avaliadas (T) e mantidas (M), com exceção para os anos de 1999 e 2000 (Tabela 4). SOARES et al. (1999) avaliaram o progresso genético em arroz de sequeiro e ATROCH e NUNES (2000) em arroz irrigado e observaram taxas de manutenção de 56% e 38% respectivamente. Esses autores reportaram que taxas com essa magnitude permitem obter estimativas com alta acurácia do efeito ambiental, pois os efeitos provenientes do erro experimental e da interação genótipo x ano são, por consequência, reduzidos. Esses resultados atrelados às maiores estimativas de produtividade das linhagens substituídas (Tabela 4) evidenciam que o programa de melhoramento de arroz irrigado de Minas Gerais foi desenvolvido de forma correta e eficaz.

De acordo com método proposto por VENCovsky et al. (1988), o cálculo do progresso genético pelas metodologias anteriores a essa, é perfeitamente passível de críticas. Segundo esses autores, o ideal seria a instalação dos ensaios em diferentes localidades, durante alguns anos e, com sementes renovadas de todas as linhagens obtidas pelo programa. Contudo, essas alternativas envolveriam custos adicionais altos e seria difícil de ser realizada, uma vez que muitos genótipos são descartados durante o processo de melhoramento. Também, a abordagem proposta por MORESCO et al. (2004) reflete condições de campo mais reais, ou seja, considera-se que, anualmente, certo número de cultivares é recomendado, mas apenas alguns

Tabela 3. Taxa de substituição de genótipos (%) dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, no período de 1998 a 2010, Minas Gerais, Brasil

Anos	Inclusão	Exclusão	Manutenção	Renovação
1999/1998	31	28	42	42
2000/1999	37	39	24	60
2001/2000	36	36	28	56
2002/2001	0	0	100	0
2003/2002	19	19	61	24
2004/2003	29	29	43	40
2005/2004	22	22	56	28
2006/2005	11	11	79	12
2007/2006	11	11	79	12
2008/2007	17	17	67	20
2010/2009	19	19	61	24
Média	21	21	58	29

agricultores os adotam, enquanto a maioria prefere usar a mesma cultivar utilizada em anos anteriores. Neste contexto, métodos alternativos, como o REML/BLUP usado neste trabalho, devem ser sempre investigados.

No processo de estimar o progresso genético e o ambiental, observou-se que as magnitudes das diferenças brutas, devido às diferenças genéticas e ambientais, variaram consideravelmente de um ano para o outro (Tabela 5). A variação das diferenças brutas foi fortemente associada com as diferenças dos efeitos ambientais entre os anos. Esse fato, provavelmente, ocorreu devido à maior ou menor importância dos efeitos ambientais durante o mesmo par de anos (CARGNIN et al., 2008). De acordo com estes autores, a condição climática (ambiental) é o principal fator que determina a variação média de produtividade de grãos entre os anos.

As diferenças genéticas anuais também variaram consideravelmente, oscilando de -256,04 a 299,86 (Tabela 5). No entanto, observou-se que as diferenças na média de produtividade de grãos devido aos efeitos genéticos (ganhos genéticos) foram positivas em praticamente todos os anos. Este resultado pode ser confirmado pela superioridade das médias por ano das linhagens avaliadas em relação às excluídas. Além disso, o lançamento de várias cultivares durante o período considerado pode comprovar a eficiência do programa.

O progresso total, isto é, o ganho genético e ambiental do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais entre 1998 e 2010 foi 600,85 kg ha⁻¹. O ganho genético nesse período foi de 107,42 kg ha⁻¹, o que representa uma proporção de 17,88% da estimativa total do progresso. Esse ganho corresponde a um aumento de 8,95 kg ha⁻¹ ano⁻¹ obtido pelo melhoramento genético e, de acordo com o método aplicado, representa aumento de 1,99% em produtividade de grãos por ano, quando comparada à média obtida no ano referência de 1998. Esse ganho é muito próximo aos observados por SOARES et al. (1999), em arroz de sequeiro, os quais verificaram progresso genético em Minas Gerais de 1,6% por ano; BRESEGHELLO et al.

(1999) observaram ganho genético de 0,77% ao ano, em arroz irrigado no Nordeste no Brasil e ATROCH e NUNES (2000) constataram também, em arroz irrigado, o aumento de 2,45% por ano no Amapá. Assim, verifica-se que os ganhos obtidos por esse programa estão no mesmo patamar dos alcançados por outros programas para a cultura no Brasil.

Os ganhos genéticos foram de médios a baixos, devido, provavelmente, a diversos fatores, dentre estes, é possível citar: (a) o grau de parentesco entre as linhagens testadas, uma vez que grande parte delas é originada de cruzamentos entre poucos genitores. Assim, deve-se aumentar a base genética do programa, por meio da introdução de novos materiais; (b) a seleção ter sido realizada com base na média de locais, mesmo na presença interação

Tabela 5. Ganhos genéticos anuais e balanço do ganho genético do programa de avaliação e seleção de linhagens do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, no período de 1998 a 2010, Minas Gerais, Brasil

Anos	DB	DA	DG
1999/1998	592,02	436,20	155,82
2000/1999	-543,34	-287,30	-256,04
2001/2000	1660,68	1360,82	299,86
2002/2001	-249,64	-249,64	0,00
2003/2002	-1091,44	-1085,16	-6,28
2004/2003	-211,00	-191,47	-19,53
2005/2004	591,48	411,39	180,09
2006/2005	725,60	659,68	65,92
2007/2006	-1514,04	-1521,68	7,64
2008/2007	1203,68	1184,50	19,18
2010/2009	-890,28	-943,79	53,51
Ganhos	Média por período (kg ha ⁻¹)	Proporção (%)	Média por ano (kg ha ⁻¹ ano ⁻¹)
Genético	107,42	17,88	8,95
Ambiental	493,43	82,12	41,12
Total	600,85	100	50,08

DB: diferença bruta; DA: diferença ambiental; DG: diferença genética (ganho genético).

Tabela 4. Número de linhagens e produtividade (kg ha⁻¹) das linhagens novas, mantidas, excluídas e avaliadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs) do programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais, no período de 1998 a 2010, Minas Gerais, Brasil

Anos	I	M	E	T	MI	MM	ME	MT
1998	0	15	10	25	0	5549	5145	5387
1999	11	10	16	26	5971	6006	5963	5979
2000	15	11	14	25	5248	5714	5218	5436
2001	14	25	0	25	7114	7097	0	7097
2002	0	19	6	25	0	6877	6838	6847
2003	6	15	10	25	5766	5757	5753	5756
2004	10	18	7	25	5513	5724	5084	5545
2005	7	22	3	25	6138	6200	5667	6136
2006	3	22	3	25	6876	6864	6846	6862
2007	3	20	5	25	5388	5354	5323	5348
2008	5	19	6	25	6603	6605	6382	6551
2010	6	25	0	25	5662	5661	0	5661

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

genótipo-ambiente significativa. Nesse contexto, a seleção para locais específicos é uma alternativa para maximizar a resposta à seleção, capitalizando os efeitos da interação genótipo-ambiente. c) o número limitado de ensaios (locais) em alguns anos deve ter influenciado as estimativas. Assim, deve-se realizar uma estratificação ambiental e aumentar o número de locais de avaliação em cada região de cultivo, visando à seleção mais acurada e para locais específicos; d) baixa intensidade de seleção e de substituição de materiais, o que pode ser facilmente contornado por meio dos ajustes nos critérios de seleção.

4. CONCLUSÃO

O ganho genético observado no período de 1998 a 2010 para o programa de melhoramento de arroz em Minas Gerais foi superior a 100 kg ha⁻¹. Apesar de satisfatório, novas alternativas de melhoramento podem ser empreendidas para que o incremento produtivo seja ainda maior nos próximos anos.

AGRADECIMENTOS

À Fapemig e ao CNPq, pelo aporte financeiro aos projetos de pesquisa dentro do programa de melhoramento de arroz irrigado da Epamig e pela concessão de bolsas de iniciação científica e de produtividade em pesquisa.

REFERÊNCIAS

- ATROCH, A.L.; NUNES, G.H.S. Progresso genético em arroz de várzea úmida no Estado do Amapá. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.35, p.767-771, 2000.
- 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 Brasileira de Biometria*, v.27, p.478-490, 2009.
- BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P.H.N.; MORAIS, O.P. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.34, p.399-407, 1999.
- CARGNIN, A.; SOUZA, M.A.; FRONZA, V. Progress in breeding of irrigated wheat for the Cerrado region of Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.8, p.39-46, 2008.
- CORDEIRO, A.C.C. Métodos de melhoramento genético de arroz irrigado. Embrapa Roraima: Boa Vista, 2008. 65p. (Documentos 06)
- CRUZ, C.D. Programa Genes: Versão Windows - Biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006. 381p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético II. Viçosa: Editora UFV, 2003. 585p.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. 2.ed. London/New York: Longmans Green, 1981. 279p.
- FRITSCHÉ-NETO, R.; GONÇALVES, M.C.; VENCOSKY, R.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.10, p.32-39, 2010.
- MENEZES JÚNIOR, J.A.N.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. *Bragantia*, v.67, p.833-838, 2008.
- MORAIS, O.P.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; NEVES, P.C.F. Estimação de parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4/0/3. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.4, p.421-433, 1997.
- MORESCO, E.R.; FONSECA Jr., N.S.; FREIRE, E.C. Genetic gain of cotton yield in Mato Grosso State, Brazil. *Beltwide Cotton Conference Proceedings*. v.1, p.1100-1102, 2004.
- RANGEL, P.H.N.; PEREIRA, J.A.; MORAIS, O.P.; GUIMARÃES, E.P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.35, p.1595-1604, 2000.
- RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 2002. 975p.
- RESENDE, M.D.V. SELEGEM-REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Brasília: Editora Colombo/Embrapa Florestas, 2007. 371p.
- SOARES, A.A.; SANTOS, P.G.; MORAIS, O.P.; SOARES, P.C.; REIS, M.S.; SOUZA, M.A. Progresso genético obtido pelo melhoramento do arroz de sequeiro em 21 anos de pesquisa em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.34, p.415-424, 1999.
- SOARES, P.C.; MELO, P.G.S.; MELO, L.C.; SOARES, A.A. Genetic gain in an improvement program of irrigated rice in Minas Gerais. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.5, p.142-148, 2005.
- VENCOSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 16., 1986, Belo Horizonte. Anais... Sete Lagoas: Embrapa CNPMS, 1988. p.300-307.