

PAULO HENRIQUE RAMOS GUIMARÃES

**PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM ARROZ IRRIGADO
ESTIMADOS POR MÉTODO DE ANÁLISE ESPACIAL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientadora:

Prof^a Dr^a Patrícia Guimarães Santos Melo

Coorientador:

Dr. Orlando Peixoto de Moraes

Goiânia, GO - Brasil
2014

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação na (CIP)
GPT/BC/UFG**

G963p Guimarães, Paulo Henrique Ramos.
Parâmetros genéticos e fenotípicos em arroz irrigado
estimados por método de análise espacial [manuscrito] /
Paulo Henrique Ramos Guimarães. - 2014.
76 f. : il.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo;
Co-orientador: Dr. Orlando Peixoto de Moraes
Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Goiás,
Escola de Agronomia, 2014.
Bibliografia.
1. Arroz – Irrigação – Análise espacial 2. Arroz –
Melhoramento genético I. Título.

CDU: 633.18

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR AS TESES E DISSERTAÇÕES ELETRÔNICAS (TEDE) NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou *download*, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

1. Identificação do material bibliográfico: **Dissertação** **Tese**

2. Identificação da Tese ou Dissertação

Autor (a):	Paulo Henrique Ramos Guimarães		
E-mail:	paulohenriquerg@hotmail.com		
Seu e-mail pode ser disponibilizado na página?	<input checked="" type="checkbox"/> Sim	<input type="checkbox"/> Não	
Vínculo empregatício do autor	Mestrando		
Agência de fomento:	Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior	Sigla:	CAPES
País:	Brasil	UF:	GO
CNPJ:			
Título:	Parâmetros genéticos e fenotípicos em arroz irrigado estimados por método de análise espacial		
Palavras-chave:	BAF, análise espacial, Papadakis, precisão experimental, técnicas experimentais, repetibilidade, coeficiente de determinação.		
Título em outra língua:	Genetic and phenotypic parameters in rice crop estimated by method of spatial analysis.		
Palavras-chave em outra língua:	BAF, spatial analysis, Papadakis, experimental precision, experimental techniques, repeatability, coefficient of determination.		
Data defesa: (dd/mm/aaaa)	28/02/2014		
Programa de Pós-Graduação:	Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas		
Orientadora:	Prof ^a . Dr ^a . Patrícia Guimarães Santos Melo		
CPF:	753.829.976-91	E-mail:	pgsantos@gmail.com
Co-orientador:*	Dr. Orlando Peixoto de Moraes		
CPF:	093.827.631-04	E-mail:	orlando.morais@embrapa.br


*Necessita do CPF quando não constar no SisPG

3. Informações de acesso ao documento:

Concorda com a liberação total do documento SIM NÃO¹

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF ou DOC da tese ou dissertação.

O sistema da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações garante aos autores, que os arquivos contendo eletronicamente as teses e ou dissertações, antes de sua disponibilização, receberão procedimentos de segurança, criptografia (para não permitir cópia e extração de conteúdo, permitindo apenas impressão fraca) usando o padrão do Acrobat.


Assinatura do (a) autor (a)

Data: 04 / 08 / 2014

¹ Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

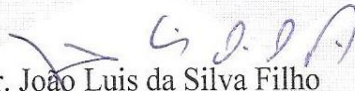
PAULO HENRIQUE RAMOS GUIMARÃES

TÍTULO: “Parâmetros genéticos e fenotípicos em arroz irrigado estimados por método de análise espacial”.

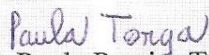
Dissertação DEFENDIDA em 28 de Fevereiro de 2014, e APROVADA pela Banca Examinadora constituída pelos membros:



Prof.ª. Dr.ª. Patrícia Guimarães Santos Melo
Orientadora – EA/UFG



Dr. João Luis da Silva Filho
Embrapa Algodão



Dr.ª. Paula Pereira Torga
Embrapa Arroz e Feijão



Dr. Orlando Peixoto de Moraes
Embrapa Arroz e Feijão

Goiânia - Goiás
Brasil

A todos os brasileiros que por meio de seus impostos sustentam o desenvolvimento educacional do nosso país, e a toda comunidade científica, que com recursos escassos promove o avanço e desenvolvimento tecnológico do nosso país.

OFEREÇO

*Aos meus pais, Maria das Graças e Adelino,
que são exemplo de determinação e amor,
e que não pouparam esforços em me mostrar
o quão importante e eterno é o estudo,
uma riqueza que ninguém poderá retirá-la de mim.*

DEDICO

A todos deixo a reflexão:

Você não pode ligar os pontos olhando para frente, só pode ligá-los olhando para trás, é preciso crer que de alguma forma os pontos se ligarão no futuro.

Você precisa confiar em algo: Deus, destino, vida ou carma, não importa, pois acreditar que os pontos se ligarão estrada afora te dará a confiança para seguir seu coração, mesmo que ele te leve para longe do caminho esperado e isso fará toda a diferença.

Às vezes a vida te acerta na cabeça com um tijolo, não perca a fé.

Você tem de encontrar aquilo que ama isso vale tanto para o trabalho, quanto, para as pessoas.

Seu trabalho preencherá grande parte da sua vida, e o único jeito de estar verdadeiramente satisfeito é fazer o que acredita ser um excelente trabalho, e um excelente trabalho só nasce do amor pelo que se faz.

Tenha a coragem de seguir seu coração e intuição de alguma maneira, eles já sabem o que você realmente quer se tornar.

*Steve Jobs
(1955-2011)*

AGRADECIMENTOS

A Deus pertence os meus caminhos, a minha vida, o meu esforço e trabalho, obrigado pelo dom da vida, amor eterno, proteção e amparo, pois graças à certeza de sua existência, consegui chegar até onde estou com muita perseverança.

A Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos - UFG e à Embrapa Arroz e Feijão, pela oportunidade de aquisição de conhecimentos valiosos e construção de uma formação profissional sólida.

A professora Dr^a Patrícia Guimarães Santos Melo, por sua dedicação, amizade, empenho e paciência na minha orientação, por sua contribuição com críticas e sugestões no aprimoramento do trabalho dissertativo. E por ser uma profissional ímpar no exercício de sua profissão.

A todos os pesquisadores da Embrapa Arroz e Feijão, principalmente ao meu coordenador Dr. Orlando Peixoto de Moraes, pela orientação, amizade, confiança, incentivo e pelo exemplo de profissionalismo.

Ao Professor Dr. Lindolfo Storck, da Universidade Federal de Santa Maria pelos ensinamentos e auxílio nas análises estatísticas, além da presteza, dedicação e incentivo.

A todos os docentes do programa de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas da UFG, pelos ensinamentos, pelo exemplo de competência e profissionalismo, em especial ao professor Dr. João Batista Duarte, pelas críticas fornecidas durante o curso e pelo profissionalismo e dedicação.

Aos pesquisadores Dr^a Tereza Cristina de Oliveira Borba, e Dr^a Paula Pereira Torga e ao Dr. José Manoel Colombari Filho, e aos assistentes e técnicos da Embrapa, em especial Lucimar, Leandro Pimenta, João Batista, João Crispim, Ana Lúcia, Reginaldo Bastos, Luana Rodrigues e a todos que direta ou indiretamente estiveram envolvidos com as atividades de pesquisa, auxiliando nos experimentos, dando sugestões, que em muito somaram ao meu conhecimento.

Aos meus amigos Paulo Sérgio e Leandro pelo incentivo, companheirismo e sinceridade

Aos meus colegas e amigos de pós-graduação pelo companheirismo e troca de experiências, especialmente ao Odilon Peixoto, Miriam Vidotti, Saulo Muniz, Rodrigo

Branquinho, Bruna Alícia, Juliana Alencar, Jordene Aguiar, Luís Henrique, Paula Camylla, Poliana Alves, Yoná Mascarenhas e vários outros.

A todos os funcionários da UFG, pela dedicação, profissionalismo e respeito aos acadêmicos, em especial a secretária Jéssica Almeida, e ao funcionário da copiadora João Luís pela presteza e dedicação.

Aos estagiários do campo experimental Fazenda Palmital da Embrapa Arroz e Feijão, Kaio Augusto e João Batista pelo companheirismo e cooperação durante o trabalho.

Aos pesquisadores de outras unidades da Embrapa pela valiosa colaboração na condução dos ensaios a campo em seus locais de origem.

Aos pesquisadores que aceitaram o convite para pertencerem à banca de avaliação deste trabalho, pela disposição e empenho, trazendo consigo enriquecedoras sugestões.

Aos meus pais Maria das Graças e Adelino, pela confiança, exemplo de determinação, pelo apoio e incentivo nos momentos que mais precisei. A minha irmã Polyana, pelo incentivo e apoio.

A todas as pessoas que, de algum modo, contribuíram para a realização deste projeto.

Muito Obrigado

SUMÁRIO

RESUMO	10
ABSTRACT	11
1 INTRODUÇÃO	12
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1 IMPORTÂNCIA SÓCIOECONÔMICA DO ARROZ	14
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO ARROZ IRRIGADO	15
2.3 IMPORTÂNCIA DA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS	18
2.4 SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DE PLANTAS AUTÓGAMAS	20
2.5 USO DA ANÁLISE ESPACIAL EM EXPERIMENTOS	24
3 MATERIAL E MÉTODOS	32
3.1 MATERIAL GENÉTICO	32
3.2 DADOS EXPERIMENTAIS	32
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS	34
3.3.1 Estimação dos componentes de variância segundo o modelo de blocos aumentados de Federer	34
3.3.2 Estimação dos componentes de variância segundo o método de Papadakis	38
3.3.3 Comparação entre os modelos	41
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4.1 PRODUÇÃO DE GRÃOS (PG)	46
4.1.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	48
4.2 ALTURA DE PLANTAS (AP)	54
4.2.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	55
4.3 RESPOSTA ESPERADA À SELEÇÃO DIRETA E RESPOSTA CORRELACIONADA	60
5 CONCLUSÕES	64
6 REFERÊNCIAS	65

RESUMO

GUIMARÃES, P. H. R. **Parâmetros genéticos e fenotípicos em arroz irrigado estimados por método de análise espacial**. 2014. 76 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.¹

Alguns métodos de análise espacial têm sido aplicados objetivando reduzir a variação ambiental. O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência da análise espacial, por meio do método de Papadakis, em relação ao delineamento de blocos aumentados de Federer na correção da variação ambiental. Foram avaliadas 198 progênies $S_{0:2}$ de arroz irrigado e quatro testemunhas no delineamento de blocos aumentados de Federer. Os caracteres avaliados foram: produção de grãos (PG, kg ha^{-1}) e de altura de plantas (AP, cm). Foi efetuada análise de variância para os caracteres estudados e estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos. As diferentes abordagens (BAF e Papadakis) foram comparadas quanto às suas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e correlação de Spearman. Houve melhorias nas estatísticas que retratam a precisão experimental quando a análise espacial foi utilizada, isto influenciou as estimativas de parâmetros genéticos e fenótipos. O uso do método de Papadakis apresentou a necessidade de uso de menor número de repetições em relação ao BAF para o mesmo valor de R^2 . Houve ganho de seleção direto para os caracteres AP e PG quando o método de Papadakis foi utilizado. Com o uso da análise espacial a seleção foi menos influenciada pelo efeito da variação ambiental. Por fim verificou-se que o método de Papadakis foi eficiente na remoção dos efeitos ambientais, indicando que o mesmo pode proporcionar melhoria na precisão experimental, o que torna o processo seletivo mais eficiente.

Palavras-chave: BAF, análise espacial, Papadakis, precisão experimental, técnicas experimentais, repetibilidade, coeficiente de determinação.

¹ Orientadora: Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG
Coorientador: Dr. Orlando Peixoto de Moraes. Embrapa Arroz e Feijão

ABSTRACT

GUIMARÃES, P. H. R. Genetic and phenotypic parameters in rice crop estimated by method of spatial analysis. 2014. 76 f. Dissertation (Master's Degree in Genetic and Plant Breeding) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.²

Some spatial analysis methods have been applied in order to mitigate environmental variation. The objective of this study was to evaluate the efficiency of spatial statistical, through the method of Papadakis, relative to the analysis to augmented blocks Federer in the correction of environmental variation. Were evaluated 198 progenies $S_{0.2}$ of rice and four witnesses for augmented blocks of Federer. Data set were taken in the grain yield (GY, kg ha^{-1}) and plant height (PH, cm). The data set were subjected to variance analyses and were estimated the genetic and phenotypic parameters. The different approaches (BAF and Papadakis) were compared as to their estimates of genetic and phenotypic parameters. The ranking of adjusted means in the two models analyzed was performed, and calculated the Spearman correlation. There have been improvements in the statistics that depict the experimental accuracy when the spatial analysis was, that affect the estimates of genetic and phenotypic parameters. The use of the Papadakis method yielded fewer iterations compared to BAF for the same value of R^2 . Was able to gain direct selection for the AP and PG characters when the Papadakis method was used. With the use of spatial analysis selection was less influenced by the effect of environmental variation. Finally it was found that the spatial analysis methods were effective in the removal of environmental effects highlighting the Papadakis method, indicating that it can provide improvement in experimental precision, which makes the selection process more efficient.

Key words: BAF, spatial analysis, Papadakis, experimental precision, experimental techniques, repeatability, coefficient of determination.

² Adviser: Prof^a. Dr^a. Patrícia Guimarães Santos Melo. EA-UFG
Co-Adviser: Dr. Orlando Peixoto de Moraes. Embrapa Arroz e Feijão

1 INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um alimento básico para aproximadamente metade da população mundial (FAO, 2013a). No Brasil, juntamente com o feijão, desempenha importante papel como componente da cesta básica, sendo essencial nos estratos mais carentes da população, mas também é consumido de forma ampla nos estratos sociais de maior renda e em todas as faixas etárias, fazendo parte da cultura e tradição brasileira (Ferreira et al., 2005). Somado à sua versatilidade de formas de preparo e aplicações tecnológicas, incluindo seus subprodutos, traduz-se em um produto de grande interesse tecnológico (Bassinello & Naves, 2006).

A produção brasileira é obtida em dois sistemas de cultivo: várzeas e terras altas, respondendo aproximadamente por 84% e 16% da produção nacional, respectivamente (Wander & Silva, 2013; Brasil, 2013). O arroz irrigado é cultivado no Brasil em duas principais regiões: o Sul do país e as várzeas tropicais do Centro-Oeste, Norte e Nordeste. O cultivo nas áreas tropicais é relevante devido ao potencial de expansão da produção, inclusive com a possibilidade de dois cultivos por ano (Guimarães et al., 2006).

É inegável a contribuição do melhoramento de plantas no desenvolvimento de cultivares mais produtivas, resistentes a doenças e de melhor qualidade de grãos. Contudo, para se continuar obtendo sucesso com o melhoramento, o desafio é cada vez maior, pois as diferenças a serem detectadas entre as unidades de avaliação são gradativamente menores (Souza, 1997; Breseghello et al., 1999). Dentro deste contexto, a experimentação agrícola tem um papel de destaque e a utilização de técnicas experimentais cada vez mais refinadas faz-se necessária (Souza, 1997). A escolha criteriosa do delineamento, locais de instalação dos experimentos, número de repetições, tamanho e forma da parcela, tamanho da amostra e uma perfeita condução dos experimentos, são fatores determinantes na precisão experimental (Souza, 1997; Banzatto & Kronka, 2006; Storck et al., 2011a; Silva Filho, 2013).

O delineamento de blocos aumentados de Federer (BAF) tem sido utilizado nas fases iniciais de programas de melhoramento, em função de restrições na quantidade de

semente e do número de progênies avaliadas, que geralmente é grande, para maximizar o tamanho da amostra de indivíduos das populações (Federer, 1956; Duarte, 2000; Peternelli et al., 2009). No entanto, esse método possui restrições que prejudicam a qualidade experimental. Isto pode estar relacionado ao pequeno número de graus de liberdade do erro quando se utiliza poucos blocos, conseqüentemente as estimativas do quadrado médio do erro serão superestimadas. As estimativas do erro não refletem o que está ocorrendo no caso dos tratamentos regulares neste caso, a pressuposição de homogeneidade de variâncias será violada (Ramalho et al., 2012a). Além disso, o delineamento em blocos aumentados pode apresentar discrepâncias nos valores estimados de herdabilidade quando comparados a outros delineamentos (Bearzoti et al., 1997; Souza et al., 2000).

Imprecisões na avaliação dos genótipos sob seleção muitas vezes não permitem discriminar os pequenos aumentos de produção de grãos obtidos pelo melhoramento genético. Esses pequenos aumentos não sendo identificados como significativos resultam em descartes frequentes de genótipos promissores do programa (Storck et al., 2008). Neste contexto, com o objetivo de aumentar a precisão experimental, diversos métodos de análise espacial têm sido testados. Entre eles, o de Papadakis (1937), citado por Cargnelutti Filho et al. (2003), tem sido uma alternativa utilizada na cultura do milho (Cargnelutti Filho et al., 2003; Costa et al., 2005; Storck et al., 2010), soja (Storck et al., 2008; Storck et al., 2009; Storck & Ribeiro, 2011), eucalipto (Souza et al., 2003; Fox et al., 2007; Fox et al., 2008) e feijão (Souza et al., 2000; Costa et al., 2005; Storck et al., 2011b).

Diante desses fatos, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência da análise espacial no controle da variação ambiental, em relação ao delineamento de blocos aumentados de Federer, visando à estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos da população CNA 12 de arroz irrigado.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 IMPORTÂNCIA SÓCIOECONÔMICA DO ARROZ

O arroz é cultivado em mais de 160 milhões de hectares, com uma produção aproximada de 740 milhões de toneladas (base casca), este é um dos cereais mais produzidos e consumidos no mundo (FAO, 2013b). Sua importância mundial não se remete apenas ao volume de produção, mas principalmente, por se constituir no principal alimento do homem, ao lado do trigo. O arroz é o quarto produto agrícola mais produzido no mundo, atrás apenas da soja, do trigo e do milho. A Ásia é o maior produtor mundial (90,5%), seguido das Américas (5,9%), África (3,0%), Europa (0,5%) e Oceania (0,1%) (FAO, 2013a). A América Latina e a África destacam-se no cenário mundial com grande potencial, para produção de arroz e com capacidade para atender a demanda crescente. Detendo 12% das terras agrícolas e 13,2% dos recursos renováveis de água, a América Latina pode, futuramente, se tornar o grande fornecedor desse cereal (Guimarães et al., 2006).

Esse cereal desempenha papel estratégico em níveis econômico e social, sobretudo nos países em desenvolvimento. No Brasil, ocupa a terceira posição em termos de produção de grãos, sendo antecedido apenas pela soja e milho (IBGE, 2013). Com produção nacional anual de arroz em casca de aproximadamente 11,7 milhões de toneladas, produzidas numa área de aproximadamente 2,4 milhões de hectares, o Brasil destaca-se como o nono maior produtor mundial de arroz e o primeiro quando se excetua a Ásia (IBGE, 2013; FAO, 2013a). Quanto ao cenário econômico-comercial, o Brasil tem conseguido suprir a sua demanda interna de arroz, apesar da necessidade de importação de significativo volume do cereal dos países vizinhos pertencentes ao Mercosul (Mercado Comum do Sul) (Azambuja et al., 2004).

As projeções de produção e consumo de arroz mostram uma estreita relação entre essas duas variáveis, havendo necessidade de importações de arroz nos próximos anos. A produção projetada para 2020/2021 é de 13,7 milhões de toneladas, equivale a um crescimento anual da produção de 1,0% de 2010/2011 a 2020/2021. Esse acréscimo de

produção deverá ocorrer especialmente por meio do crescimento do arroz irrigado, já que o arroz de terras altas tem reduzido sua expansão no Brasil devido à menor incorporação de novas terras em áreas de fronteira agrícola (Brasil, 2011).

O sistema de várzeas tradicionalmente praticado no Brasil caracteriza-se pelo cultivo irrigado por inundação permanente da lavoura, o que assegura produções altas e estáveis. O Rio Grande do Sul contribui com cerca de 66% seguido pelo estado de Santa Catarina (18%), a produção média atinge 7,5 t (Brasil, 2013; IBGE, 2013; Wander & Silva, 2013). O arroz irrigado, que por tradição é uma realidade no sul do país, está se expandindo nas regiões Centro-Oeste e Sudeste do Brasil e ocupando áreas expressivas nos estados de Tocantins, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Espírito Santo. Isto ocorre em função, principalmente, do potencial de várzeas disponíveis e pelas condições favoráveis de clima e disponibilidade de água. Além disso, existe a possibilidade de acesso tanto ao mercado nacional como internacional, por meio do eixo de integração Arco Norte com saídas para a Venezuela, Guiana Inglesa, Manaus e para o corredor de exportação Madeira-Amazonas (Azambuja et al., 2004). As condições climáticas das várzeas da região tropical permitem o cultivo dessa cultura durante todo ano tendo, portanto, maior produção anual de fitomassa que nas várzeas da região subtropical (Guimarães et al., 2006).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO ARROZ

O arroz é uma angiosperma monocotiledônea da família Poaceae (Gramineae), subfamília Orizoideae, tribo Oryzeae. O gênero *Oryza* inclui muitas espécies distribuídas em todos os continentes, as quais abrigam grande variabilidade de hábitos, formas e habitam desde lagos de águas profundas até florestas densas e savanas (Castro et al., 2005). Este é o mais rico e importante de sua tribo, pois compreende cerca de 25 espécies dispersas espontaneamente nas regiões tropicais da Ásia, África e das Américas. Admite-se que tais espécies provenham de dois centros genéticos de origem: o asiático, provavelmente o principal, e o africano, que teria, também, dado origem às espécies sul-americanas (Fornasieri Filho & Fornasieri 1993).

Os primeiros estudos genéticos com o arroz foram realizados na Ilha de Java, Indonésia, por Van der Stock. Entretanto, os primeiros trabalhos de melhoramento genético, propriamente dito, ocorreram no Japão, a partir de 1893, na Estação Experimental Agrícola Nacional (Chang & Li, 1980). O primeiro método de melhoramento

utilizado no arroz foi o de seleção em variedades nativas do Japão, seguido pela seleção de linhagens. Após as primeiras hibridações artificiais em 1904, o programa japonês de melhoramento genético passou a empregar o método genealógico e, em seguida, o método de *bulk* e de mutação artificial (Pereira, 2002). Nos Estados Unidos, os cruzamentos começaram em 1922, utilizando cultivares asiáticas. As cultivares melhoradas nos Estados Unidos difundiram-se para a América do Sul e Austrália (Castro et al., 2005).

O Instituto Internacional de Pesquisa de Arroz (IRRI – *Internacional Rice Research Institute*) sediado nas Filipinas surgiu em 1962, e inovou o tipo de planta com o lançamento da cultivar semi-anã IR 8, que bateu recordes de produção de grãos (Castro et al., 2005). Para o desenvolvimento desta cultivar considerada “milagrosa”, pela sua resistência a doenças e produtividade foi necessário identificar as características associadas à alta produção de grãos. Estas estão relacionadas ao: porte baixo ou médio, boa resposta ao nitrogênio e resistência ao acamamento, folhas curtas e eretas, as quais permitem maior penetração de luz, perfilhamento vigoroso, que produza elevado número de panículas/m², panículas grandes e férteis, plantas resistentes ao ataque de pragas e doenças, ciclo vegetativo de 120 a 140 dias da emergência à maturação (Pedroso, 1989; Ferreira et al., 2005).

No Brasil, os primeiros trabalhos de melhoramento genético da cultura do arroz iniciaram em 1937, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), e em 1938, no Instituto Riograndense do Arroz - Irga (RS). O primeiro sempre priorizou em suas atividades o arroz de terras altas, enquanto o segundo sempre se dedicou com exclusividade ao arroz irrigado. Inicialmente o Irga adotou a estratégia de selecionar, entre as variedades e linhagens até então disponíveis no país ou vindas do exterior, as que melhor se adaptavam ao cultivo nas condições de São Paulo e Rio Grande do Sul. O Irga permaneceu com esta estratégia por algum tempo, pois havia no exterior programas de melhoramento capazes de oferecer, com certa continuidade, novas linhagens de arroz irrigado para avaliação (Castro et al., 2005).

Ao longo dos anos, o melhoramento genético de plantas tem desenvolvido novas cultivares adaptadas aos diferentes ambientes de cultivo existentes no país. O uso de cultivares adaptadas é um dos fatores diretamente responsáveis pelos ganhos em produtividade, maior tolerância e/ou resistência a fatores bióticos e abióticos, contribuindo para maior rentabilidade da exploração agrícola. Estes fatores aliados ao manejo e uso adequado da tecnologia refletem em sucesso para o agronegócio (Ramalho et al., 2009).

O desenvolvimento de novas cultivares, por meio dos programas de melhoramento genético de plantas, tem sido a base da sustentabilidade da agricultura moderna. O melhoramento genético tem papel fundamental na viabilização das culturas frente às adversidades ocorrentes, mediante ao gerenciamento da variabilidade genética em direção ao desenvolvimento de cultivares superiores. Este tem sido bastante importante para o desenvolvimento da cultura do arroz, tanto no aumento da produção, como na melhoria da qualidade de grãos (Castro et al., 2005).

Os programas de melhoramento genético de arroz no mundo são baseados na utilização de reduzido número de genitores com arquitetura moderna e atributos agronomicamente desejáveis. Isto tem conduzido ao estreitamento da base genética, conseqüentemente reduz-se também o ganho genético por ciclo de seleção (Fonseca et al., 2006). Rangel et al. (1996) observaram que apenas dez ancestrais contribuíam com 68% do conjunto gênico das cultivares de arroz irrigado do Brasil. Considerando as cultivares mais plantadas nos principais estados produtores de arroz irrigado, constataram que sete ancestrais são os mais frequentes nos *pedigrees* e são responsáveis por 70% dos genes. Esta situação de alta uniformidade genética pode trazer sérias conseqüências a orizicultura tais como: maior vulnerabilidade genética das cultivares aos estresses bióticos e abióticos, diminuição das possibilidades de obtenção de maiores ganhos genéticos por seleção, principalmente para produção de grãos.

Há algumas evidências de que os programas de melhoramento de arroz irrigado têm tido dificuldades de aumentar o potencial genético de produção de grãos das cultivares de arquitetura moderna (Morais et al., 2006). Após a substituição das cultivares tradicionais, de porte alto, pelas modernas, de porte baixo, no final da década de 70 e início da de 80, tem-se verificado que, apesar de todo o esforço despendido na condução dos programas de melhoramento de arroz irrigado, os ganhos genéticos, principalmente quanto à produção de grãos, são de pequena magnitude (Rangel et al., 2000).

Alguns estudos foram realizados no Brasil com o objetivo de quantificar o progresso genético, por meio de diferentes metodologias. Estas estimativas são de fundamental importância em programas de melhoramento, pois é com este indicador que os programas são avaliados, e servem para orientar as ações a serem adotadas no programa. Breseghello et al. (1999); Santos et al. (1999); Rangel et al. (2000); Soares et al. (2005) obtiveram ganhos genéticos inferiores a 1% ao ano para produção de grãos, nos programas de melhoramento de arroz irrigado conduzidos no Brasil. Morais et al. (2013) obtiveram

ganhos de 1,6% ao ano avaliando dez anos do programa de melhoramento de arroz irrigado para região subtropical. A pequena magnitude dos ganhos para produção obtida pelos primeiros autores pode ser atribuída ao direcionamento do programa de geração de linhagens da Embrapa para qualidade de grãos e resistência a doenças e estreitamento excessivo da base genética das populações utilizadas na extração de linhagens superiores (Breseghello et al., 1999; Santos et al., 1999; Rangel et al., 2000).

Observa-se que, em geral, os trabalhos de estimação de progresso genético são restritos à produção de grãos, ficando conseqüentemente com abordagens limitadas. Como na maior parte dos trabalhos de ganho genético se utiliza dados de ensaios da rede oficial de competição de linhagens, há maior dificuldade de obter os dados de outros caracteres. Logo, é preciso avaliar as mudanças ocorridas na arquitetura da planta, no tipo de grão, na reação às doenças, entre outros caracteres, mostrando a evolução dos programas de melhoramento pela busca constante em atender as exigências de produtores e consumidores (Faria, 2011).

2.3 IMPORTÂNCIA DA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

O sucesso da seleção depende do grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético expresso pelo caráter métrico avaliado nas circunstâncias do ambiente e da população de estudo. Quando se deseja alterar as frequências alélicas de determinada população, o melhorista se depara com inúmeros fatores que atuam contra ou a favor das forças seletivas (Falconer, 1981). Dentre estes fatores podem ser mencionados: a variabilidade genética presente na população original, relacionada à frequência alélica original, o método de seleção adotado, o tamanho efetivo da população, a técnica e a precisão experimental na avaliação dos genótipos, a influência do ambiente, a interação de genótipos com o ambiente (locais e anos), a herdabilidade do caráter e as correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, dentre outros (Paterniani & Miranda Filho, 1987).

A estimativa, interpretação e compreensão dos parâmetros genéticos permitem o estabelecimento de procedimentos a serem adotados na condução do processo de melhoramento. O entendimento desses parâmetros possibilita a tomada de decisões com relação à manutenção de determinadas populações no programa, necessidade de ampliação da variabilidade por meio da introgressão de novos genótipos e intensidade de seleção a ser

utilizada. Para um determinado caráter, a efetividade da seleção depende da importância relativa dos fatores genéticos e não genéticos na expressão das diferenças fenotípicas (Cockerham, 1956; Fehr, 1987).

A estimação dos parâmetros genéticos e fenotípicos constitui numa das mais importantes contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas (Hallauer et al., 2010). Com tais estimativas é possível identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres sob interesse e avaliar a eficiência dos métodos de melhoramento empregados para a obtenção de ganhos genéticos efetivos, além de orientar a manutenção de adequada variabilidade genética. No caso dos caracteres quantitativos, sendo estes de maior interesse, essas informações podem ser obtidas utilizando componentes de média ou de variância. Os componentes da variância têm a vantagem de os efeitos genéticos não se anularem, como pode ocorrer com médias, possibilitando a obtenção de estimativas precisas de parâmetros genéticos (Cruz et al., 2012).

Existe uma extensa lista de trabalhos em que os autores buscaram estimar e discutir parâmetros genéticos de populações de arroz. As discussões que acompanham os resultados destas estimativas, de modo geral, estão relacionadas com a eficiência da seleção para determinado caráter, sua implicação sobre o método de melhoramento utilizado, tipo de herança e efeito gênico (aditivo, dominante e epistático) ou, ainda mais frequentemente, abordagem sobre estimativas de herdabilidade de um dado caráter e suas alterações de uma geração para outra (Badam, 1999).

Cordeiro & Rangel (2011) ao avaliarem progênies extraídas das populações: CNA 12/1/1, CNA 11/3/1 e CNA 4/5/1, obtiveram coeficiente de variação genético (CV_g) de 14,82% para o caráter produção de grãos. Cordeiro & Medeiros (2010) avaliaram linhagens $F_{2:8}$, e observaram para o mesmo caráter CV_g de 12,21%. Morais Júnior (2013) estudou parâmetros genéticos em progênies $S_{0:2}$ da população CNA 6 em diferentes locais, estimou CV_g de 11,35% para produção de grãos. Segundo os autores, esses resultados indicam, de certa forma, a presença de suficiente variabilidade genética nessas populações, o que possibilita a obtenção de ganhos por seleção, mesmo em características complexas como a produção de grãos.

Estudando o ciclo vegetativo Cordeiro & Rangel (2011) encontraram valores de herdabilidade de 69,76%, em trabalho conduzindo com as populações de arroz irrigado CNA 12/1/1, CNA 11/3/1 e CNA 4/5/1. Lopes (2002a) estudou o mesmo caráter e

encontrou valor de herdabilidade de 95,4%, para progênies $S_{0:2}$ da população CNA 11. Fagundes (2004) observou para o mesmo caráter, valores de herdabilidade variando de 77,91% a 91,13 % em progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ da população CNA 11/2/1. Quanto ao caráter altura de planta, Cordeiro & Rangel (2011) encontram valores de herdabilidade de 55,3%. Lopes (2002b) observou valor de herdabilidade para o mesmo caráter de 90,6% para progênies $S_{0:2}$ selecionadas da população de arroz irrigado CNA 11. Fagundes (2004) observou para o mesmo caráter, valores de herdabilidade variando de 77,61% a 90,22 % em progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ da população CNA 11/2/1.

As estimativas de herdabilidade para cada caráter apresentam uma amplitude de valores que lhe é peculiar, apesar das diferenças encontradas na literatura (Ramalho et al., 2012b). Isso ocorre porque as estimativas de herdabilidade podem variar com o caráter, o método de estimação, a característica da população, como o seu nível de endogamia, o tipo e o número de ambientes considerados, a unidade experimental e da precisão experimental (Borém & Miranda, 2009).

Assim, fica claro a importância da obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, para o auxílio na tomada de decisões com relação à manutenção de determinadas progênies no programa e a necessidade de ampliação da variabilidade genética por meio da introgressão de novos genótipos (Morais Júnior, 2013).

2.4 USO DA SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DE PLANTAS AUTÓGAMAS

Ao longo do tempo, os objetivos principais dos programas de melhoramento foram a obtenção de cultivares produtivas, resistentes às doenças e que respondessem ao uso de insumos modernos, principalmente fertilizantes. Muitos progressos foram obtidos principalmente com o desenvolvimento de híbridos de milho. Os caracteres mais importantes nos programas de melhoramento são de natureza quantitativa, ou seja, controlados por muitos genes, e muito influenciados pelo ambiente o que dificulta o processo de melhoramento. Além disso, estes genes de interesse estão em genitores diferentes e em muitos casos o objetivo é a melhoria simultânea de várias características durante o processo de seleção (Ramalho et al., 2005; Ramalho et al., 2012c).

Grandes avanços foram obtidos com os métodos clássicos de melhoramento de autógamias, mas estes parecem dar mostras de exaustão, principalmente quanto à produção

de grãos. A maioria dos métodos de condução de população segregante de plantas autógamas, tais como genealógico, população, SSD e derivados, teste em gerações precoces e retrocruzamentos não permitem adequadas oportunidades de recombinação. Em função disso, programas de seleção recorrente que favorecem a recombinação têm sido sugeridos como uma forma de superar essa dificuldade, assim como, principalmente, ampliar a base genética das cultivares. Além de, proporcionar aumento da frequência de alelos favoráveis após sucessivos ciclos de seleção e recombinação (Destro & Montalván, 1999).

Os primeiros esquemas de melhoramento genético, semelhantes ao da seleção recorrente, foram sugeridos por Hayes e Garber em 1919 e, independentemente, por East e Jones, em 1920. Entretanto, a primeira descrição detalhada do método foi proposta por Jenkins 1940, após resultados de ensaios para avaliação da capacidade geral de combinação em geração precoce de milho. A expressão seleção recorrente foi introduzida em 1945 por Hull, com o significado de se proceder a reSeleção, geração após geração, com o inter cruzamento dos materiais selecionados a fim de promover recombinação gênica (Paterniani & Miranda Filho, 1987).

Os métodos de seleção recorrente são divididos em dois grupos: o melhoramento intrapopulacional, em que o objetivo é o melhoramento do comportamento *per se* da população, e o melhoramento interpopulacional, em que, além do melhoramento do comportamento *per se* das populações envolvidas, o objetivo principal é o melhoramento do híbrido entre as duas populações (Paterniani & Miranda Filho, 1987). No caso do arroz, o objetivo é o melhoramento intrapopulacional, isto é, melhorar o desempenho da população *per se* para extração de linhagens que serão lançadas como novas cultivares (Lopes, 2002b).

A seleção recorrente é um processo cíclico e contínuo, que envolve a obtenção de progênies, avaliação, seleção e recombinação das melhores, visando, aumentar a frequência dos alelos favoráveis e, por consequência, melhorar a expressão do caráter sob seleção. A população obtida é utilizada para iniciar um novo ciclo de seleção. Esse processo é repetido até que as médias dos caracteres em seleção sejam satisfatórias, ou seja, mais próximas possíveis das metas do programa de melhoramento. De forma sintética, esse método significa repetir os mesmos procedimentos, ciclo após ciclo de seleção, tornando contínuo o processo de concentração de alelos favoráveis, deslocando a

média do caráter no sentido desejado (Geraldi, 1997; Rangel & Neves, 1997; Ramalho et al., 2012c).

Deve-se ter o cuidado de realizar número suficiente de intercruzamentos das progênies selecionadas para proporcionar a recombinação gênica e permitir que os ganhos sejam na direção desejada, e também para assegurar a presença de todos os alelos favoráveis para as características de interesse. O melhorista deve selecionar indivíduos geneticamente superiores e que não sejam geneticamente relacionados entre si, para não restringir a base genética. A diversidade entre as unidades de recombinação deve ser preocupação constante do melhorista nos sucessivos ciclos de seleção. Quando se seleciona indivíduos aparentados há aumento da endogamia na população melhorada, isto faz com que ocorra perda de alelos favoráveis e diminuição da variabilidade genética na população em uso. Os locus ocupados por alelos idênticos por descendência não são efetivos como fonte de nova variabilidade durante o processo de *crossing-over*, isto reduz os ganhos com a seleção (Morais, 1997).

Pelo que há disponível na literatura, a seleção recorrente vem sendo considerada como a melhor alternativa para se obter ganhos contínuos em caracteres quantitativos. Empregada em vários programas de melhoramento de espécies autógamas, esta estratégia vem contribuindo com altas estimativas de progresso genético ao longo dos ciclos de seleção para diferentes caracteres. A seleção recorrente só se tornou viável para o melhoramento de arroz depois da descoberta do gene de macho-esterilidade genética por Singh & Ikehashi (1981), facilitando assim os intercruzamentos no campo (Rangel & Neves, 1997).

Existem várias opções quanto à unidade de seleção, delineamento experimental e número de repetições utilizados na avaliação de populações. No geral, a unidade de seleção pode ser massal ou por algum tipo de progênie (Cutrim et al., 1997). Quando se utiliza progênies a seleção pode ser praticada em ensaios com repetições ou, até mesmo, sem repetições, sendo mais eficiente que a seleção massal para caracteres de baixa herdabilidade. No entanto, há escassez de informações a respeito de qual geração de autofecundação é mais adequada para avaliar e selecionar progênies superiores, embora seja um assunto importante na definição do programa de seleção recorrente. Progênies de diferentes tipos têm sido utilizadas, tais como: $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$, porém, as gerações mais avançadas em autógamas são recomendadas para caracteres com baixa herdabilidade no sentido restrito, em que há influência de efeitos genéticos não aditivos (Hallauer et al.,

2010). Observa-se que diferentes programas de seleção recorrente em autógamias tem conseguido obter ganhos expressivos adotando diferentes tipos de progênes e delineamentos experimentais (Tabela 1).

Os melhoristas devem tomar algumas decisões relacionadas com as técnicas experimentais que serão utilizadas no campo, principalmente na fase de avaliação e seleção, as quais pode-se destacar: o tamanho da parcela, o delineamento experimental e o número de repetições. Nesse sentido, a estatística torna-se uma ferramenta que contribui com este processo, ajudando na identificação de genótipos com maior potencial para a seleção (Zimmermann, 1997).

Tabela 1. Estimativas de progresso genético em programas de seleção recorrente de autógamias para diferentes caracteres. Descrição do progresso genético (PG) por ciclo, em diferentes unidades, considerando a espécie, unidade seletiva (US), número de ciclos (NC), número de progênes avaliadas (NP) e delineamento experimental (DE).

Espécie	Caráter selecionado	US	NC	PG	Unidade	NP	DE	Fonte
Arroz Irrigado	Produção de grãos	S _{0:2}	3	4,67	%	924	Látice triplo	Rangel et al. (2002)
Arroz Irrigado	Produção de grãos	F _{2:4}	10	1,6	%	1725	BAF ¹	Morais et al. (2013)
Arroz de terras altas	Produção de grãos	S _{0:2}	3	3,6	%	250-300	BAF	Bresegghello et al. (2009)
Arroz de terras altas	Florescimento	S _{0:2}	3	0,6	%	250-300	BAF	Bresegghello et al. (2009)
Arroz de terras altas	Produção de grãos	F _{5:9}	25	1,44	%	493	DBC	Bresegghello et al. (2011)
Aveia	Tolerância à ferrugem da folha (BYDV)	S ₀	2	14,4	%	1000	DBC ²	Baltenberger et al. (1988)
Aveia	Produção de grãos	S _{0:1}	1	5,4	%	300	DBC	Frey et al. (1988)
Aveia	Teor de proteína	S _{0:1}	1	4,7	%	300	DBC	Frey et al. (1988)
Aveia	Produção de grãos	S _{0:1} e S _{0:2}	5	1,60	%	126	DBC	Pomeranke & Stuthman (1992)
Aveia	Produção de grãos	F ₂	5	26,8 e 55,3	%	75	DBC	De Koeyer et al. (1993)
Aveia	Produção de grãos	S _{0:1}	5	0,20	t . ha ⁻¹	385	DBC	Moser & Frey (1993)
Aveia	Teor de proteína	S _{0:1}	5	2,2	%	30-60	DBC	Moser & Frey (1994a)
Aveia	Produção de grãos	S _{0:1}	3	4,7	%	300	DBC	Moser & Frey (1994b)
Aveia	Produção de grãos	S _{0:1}	7	3,0	%	138	DBC	De Koeyer & Stuthman (1998)
Aveia	Produção de grãos	S ₀	9	1,9	%	100	DBC	Frey & Holland (1999)
Aveia	Teor de óleo	S ₀	9	6,7	%	100	DBC	Frey & Holland (1999)
Batata	Produção	clones	3	12,60	%	103	DBC	Benites & Pinto (2011)
Cevada	Produção de grãos	S _{0:1}	1	3,07	t . ha ⁻¹	103	DBC	Delogu et al. (1988)

Espécie	Caráter selecionado	US	NC	PG	Unidade	NP	DE	Fonte
Ervilha	Resistência à podridão das raízes (<i>Aphanomyces</i>)	S ₀	3	22 e 115	%	161	DBC	Lewis & Gritton (1992)
Ervilha	Produção de grãos	S ₀	3	32 e 68	%	161	DBC	Lewis & Gritton (1992)
Ervilha	Produção de grãos	S _{0:1}	3	2,6	%	100-210	DBC	Holland et al. (2000)
Feijoeiro comum	Produção de grãos	F ₂ e F ₅	3	30	%	90	DBC	Beaver & Kelly (1994)
Feijoeiro comum	Produção de grãos	S _{0:1}	2	3 a 4	%	45	DBC	Singh et al. (1999)
Feijoeiro comum	Produção de grãos	S _{0:1}	3	11	%	490	DBC	Barron et al. (1999)
Feijoeiro comum	Fixação de N	S _{0:1}	3	13	%	490	DBC	Barron et al. (1999)
Feijoeiro comum	Produção de grãos	S _{0:1} e S _{0:2}	4	5,7	%	25-36	DBC	Ramalho et al. (2005)
Feijoeiro comum	Resistência à mancha angular	S ₀	6	6,3	%	194-322	Látice simples	Amaro et al. (2007)
Feijoeiro comum	Produção de grãos	S _{0:1} e S _{0:2}	3	3,1	%	60-390	DBC-Látice	Menezes Júnior et al. (2008)
Feijoeiro comum	Produção de grãos	S _{0:1} e S _{0:2}	8	2,3	%	79-322	Látice simples	Arantes et al. (2010)
Feijoeiro comum	Produção de grãos	S _{0:2}	8	3,3	%	25-36	DBC	Silva et al. (2010)
Soja	Teor de proteína	S _{0:1}	2	43,1	%	100	DBC	Miller & Fehr (1979)
Soja	Produção de grãos	S _{0:1}	3	5,3	%	200	DBC	Kenworthy & Brim (1979)
Soja	Produção de grãos	S _{0:1}	4	4,2	%	180-230	DBC	Burton et al. (1990)
Soja	Produção de grãos	S ₀	3	5,4	g/planta	400	DBC	Werner & Wilcox (1990)
Soja	Produção de grãos	S _{0:1}	6	0,054	t . ha ⁻¹	100	DBC	Uphoff et al. (1997)
Soja	Teor de proteína	S ₀	8	5,8	g . kg ⁻¹	420	Colméia	Wilcox (1998)
Trigo	Resistência a fusariose (<i>Gibberella</i>)	S ₀	3	9,8	%	100	DBC	Jiang et al. (1994)
Trigo	Produção de grãos	S _{0:2}	2	0,25	t . ha ⁻¹	120	Látice	Olmedo-Arcega et al. (1995)
Trigo	Produção de grãos	S _{0:1}	2	11,4	%	45	DIC ³	Maich et al. (2000)
Trigo	Resistência a <i>Fusarium</i>	F ₁	4	25	%	63	DBC	Yang et al. (2000)
Trigo	Produção de grãos	S ₀	8	4,5	%	320	DBC	Wiersma et al. (2001)
Trigo	Produção de grãos	S ₀	7	0,94	%	30	DBC	Solís Moya et al. (2002)

¹Blocos aumentados de Federer

²Delineamento de blocos ao acaso;

³Delineamento inteiramente ao acaso;

2.5 USO DA ANÁLISE ESPACIAL EM EXPERIMENTOS

Nas etapas iniciais de um programa de melhoramento, tem-se grande quantidade de materiais genéticos para serem testados oriundos de cruzamentos ou

introduzidos de outros programas. No caso de linhagens, o número pode variar de algumas centenas até milhares (Montalván & Barbin, 1999). Por isso, conduzir os ensaios a nível de campo com populações tão grandes é extremamente difícil, devido, entre outras causas, à heterogeneidade do terreno e à quantidade de sementes que limita o uso de repetições (Montalván & Barbin, 1999; Souza et al., 2000; Peternelli et al., 2009; Silva Filho, 2013).

Para essas circunstâncias, Federer, em 1956, desenvolveu os delineamentos aumentados, que são definidos como um delineamento padrão qualquer (inteiramente casualizado, blocos ao acaso, etc.), em que novos tratamentos são adicionados sem repetição. Este esquema apresenta dois grupos de tratamentos, tratamentos comuns, que apresentam comportamento já conhecido e atuarão como controle para os tratamentos regulares (ou novos), os quais se tem interesse em testar. Os tratamentos comuns são repetidos em todos os blocos (quando usados os experimentos em blocos casualizado) e os tratamentos regulares ou novos são os que se quer testar, e que aparecem uma única vez, em todo o experimento (Montalván & Barbin, 1999).

No entanto, esse método possui restrições que prejudicam a qualidade experimental. Isto pode estar relacionado ao pequeno número de graus de liberdade do erro quando se utiliza poucos blocos, conseqüentemente as estimativas do quadrado médio do erro serão superestimadas. As estimativas do erro não refletem o que está ocorrendo no caso dos tratamentos regulares, neste caso, a pressuposição de homogeneidade de variâncias será violada, e o delineamento em blocos aumentados tende a apresentar discrepâncias nos valores estimados de herdabilidade quando comparados a outros delineamentos (Bearzoti et al., 1997; Souza et al., 2000).

Quando da análise de progênies ou cultivares, os melhoristas esperam que a variação manifestada seja apenas de ordem genética. Entretanto, por mais cuidados que se tenham, na escolha da área, no preparo do solo, nas adubações e várias outras operações de manejo, ocorrem variações aleatórias entre as parcelas que recebem o mesmo genótipo. Essa variação é o erro experimental. Desse modo, na variação fenotípica observada entre médias das linhagens ou cultivares, além do componente genético, sempre estará incluída a variação ambiental. Assim nas suas comparações os melhoristas devem separar a variação genotípica da ambiental (Ramalho et al., 2012a). A significância entre genótipos depende da existência de diferença entre eles e da magnitude do erro experimental (variância ambiental) (Storck et al., 2009).

A qualidade do experimento é avaliada pela magnitude do erro experimental, isto é, pela variação entre as unidades experimentais submetidas ao mesmo tratamento. Um erro experimental elevado implica não rejeitar a hipótese nula quando efetivamente falsa (Storck et al., 2000). Por causa disso, procura-se minimizar o efeito do erro experimental, buscando fazer inferências precisas e discriminar melhor as diferenças entre os tratamentos (Cargnelutti Filho et al., 2003). O erro experimental é inevitável, no entanto, se forem conhecidas suas origens é possível contorná-lo e mantê-lo em níveis aceitáveis. Além disso, a qualidade do ensaio deve ser avaliada verificando se as pressuposições do modelo estão sendo atendidas (Storck et al., 2011a). As fontes de erro experimental e o uso de técnicas experimentais adequadas para sua redução são descritos por Banzatto & Kronka (2006); Pimentel Gomes (2009); Storck et al. (2011a); Ramalho et al., (2012a).

Os delineamentos clássicos são baseados em dois princípios básicos: repetição e casualização. A maneira em se fazer a casualização resulta em um terceiro princípio o controle local. A forma como se faz a casualização resulta nos delineamentos experimentais propriamente ditos. Quando não se faz nenhuma restrição, isto resulta no delineamento inteiramente casualizado, uma restrição ocorre no caso em que não se dispõe de unidades experimentais homogêneas, neste caso, deve-se organizar blocos, assim tem-se o delineamento em blocos casualizados. Duas restrições são necessárias quando ocorre à formação de blocos em duas direções (linhas e colunas), assim a casualização resulta no delineamento denominado quadrado latino (Storck et al., 2011a).

O uso destes princípios se torna importante, pois o controle local ajuda a reduzir a variação residual, o uso de repetições é necessário para estimar o resíduo experimental e para avaliar de forma mais precisa, o efeito de cada tratamento. A casualização permite estimar o resíduo presente em uma parcela de forma independente das demais (Storck et al., 2011a). No entanto, a alocação sistemática dos genótipos pode comprometer a suposição de independência entre as observações sobre a qual está baseada a abordagem de análise tradicional (Duarte, 2000).

Nesse sentido, o uso da análise espacial tem como objetivo aumentar a eficiência do controle local e a precisão experimental. Os métodos de análise espacial são métodos de análise estatística que levam em conta a posição das parcelas na área experimental. Neste tipo de análise, considera-se que observações localizadas próximas são mais semelhantes entre si do que as que se encontram mais distantes, caracterizando a dependência espacial entre os resíduos, ou autocorrelação espacial (Feres, 2009). A

autocorrelação espacial cria vários problemas na aplicação dos métodos clássicos que assumem independência entre as unidades amostradas, incluindo uma estimativa viesada do erro padrão dos parâmetros e reduzida eficiência de estimação (Kramer, 1980; Anselin & Griffith, 1988).

Os modelos de interação espacial fornecem meios de modelar a dependência espacial entre cada indivíduo e os vizinhos com os quais interagem espacialmente. Estas análises exploram métodos para modelar o resíduo da dependência espacial e facilitar a sua inclusão no modelo de estimação e predição (Fox et al., 2007). Nos últimos anos tem havido grande interesse na aplicação de modernas técnicas de modelagem por conta da autocorrelação espacial entre os dados observados. Estas técnicas tem se tornado popular, por possuírem características desejáveis como pressupostos do modelo menos restritivos e por lidar com a autocorrelação espacial, predizendo a heterogeneidade, e sua distribuição (Zhang et al., 2005).

A análise espacial permite melhor discriminação entre os tratamentos, pois fornece maior poder aos testes estatísticos, redução nas estimativas genotípicas do erro padrão e maiores amplitudes entre os valores previstos. A seleção é menos influenciada pela variação local, tais diferenças podem ter consequências importantes no resultado final em programas de melhoramento de planta. Modelos com maior número de parâmetros de covariância sempre apresentam melhor ajuste do que aqueles com estrutura mais simples. Com a decomposição dos efeitos da população, os valores de F também são mais elevados na análise espacial, tanto na detecção de diferenças entre testemunhas e no contraste entre testemunhas e linhagens (Duarte & Vencovsky, 2005).

Quando foram propostos, os métodos de análise espacial demandavam grande quantidade de cálculos e devido à falta de ferramentas computacionais mais avançadas o seu uso tornava-se inviável. Com o desenvolvimento e avanço da computação houve o ressurgimento destes métodos (Pearce, 1998). Nas últimas décadas alguns métodos de análise espacial, têm sido aplicados com o objetivo de aumentar a precisão experimental, dentre eles pode-se citar: Townley-Smith & Hurd (1973); Bartlett (1978); Patterson & Hunter (1983); Green et al. (1985); Gleeson & Cullis (1987); Cullis & Gleeson (1991); Zimmerman & Harville (1991); Brownie et al. (1993); Stroup et al. (1994); Pearce (1998); Clarke et al. (2000); Qiao et al. (2000); Souza et al. (2000); Fox et al. (2008); Storck & Ribeiro (2011).

Entre os diferentes métodos, destaca-se o de Papadakis (1937), citado por Pearce (1998) que consiste no ajuste dos valores obtidos nas parcelas em função das médias dos erros experimentais entre as parcelas vizinhas, usadas como covariável, com a finalidade de diminuir a variância do erro experimental. O uso da correlação espacial entre parcelas vizinhas é uma alternativa ao uso de blocos. A covariável mais adequada é a estimada em função do erro das parcelas de referência e das mais próximas (lado esquerdo, direito, frente e fundo) (Cargnelutti Filho et al., 2003; Storck et al., 2008; Storck et al., 2011b).

Ainda não é bem conhecida a magnitude da eficiência do método de Papadakis para as diferentes culturas e ambientes (Cargnelutti Filho et al., 2003; Storck et al., 2008). No entanto, alguns trabalhos com diferentes culturas demonstram que o método de Papadakis tem sido uma alternativa utilizada na cultura do milho (Cargnelutti Filho et al., 2003; Costa et al., 2005; Storck et al., 2010), soja (Storck et al., 2008; Storck et al., 2009; Storck & Ribeiro, 2011), eucalipto (Souza et al., 2003; Fox et al., 2007; Fox et al., 2008), trigo (Benin et al., 2013) e feijão (Souza et al., 2000; Costa et al., 2005; Storck et al., 2011b).

Costa et al. (2005) avaliaram dados de progênies de milho e feijão, e observaram redução de 5,5% e 6,2% em média na variância do erro (σ_e^2). Os autores ressaltam que o modelo de Papadakis é um modelo não linear complexo e, pode provocar “*overfitting*”, situação em que o controle local extremamente eficiente, realizado com os vizinhos, ocorre devido, parcialmente, a diferenças genotípicas. Cargnelutti Filho et al. (2003) avaliaram cultivares de milho, e observaram redução de até 57,4% na σ_e^2 com a inclusão de diferentes tipos de covariável. Candido et al. (2009) observaram redução inferior a 2% nas estimativas da σ_e^2 , em ensaios com clones de cana-de-açúcar.

Utilizando o método de Papadakis em ensaios de competição de feijoeiro (Storck et al., 2011b), milho (Cargnelutti Filho et al., 2003), trigo (Benin et al., 2013) e soja (Storck et al., 2009), os autores observaram melhorias nos índices que retratam a precisão experimental e redução no número de repetições necessárias para a predição do desempenho das cultivares, com um mesmo grau de precisão, em termos de produção de grãos. Ou seja, o uso do método de Papadakis proporcionou aumento médio na acurácia seletiva e redução na amplitude de variação e do coeficiente de variação desta medida de precisão, isto é, aumentou a precisão experimental.

Storck et al. (2011b) utilizaram o método de Papadakis na análise de 26 ensaios de competição de feijoeiro, conduzidos em Santa Maria (RS) no período de 1998 a 2009. Os autores concluíram que o uso desse método melhorou os indicadores de precisão experimental, reduziu o número de repetições necessários para predição do desempenho das cultivares de feijoeiro (7 para 3), além de manter adequados os pressupostos da análise de variância (homogeneidade, aditividade, aleatoriedade e normalidade). O uso do método de Papadakis, no referido trabalho, proporcionou aumento da acurácia seletiva (AS) e redução da amplitude de variação e do coeficiente de variação desta medida de precisão.

Souza et al. (2000) utilizaram o método de Papadakis para verificar a eficiência deste e de outros métodos de análise espacial na avaliação de famílias $S_{0:2}$ de um programa de melhoramento de feijoeiro comum do estado de Minas Gerais. Os resultados mostraram que o método de Papadakis foi promissor na remoção de efeitos ambientais, com base na correlação entre parcelas adjacentes, quando se detectou heterogeneidade dentro dos blocos. Neste caso, a melhoria na precisão experimental foi, na maioria das vezes, semelhante à do látice.

Storck et al. (2008) utilizaram o método de Papadakis na análise de 226 ensaios de soja (Preliminar, VCU e Recomendadas) no período de 2003 a 2006. Estes ensaios possuíam diversidade de ambientes (7 locais de avaliação). Os autores concluíram que o uso do método mostrou-se eficiente para a melhoria dos indicadores de precisão experimental, houve elevadas estimativas de: variância genética, coeficiente de variação genético, coeficiente de herdabilidade e acurácia seletiva, baixas estimativas de variância ambiental e de coeficiente de variação do erro experimental. Para produção de grãos, o uso do método de Papadakis permitiu reduzir o número de repetições necessários para a predição do desempenho de genótipos de soja, para o mesmo grau de precisão. Para constatar as diferenças existentes entre os genótipos de soja são necessárias 10 a 12 repetições, com confiança de 80%. No entanto, com o uso do método de Papadakis foi possível utilizar quatro repetições independentemente das condições de homogeneidade dos blocos para o mesmo nível de confiança (Storck et al., 2009).

Storck et al. (2008) relataram a eficiência do uso do delineamento inteiramente ao acaso com a análise estatística realizada pelo método de Papadakis. Ao compararem os indicadores de precisão experimental (coeficiente de variação, diferença média significativa, amplitude entre as médias, índice de diferenciação de Fasoulas e coeficiente de determinação), obtidos com o uso do método de Papadakis, nas condições de blocos

homogêneos e heterogêneos, observou-se incremento generalizado na qualidade dos indicadores de precisão, em relação aos mesmos indicadores da análise usual (blocos ao acaso). Isto não acarretou prejuízos aos pressupostos da análise de variância, além disto, houve ganhos na precisão experimental e na qualidade de discriminação do material genético sob avaliação.

A eficiência do método Papadakis na cultura do milho precoce foi avaliada em cinco ensaios no período de 1998 a 2002 em Santa Maria (RS). O uso do método mostrou-se eficiente em relação ao delineamento de blocos ao acaso, pois houve redução do quadrado médio do erro, coeficiente de variação e diferença mínima significativa, houve aumento do índice de diferenciação de Fasoulas e amplitude entre as médias, o que proporcionou melhor discriminação entre os genótipos (Cargnelutti Filho et al., 2003).

Storck et al. (2010) avaliaram 25 ensaios de competição de híbridos, conduzidos no delineamento de blocos completos ao acaso, observaram que houve melhorias nos indicadores de precisão experimental quando o método de Papadakis foi utilizado. Não houve violação dos pressupostos para os dois métodos de análise (sem e com Papadakis). A média do índice de diferenciação de Fasoulas aumentou de 8,5 para 20,7 e a acurácia seletiva de 0,82 para 0,92 com o uso do método de Papadakis. Ensaios com três repetições analisados com o método de Papadakis possibilitam a identificação de híbridos superiores de milho em relação à produção de grãos, com 86,5% de precisão. Para manter a mesma precisão na análise usual seria necessário o quádruplo do número de repetições.

Sendo a herdabilidade (h^2) relacionada com a medida de qualidade experimental denominada de acurácia seletiva, $AS=(1-1/F)^{1/2}=h^2$, em que F é o valor da estatística do teste F para genótipo, percebe-se que ambas dependem da magnitude da variação ambiental, do número de repetições e da proporção entre as variações de natureza genética e ambiental. Assim, constata-se a importância na redução da estimativa do erro experimental para aumentar a estimativa da h^2 (Resende & Duarte, 2007). A acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações do experimento (Borges et al., 2009). Assim, estimativas mais elevadas de variância genética, de coeficiente de variação genético e de coeficiente de herdabilidade média, possibilitam maior eficácia na seleção dos genótipos (Storck & Ribeiro, 2011).

Técnicas experimentais de análise espacial permitem melhor discriminar as diferenças entre os genótipos. Assim, os resultados encontrados tem demonstrado que o método de Papadakis permite melhorar a discriminação dos tratamentos (genótipos), pois diminui a variância entre o erro e o número de repetições necessários para discriminação de diferença entre os genótipos. O método de Papadakis pode auxiliar para melhorar a precisão das comparações de tratamentos (Bartlett, 1978; Warren & Mendez, 1982; Brownie et al., 1993; Stroup et al., 1994).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO

Para realização deste trabalho foram utilizados dados de 198 progênies $S_{0:2}$ do terceiro ciclo de seleção da população CNA 12 do programa de seleção recorrente de arroz de irrigado da Embrapa Arroz e Feijão para a região tropical. Essa população foi sintetizada no ano agrícola 2002, sem a utilização de macho-esterilidade genética, visando à constituição de uma fonte de cultivares com resistência estável a brusone (*Magnaporthe oryzae* (Barr)). Inicialmente foram realizados cruzamentos entre seis fontes de resistência (5207, CNA 9020, Huan-Sem-Goo, CNA9029, Oryzica Llanos 4 e Oryzica 1), genitor masculino, e nove linhagens elites de arroz irrigado (Diamante, Javaé, Jequitibá, BRS 7 Taim, BRS 6 Chuí, IRGA 417, /BRS Formoso, CNA8621 e Marajó) de maneira que cada fonte de resistência participasse de três cruzamentos em um total de 18. Posteriormente, foi realizado retrocruzamento na direção do genitor-elite, com o objetivo de reduzir a participação das fontes de resistência na população. Detalhes da síntese da população são apresentados por Rangel et al. (2003).

Em 2004/05, houve a primeira avaliação de progênies $S_{0:2}$ para produção de grãos, seguida pelos demais ciclos de seleção recorrente, com a avaliação do mesmo tipo de progênie nos anos agrícolas: 2007/08, com a CNA 12/2/1; em 2010/11 e 2011/12 com a CNA 12/3/1. Sempre após a avaliação das progênies $S_{0:2}$, em cada um dos ciclos, foram selecionadas as mais promissoras para recombinação. Em 2012/13 essa população iniciou o quarto ciclo (CNA 12/4/1).

3.2 DADOS EXPERIMENTAIS

Utilizou-se, nesse trabalho, o conjunto de dados dos caracteres produção de grãos (PG, em kg ha^{-1}) e altura de plantas (AP, em cm), proveniente dos ensaios de rendimentos de progênies $S_{0:2}$ da população CNA 12, conduzidos nos anos agrícolas de 2010/11 e 2011/12, em dois locais (Tabela 2).

Tabela 2. Locais, coordenadas geográficas, número de repetições e anos agrícolas onde foram conduzidos os experimentos para avaliação de progênies $S_{0:2}$ da população CNA 12.

Local	Latitude	Longitude	Repetições(n°)	Ano agrícola	
				2010/11	2011/12
Goianira - GO	16° 26,03' 46" S	49° 23,56' 22" W	1; 2*	X	X
Cantá - RR	2° 48'29" N	60° 39'19" W	1		X

* uma repetição no primeiro ano e duas no segundo.

Em cada ano agrícola, esses ensaios foram compostos por 198 progênies $S_{0:2}$ do terceiro ciclo de seleção da população CNA 12 Tropical. Foram utilizadas quatro testemunhas: BRS Jaçanã, BRS Formoso, BRS Alvorada e BR Irga 409. O delineamento experimental empregado foi de blocos aumentados de Federer (BAF), sem repetição dentro de local, com exceção do ensaio conduzido no município de Goianira no ano agrícola de 2011/12, em que se utilizaram duas repetições. Cada ensaio foi constituído de 11 blocos com 22 parcelas, as parcelas foram constituídas por quatro linhas de 5,0 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,20 m, utilizando-se a densidade de sessenta sementes por metro linear.

Para avaliação do caráter PG, colheram-se as duas linhas centrais, descartando-se a bordadura de 0,5 m inicial e final de cada linha, bem como as duas linhas laterais. Após a colheita das parcelas, os grãos foram trilhados, secos ao sol e armazenados à temperatura ambiente para estabilização de umidade antes da pesagem. Por fim, o caráter PG foi ajustado para umidade de 13% e expresso em quilogramas por hectare. Para o caráter AP foi obtida a distância em centímetros, do nível do solo até a extremidade da panícula primária (média de cinco plantas por parcela), na fase de maturação dos grãos.

A época de plantio dos experimentos, tendo ocorrido no período de maior precipitação pluvial, foi variável, dependendo do local. Foi utilizado o sistema de irrigação por inundação contínua com aplicação de fertilizantes químicos (N-P-K) no sulco de plantio, e adubação nitrogenada em cobertura, no final da fase vegetativa em dosagem recomendada para a produção comercial do arroz, na região de condução dos ensaios, conforme proposto por Fageria (2006). O controle de plantas daninhas foi feito por meio de herbicidas, e não foi realizado o controle químico de doenças fúngicas, para se permitir a seleção dos genótipos com resistência genética, bem como descarte daqueles mais suscetíveis, principalmente à brusone.

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS E ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS

Para análise dos dados foram utilizados dois procedimentos: análise tradicional de blocos aumentados de Federer e Papadakis.

3.3.1 Estimação de componentes de variância segundo o modelo de blocos aumentados de Federer

A análise conjunta dos experimentos, adotando modelo completo envolvendo as fontes de variação local, ano, repetição, blocos e tratamentos de natureza genética, tornam as médias de tratamentos funções não estimáveis, pelo fato de haver só um nível de ano no local Cantá e de repetição nesse local e em Goianira, no primeiro ano. Priorizando preservar a fonte de variação interação tratamentos versus local (Goianira e Cantá), optou-se pela adoção do seguinte modelo matemático (eq. 1), em que os efeitos de ano e de repetição no local Goianira foram confundidos com efeito de blocos, por meio de uma re-identificação conveniente dos mesmos:

$$Y_{iklm} = \mu + l_l + b_{k/l} + t_m + g_{i/m} + tl_{ml} + gl_{il/m} + e_{iklm} \quad (1)$$

em que:

Y_{iklm} : é a observação do genótipo i , no bloco k , no local l , pertencente ao grupo m ;

μ : é a média geral (constante inerente a todas as observações);

l_l : é o efeito fixo de local l , sendo $l = 2$;

$b_{k/l}$: é o efeito fixo do bloco k , dentro do local l , sendo $k = 1, 2, \dots, 33$ (k variando de 1 a 11 em Goianira ano 2010/11; de 12 a 22 em Cantá e Goianira repetição 1 ano 2011/12; e de 23 a 33 em Goianira repetição 2 ano 2011/12);

t_m : é o efeito fixo do grupo m , sendo $m = 1$ (grupo de progênies), 2 (grupo de testemunhas);

$g_{i/m}$: é o efeito do genótipo i (progênies e testemunhas) do grupo m , sendo $i = 1, 2, \dots, 198$ para $m = 1$; e $i = 1, 2, \dots, 4$ para $m = 2$. Sendo as testemunhas consideradas de efeito fixo e progênies, de efeito aleatório, assumindo, para progênies, $g_i \text{ NID } \cap (0, \sigma_g^2)$;

tl_{ml} : é o efeito fixo da interação entre o grupo m e local l ;

gl_{il} : é o efeito aleatório da interação entre o genótipo i e o local l , assumindo, para $m = 1$, $gl_{il} \text{ NID } \cap (0, \sigma_{gl}^2)$; e

e_{iklm} : é o efeito do erro experimental associado à $iklm$ -ésima observação, assumindo $e_{ijklm} \text{NID} \cap (0, \sigma^2)$.

Desse modo, foi construído o esquema da análise de variância, com as respectivas esperanças dos quadrados médios (Tabela 3).

Tabela 3. Esquema da análise de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)
Locais (L)	1	QM_L	-
Blocos/Local	42	QM_{BL}	-
Grupo (P vs T)	1	QM_{Grupo}	-
Progênes (P)	197	QM_P	$\sigma^2 + k_2 \sigma_g^2$
Testemunhas (T)	3	QM_T	-
Grupo x L	1	QM_{GrupoL}	-
P x L	197	QM_{PL}	$\sigma^2 + k_1 \sigma_{gl}^2$
T x L	3	QM_{TL}	-
Erro médio ¹	$N - 445$	QM_E	σ^2
Total	$N - 1$	-	

¹N é o número total de observações.

O coeficiente (k_2 e k_1) associado ao componente de variância na expressão $E(QM)$ foi obtido conforme procedimento descrito por Silva (1982) (eq. 2 e 3)

$$k_2 = \frac{\left(n_{\dots} - \frac{\sum_i n_{i\dots}^2}{n_{\dots}} \right)}{gl} \quad (2)$$

em que:

k_2 : é o valor do coeficiente associado ao componente de variância na expressão $E(QM)$ da fonte de variação progênes

n_{\dots} : é o total geral de progênes avaliadas;

$n_{i\dots}^2$: é o número de observações relativas a progênie i em todos os l locais;

gl : é o número de graus de liberdade de progênes $S_{0.2}$.

$$k_1 = \frac{1}{gl_{PxL}} \left[n_{\dots} - \sum_i \left(\frac{\sum_l n_{i.l}^2}{n_{i\dots}} \right) - \sum_l \left(\frac{\sum_i n_{i.l}^2}{n_{.l}} \right) + \sum_{il} \frac{n_{i.l}^2}{n_{\dots}} \right] \quad (3)$$

em que:

k_1 : é o valor do coeficiente associado ao componente de variância na expressão $E(QM)$ da fonte de variação interação progênes *versus* locais.

$n_{i.l}^2$: é o número de vezes de aparição da progênie i no local l ;

$n_{..l}$: é o número de observações relativas ao local l ;

gl_{PxL} : é o número de graus de liberdade da interação progênie x local.

Com base nas esperanças dos quadrados médios foram estimados os componentes da variância, utilizando as expressões conforme Vencovsky & Barriga (1992) (Tabela 4).

Tabela 4. Estimadores dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos da análise conjunta.

Estimador		Expressão p/ as estimativas
σ_g^2	Variância genotípica entre médias de progênies	$\frac{QM_P - QM_E}{k_2}$
σ_F^2	Variância fenotípica entre médias de progênies	$\frac{QM_P}{k_2}$
σ_e^2	Variância do erro entre parcelas	QM_E
h_m^2	Herdabilidade sentido amplo ao nível de médias de parcela	$\frac{(QM_P - QM_E)}{QM_P} \times 100$
CV_g	Coefficiente de variação genotípica, sendo \bar{X} a média das progênies	$\frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} \times 100$
CV_e	Coefficiente de variação ambiental, sendo \bar{X} a média das progênies	$\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \times 100$

QM_P : QM de progênies; k_1 e k_2 : são os valores dos coeficientes associados à estimativa do componente de variância na expressão $E(QM) = \sigma^2 + k_2\sigma_g^2$ e $\sigma^2 + k_1\sigma_g^2$; QM_E : QM do erro.

Para as estimativas da variância genética entre médias de progênies $S_{0:2}(\hat{\sigma}_g^2)$ foram obtidos os intervalos de confiança (IC, eq. 4) para $1-\alpha=95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick & Graybill (1992):

$$IC(\sigma_g^2)_{0,95} = \left[\frac{n_t \hat{\sigma}_g^2}{\chi_{n_t;0,975}^2}; \frac{n_t \hat{\sigma}_g^2}{\chi_{n_t;0,025}^2} \right] \quad (4)$$

em que:

n_t : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância genética entre progênies $S_{0:2}(\hat{\sigma}_g^2)$;

$\chi_{n_t;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade; e

$\chi_{n_t;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_t graus de liberdade.

O valor de n_t foi obtido segundo o procedimento descrito por Satterthwaite (1946) (eq. 5):

$$n_t = \frac{(QM_P - QM_E)^2}{\frac{(QM_P)^2}{f_p} + \frac{(QM_E)^2}{f_e}} \quad (5)$$

em que:

f_p : é o número de graus de liberdade de progênes $S_{0,2}(QM_P)$; e

f_e : é o número de graus de liberdade do resíduo (QM_E).

Para as estimativas da variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$) foram obtidos os intervalos de confiança (IC , eq. 8) para $1-\alpha=95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick & Graybill (1992):

$$IC(\hat{\sigma}_e^2)_{0,95} = \left[\frac{n_e \hat{\sigma}_e^2}{\chi_{n_e;0,975}^2} ; \frac{n_e \hat{\sigma}_e^2}{\chi_{n_e;0,025}^2} \right] \quad (8)$$

em que:

n_e : é o número de graus de liberdade associado à estimativa do componente de variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$) obtido na análise de variância;

$\chi_{n_e;0,975}^2$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_e graus de liberdade; e

$\chi_{n_e;0,025}^2$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição χ^2 com n_e graus de liberdade.

Para as estimativas do coeficiente de herdabilidade foram também obtidos os intervalos de confiança (IC , eq. 9) para $1-\alpha=95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick & Graybill (1992):

$$IC(\hat{h}_m^2)_{0,95} = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_E} \right) F_{0,975;f_p,f_e} \right]^{-1} \leq \hat{h}_m^2 \leq 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_E} \right) F_{0,025;f_p,f_e} \right]^{-1} \right\} \quad (9)$$

em que:

$F_{0,975;f_p,f_e}$: é o quantil para 97,5% de probabilidade na distribuição F associado a f_p graus de liberdade de progênes e f_e graus de liberdade do resíduo (QM_E).

$F_{0,025;f_p,f_e}$: é o quantil para 2,5% de probabilidade na distribuição F associado a f_p graus de liberdade de progênes e f_e graus de liberdade do resíduo.

Para obtenção da estimativa do índice de variação b , foi utilizada a expressão conforme descrito por Vencovsky (1987) (eq. 10):

$$b = \frac{CV_g}{CV_e} \quad (10)$$

em que:

CV_g : é a estimativa do coeficiente de variação genético;

CV_e : é a estimativa do coeficiente de variação ambiental;

3.3.2 Estimação de componentes de variância segundo o método de Papadakis

Na análise, segundo o modelo de Papadakis, foram considerados todos os ensaios, de tal forma que o índice ambiental estimado refletiu a variação entre locais, anos, repetições e entre blocos, além, da interação de genótipos com esses estratos ambientais.

O método de Papadakis (1937) citado por Pearce (1998) consiste em corrigir o valor de cada parcela pela média dos resíduos das parcelas vizinhas (índice ambiental), o qual é denominado de covariável para fins da análise de covariância, segundo o delineamento inteiramente casualizado. Dessa forma, o resíduo de cada parcela foi estimado pela expressão (eq. 11):

$$d_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i \quad (11)$$

em que:

d_{ij} : é o resíduo ambiental da parcela com a i -ésima progênie/testemunha na j -ésima repetição;

Y_{ij} : é o valor observado na parcela que recebeu a i -ésima progênie/testemunha na j -ésima repetição;

\bar{Y}_i : é a média da i -ésima progênie/testemunha.

Para o cálculo do índice ambiental foram consideradas três formas de vizinhança em relação à parcela de referência (PR), com variação na posição e no número de parcelas vizinhas (PV), segundo o plano cartesiano (Figura 1). Para as parcelas da extremidade da grade experimental foram consideradas as parcelas que compõem a vizinhança analisada que podem ser duas ou três.

Nas três formas de vizinhança, \bar{d}_{ij} representa o índice ambiental, I_{ij} , relativo à parcela de referência estimado pela expressão (eq. 12):

$$I_{ij} = \bar{d}_{ij} \quad (12)$$

em que:

\bar{d}_{ij} : é a média do resíduo ambiental da parcela com a i -ésima progênie no j -ésima repetição;

$d_{ij(-1x)}$ e $d_{ij(+1x)}$: é o resíduo ambiental da parcela localizada no eixo das abscissas;

$d_{ij(-1y)}$ e $d_{ij(+1y)}$: é o resíduo ambiental da parcela localizada no eixo das ordenadas;

$d_{ij(0)}$: é o resíduo ambiental da parcela de referência localizada no centro do plano cartesiano.

PR	PV
PV	

$$\bar{d}_{ij} = \frac{d_{ij(-1y)} + d_{ij(0)} + d_{ij(+1x)}}{3}$$

PV	
PR	PV
PV	

$$\bar{d}_{ij} = \frac{d_{ij(-1y)} + d_{ij(+1y)} + d_{ij(0)} + d_{ij(+1x)}}{4}$$

	PV	
PV	PR	PV
	PV	

$$\bar{d}_{ij} = \frac{d_{ij(-1x)} + d_{ij(-1y)} + d_{ij(0)} + d_{ij(+1x)} + d_{ij(+1y)}}{5}$$

Figura 1. Esquema de formas de vizinhança e cálculo do índice ambiental

Os valores obtidos dos I_{ij} de cada parcela foram posicionados segundo a casualização realizada para cada ensaio. Assim, as médias calculadas serviram como covariável de competição. A análise da covariância foi realizada conforme Steel et al. (1997), pela expressão (eq.13):

$$Y_{ijklm} = \mu + t_m + g_{i/m} + \beta I_{ij} + e_{ijklm} \quad (13)$$

em que:

Y_{ijklm} : é a observação do genótipo i , no bloco k , do ensaio j , no local l , pertencente ao grupo m ;

μ : é a média geral (constante inerente a todas as observações);

t_m : é o efeito fixo do grupo m , sendo $m = 1, 2$ (sendo um grupo de progênes e um grupo de testemunhas);

$g_{i/m}$: é o efeito de genótipo i (progênes e testemunhas) sendo $i= 1, 2, \dots, 198$ para $m= 1$; e $i= 1, 2, \dots, 4$ para $m= 2$. Sendo as testemunhas consideradas de efeito fixo e progênes, de efeito aleatório, assumindo, para progênes, $g_i \sim \text{NID} \cap (0, \sigma_g^2)$;

β : é o coeficiente da regressão entre o caráter em estudo e a covariável ambiental;

I_{ij} : é o valor do índice ambiental da parcela que recebeu a progênie i , na repetição j ;

e_{ijklm} : é o efeito do erro experimental associado à $ijklm$ -ésima observação, assumindo $e_{ijklm} \sim \text{NID} \cap (0, \sigma^2)$.

Desse modo, foi construído o esquema da análise de variância, com as respectivas esperanças dos quadrados médios (Tabela 5).

Tabela 5. Esquema da análise de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)
Grupo (P vs T)	1	QM_{Grupo}	-
Progênes (P)	197	QM_P	$\sigma^2 + k_2 \sigma_g^2$
Testemunhas (T)	3	QM_T	-
Regressão	1	QM_{reg}	-
Erro médio ²	$N - 202$	QM_E	σ^2
Total	$N - 1$	-	

² N é o número total de observações.

Com base nas esperanças dos quadrados médios foram estimados os componentes da variância, utilizando as expressões conforme Vencovsky & Barriga (1992) (Tabela 6).

Para as estimativas da variância genética entre médias de progênes $S_{0.2}(\hat{\sigma}_g^2)$, variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$) e para as estimativas do coeficiente de herdabilidade foram também obtidos os intervalos de confiança (IC) para $1-\alpha=95\%$ de probabilidade, conforme equações de 4, 8 e 9.

Tabela 6. Estimadores dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos da análise conjunta.

Estimador		Expressão p/ as estimativas
σ_g^2	Variância genotípica entre médias de progênes	$\frac{QM_P - QM_E}{k_2}$
$\sigma_{\bar{F}}^2$	Variância fenotípica entre médias de progênes	$\frac{QM_P}{k_2}$
σ_e^2	Variância do erro entre parcelas	QM_E
h_m^2	Herdabilidade sentido amplo ao nível de médias de parcela	$\frac{(QM_P - QM_E)}{QM_P} \times 100$
CV_g	Coefficiente de variação genotípica, sendo \bar{X} a média das progênes	$\frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} \times 100$
CV_e	Coefficiente de variação ambiental, sendo \bar{X} a média das progênes	$\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \times 100$

QM_P : QM de progênes; k é o valor do coeficiente associado à estimativa do componente de variância na expressão $E(QM) = \sigma^2 + k_2\sigma_g^2$, devido ao desbalanceamento do conjunto dos dados experimentais; QM_E : QM do erro.

3.3.3 Comparação entre os modelos

Além das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, a comparação entre o BAF e o método de Papadakis se deu por meio das seguintes estimativas:

1. Valores médios de razões (ϕ) entre estimativas de variâncias residuais ($\hat{\sigma}_e^2$), da variância de progênes ($\hat{\sigma}_g^2$) e da herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_m^2): estas estimativas foram obtidas conforme descrito por Costa et al. (2005), tendo-se sempre como padrão, no denominador, as estimativas oriundas do modelo de blocos aumentados de Federer. Assim, se método de Papadakis apresentar eficiência semelhante aquela proveniente do modelo de blocos aumentados de Federer, espera-se que as razões sejam próximas ou iguais a 100%.

As expressões de razões utilizadas foram as seguintes:

- (a) Razão ($\phi_{\hat{\sigma}_e^2}$) entre estimativas de $\hat{\sigma}_e^2$ (eq. 14):

$$\phi_{\hat{\sigma}_e^2}(\%) = \left(\frac{\hat{\sigma}_{e1}^2}{\hat{\sigma}_{e2}^2} \right) \times 100 \quad (14)$$

em que:

$\hat{\sigma}_{e1}^2$: é a estimativa da variância residual no método de Papadakis;

$\hat{\sigma}_e^2$: é a estimativa da variância residual do modelo de blocos aumentados de Federer.

(b) Razão ($\phi_{\hat{\sigma}_g^2}$) entre estimativas de $\hat{\sigma}_g^2$ (eq. 15):

$$\phi_{\hat{\sigma}_g^2}(\%) = \left(\frac{\hat{\sigma}_{g1}^2}{\hat{\sigma}_{g2}^2} \right) \times 100 \quad (15)$$

em que:

$\hat{\sigma}_{g1}^2$: é a estimativa da variância de progênie no método de Papadakis;

$\hat{\sigma}_{g2}^2$: é a estimativa da variância de progênie do modelo de blocos aumentados de Federer.

(c) Razão ($\phi_{\hat{h}_m^2}$) entre estimativas de \hat{h}_m^2 (eq. 16):

$$\phi_{\hat{h}_m^2}(\%) = \left(\frac{\hat{h}_{m1}^2}{\hat{h}_{m2}^2} \right) \times 100 \quad (16)$$

em que:

\hat{h}_{m1}^2 : é a estimativa da herdabilidade no método de Papadakis;

\hat{h}_{m2}^2 : é a estimativa da herdabilidade do modelo de blocos aumentados de Federer.

2. Coeficiente de repetibilidade: as avaliações em cada ensaio (local) foram consideradas como medições realizadas no mesmo indivíduo (genótipo), e foi estimado o coeficiente de repetibilidade (r), para os dois métodos de análise estatística conforme descrito por Cruz et al. (2012) (eq. 17).

$$r = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} \quad (17)$$

em que:

$\hat{\sigma}_g^2$: é a estimativa da variância genotípica entre médias de progênies;

$\hat{\sigma}_e^2$: é a estimativa da variância do erro entre parcelas.

3. Número mínimo de medições ou repetições (η_0) necessárias para predizer o valor real das progênies: foi estimado com base no coeficiente de determinação genotípico (R^2) pré-estabelecido em 0,95, para os dois métodos de análise estatística conforme descrito por Cruz et al. (2012) (eq. 18):

$$\eta_0 = \frac{R^2 x (1 - r)}{(1 - R^2) x r} \quad (18)$$

em que:

η_0 : é o número de medições para se prever o valor real dos indivíduos, com 95% de determinação;

R^2 : representa a certeza da predição do valor real dos genótipos selecionados.

4. Coeficiente de determinação real: com base nas quatro repetições realizadas, estimou-se o coeficiente de determinação real (R^2) para os dois métodos de análise estatística conforme descrito por Cruz et al. (2012) (eq. 19):

$$R^2 = \frac{\eta r}{(1+r) \times (\eta-1)} \quad (19)$$

em que:

R^2 : representa a certeza da predição do valor real dos genótipos selecionados;

η : é o número de repetições realizadas, sendo $\eta = 4$.

5. Acurácia seletiva: foi estimada conforme descrito por Resende & Duarte (2007), empregando-se a seguinte expressão (eq. 20):

$$AS = \sqrt{1 - \frac{1}{F}} \quad (20)$$

em que:

F : valor da estatística do teste F para genótipo, obtida na análise de variância.

6. Coeficiente de correlação de Spearman (r) entre as médias ajustadas de progênies nos dois métodos de análise.

7. Coeficiente de precisão (CP): utilizado para verificar a qualidade dos ensaios nos dois métodos de análise estatística avaliados, considerando o número de repetições de um tratamento. As estimativas de CP foram obtidas segundo Storck et al. (2011a), pela expressão (eq. 21):

$$CP = 100 \frac{\sqrt{\hat{V}(\hat{m}_i)}}{\hat{m}}, \text{ para experimentos unifatoriais, } \hat{V}(\hat{m}_i) = \frac{QM_E}{J}. \quad (21)$$

em que:

$\hat{V}(\hat{m}_i)$: é a variância da média estimada;

QM_E : é o valor observado do quadrado médio do erro;

J : é o número de repetições (ambientes);

\hat{m} : é a média geral do experimento.

8. Resposta esperada à seleção direta: foi estimada por meio da seleção direta nos caracteres produção de grãos e altura de plantas, considerando a análise conjunta, foram estimadas a partir do procedimento descrito por Vencovsky & Barriga (1992) (Rs , em eq. 22):

$$Rs = ds \times \hat{h}_m^2 \quad (22)$$

em que:

ds : é o diferencial de seleção, obtido pela diferença entre as médias da população inicial (\bar{M}_0) e da população selecionada (\bar{M}_s), com intensidade de seleção variável nos dois métodos de análise estatística, correspondente 10%, 20% e 30%;

\hat{h}_m^2 : é a estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, em nível de médias de progênes $S_{0:2}$.

9. Resposta correlacionada ($RC_{y(x)}$): foi estimada por meio da seleção no caráter x (altura de plantas) pela seleção efetuada no caráter y (produção de grãos), e vice-versa, conforme procedimento descrito Cruz et al. (2012) ($RC_{y(x)}$, em eq. 23):

$$RC_{y(x)} = ds_{y(x)} \times \hat{h}_{my}^2 \quad (23)$$

em que:

$ds_{y(x)}$: é o diferencial de seleção indireto, obtido pela diferença entre as médias da população inicial (\bar{M}_0) e da população selecionada ($\bar{M}_{s,y(x)}$), a partir da seleção direta, com intensidade de seleção variável nos dois métodos de análise estatística, correspondente 10%, 20% e 30%;

\hat{h}_{my}^2 : é a estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo do caráter submetido à seleção indireta, em nível de médias de progênes $S_{0:2}$.

10. Resposta esperada à seleção em percentagem da média da população inicial ($Rs \%$): foi obtida pela divisão da estimativa de Rs pela média geral inicial de progênes $S_{0:2}$ (\bar{M}_0) em cada método de análise estatística, em porcentagem, de acordo com Vencovsky & Barriga (1992) (Rs , em eq. 24).

$$R_s(\%) = \left(\frac{R_s}{\bar{M}_0} \right) 100 \quad (24)$$

As análises foram implementadas no aplicativo estatístico SAS para Windows versão 9.2 (*Statistical Analysis System* - SAS Institute, 2011), via procedimento *GLM* (Modelo Linear Generalizado) e do aplicativo Excel (Microsoft Office).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 PRODUÇÃO DE GRÃOS (PG)

Na Tabela 7 estão apresentadas as análises de variâncias utilizando os dois métodos de análise. Em primeiro plano observa-se, como esperado, substancial interação entre progênies e locais, bem como entre testemunhas e locais ($p < 0,01$). Os locais utilizados são, contudo, apenas duas amostragens da vasta região para a qual está se promovendo o melhoramento da CNA12 Tropical, mas o vetor de médias estimado pela análise conjunta deve estar mais associado ao vetor correspondente, que seria obtido com a avaliação em suficiente número de locais representativos da região, do que aos vetores de médias de cada um dos dois locais isoladamente. Por essa razão, a seleção tem sido feita explorando as médias da análise conjunta, consciente de que as estimativas de resposta à seleção que se obtêm são válidas apenas para as condições médias dos dois locais utilizados, e não, necessariamente, para toda a região tropical brasileira em que se cultiva arroz irrigado.

Nos dois métodos de análise estatística implementados, foram detectados efeitos altamente significativos ($p \leq 0,01$) para progênies, indicativos de abundante variação genética entre as progênies, podendo haver, conseqüentemente, reais possibilidades de sucesso com a seleção. Observa-se adicionalmente na Tabela 7 que o método de Papadakis além de propiciar maior estimativa de quadrado médio para progênies forneceu menor estimativa de quadrado médio do resíduo, o que resultará em estimativas de variação genética de magnitude mais elevada.

O controle local utilizado no BAF não foi tão eficiente quanto o ajuste feito pelo índice ambiental do método de Papadakis, uma vez que a magnitude do resíduo neste método foi menor. A qualidade de um experimento pode ser avaliada pela magnitude do resíduo experimental, que consiste na variação não controlada, e ocorre de forma aleatória entre as unidades experimentais, após subtrair os efeitos controlados no experimento (tratamento, blocos, linhas, colunas, etc.). Sabe-se que este é inevitável, no entanto, se

forem conhecidas suas causas, pode-se contorná-las e mantê-lo em níveis aceitáveis (Storck et al., 2011a).

Tabela 7. Resumo da análise de variância conjunta para cada método de análise estatística avaliada, coeficiente de variação experimental ($CV\%$), média geral (\bar{M}) das progêneses $S_{0.2}$ para o caráter produção de grãos, (PG, em $kg\ ha^{-1}$).

FV	BAF		Papadakis		
	GL	QM	FV	GL	QM
Locais (L)	1	128.399.020,5**	-	-	-
Blocos/Local	42	19.604.516,4**	-	-	-
Grupo (P vs T)	1	65.993.153,4**	Grupo (P vs T)	1	136.603.003**
Progênes (P)	197	2.047.272,1**	Progênes (P)	197	3.438.192**
Testemunhas (T)	3	11.658.144,7**	Testemunhas	3	10.019.494**
Grupo x L	1	17.528.210,9**	-	-	-
P x L	197	1.242.480,8**	-	-	-
T x L	3	2.938.085,5*	-	-	-
-	-	-	Regressão	1	1.294.588.991**
Resíduo	521	813.974,00	Resíduo	764	721.435
$CV(\%)$		14,06			13,24
\bar{M}					6.415,89

* e **: teste F significativo a 5% e 1%, respectivamente.

O coeficiente de variação ($CV\%$) constitui-se numa estimativa do erro experimental, em relação à média geral do ensaio, sendo uma estimativa muito utilizada como medida de qualidade experimental. Considera-se que quanto menor for a estimativa do $CV\%$, maior será a precisão do experimento e vice-versa e, quanto maior a precisão (maior qualidade) experimental, menores diferenças entre estimativas de médias serão significativas (Cargnelutti Filho & Storck, 2007). Observa-se que os CV 's apresentaram baixa magnitude para o caráter avaliado para os dois métodos analisados, variando de 13,24% (Papadakis) a 14,06% (BAF). Houve redução de 5,85% do $CV\%$ no método de Papadakis em relação ao BAF (Tabela 7). Souza et al. (2000) avaliaram progêneses $S_{0.2}$ de feijoeiro e observaram redução de até 18% quando o método de Papadakis foi utilizado. Os CV 's encontrados nestes ensaios foram de magnitude inferior ao que normalmente é encontrado em experimentos com a cultura do arroz. Os coeficientes de variação encontrados em ensaios com a cultura do arroz variaram de 14,70% (Rodríguez et al., 1998) a 25,22% (Costa et al., 2002). Isto permite inferir que o uso de delineamentos

clássicos associado ao manejo adequado do ensaio torna possível obter baixos valores de $CV\%$.

O efeito de bloco/local foi significativo no BAF, ou seja, o ambiente experimental não era homogêneo e o delineamento em BAF foi capaz de detectar esta heterogeneidade. Isto já era esperado, pois há um confundimento entre ano e blocos. Segundo Warren & Mendez (1982), os blocos não conseguem controlar gradientes ou tendências de variabilidade espacial quando não são adequadamente orientados ou possuem formato desfavorável. Stroup et al. (1994) constataram que as análises em blocos, pode não neutralizar de forma adequada a variabilidade espacial. Assim é ainda possível existir autocorrelação espacial, detectável por métodos de análise espacial. É de se esperar que quando a heterogeneidade entre blocos é maior, o método de Papadakis apresente maior eficiência, pois este utiliza índices ambientais como covariáveis (Costa et al., 2005).

4.1.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Verificou-se, por meio dos intervalos de confiança obtidos, que as estimativas de $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ diferiram estatisticamente de zero nos dois métodos e apresentaram pequena amplitude (Tabela 8). As magnitudes de $\hat{\sigma}_g^2$, em ordem crescente, corresponderam ao BAF e Papadakis e houve redução de 11,37% na estimativa da $\hat{\sigma}_e^2$ nesse último método em relação ao primeiro. Resultados semelhantes, porém de menor magnitude, foram encontrados por Costa et al. (2005) que observaram redução de 5,5% e 6,2% em média na $\hat{\sigma}_e^2$ em ensaios de feijão e milho, respectivamente Candido et al. (2009) observaram redução inferior a 2% em ensaios com clones de cana-de-açúcar e Cargnelutti Filho et al. (2003) observaram em ensaios de competição de cultivares de milho redução de até 57,4% na $\hat{\sigma}_e^2$ com a inclusão de diferentes tipos de covariáveis.

A maior estimativa da $\hat{\sigma}_g^2$ e menor estimativa de $\hat{\sigma}_e^2$, fornecidas pelo método de Papadakis refletiu em maior estimativa de herdabilidade obtida por esse método. Outra consequência do uso desse método foi a redução das estimativas do CV_e , indicativo de maior precisão experimental. O método de Papadakis além de possibilitar maior precisão experimental (menor estimativa da variância ambiental, menor estimativa do coeficiente de variação ambiental e maior estimativa da acurácia seletiva) (Tabela 8). Segundo

Cargnelutti Filho & Storck (2007) estimativas de \hat{h}_m^2 e $\hat{\sigma}_g^2$ elevadas significam maior variabilidade genética, AS e conseqüentemente maior possibilidade de êxito na seleção.

Tabela 8. Estimativas de parâmetros genéticos com seus respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança para o caráter produção de grãos (PG, em kg ha⁻¹). Variância genética entre progênies S_{0:2} ($\hat{\sigma}_g^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de variação ambiental entre médias de progênies S_{0:2} (CV_e%), acurácia seletiva (AS), coeficiente de variação genético (CV_g%), índice de variação (b), coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies S_{0:2} (\hat{h}_m^2), obtidos pela análise de variância conjunta para cada método de análise estatística avaliado.

Parâmetros ¹	Métodos de análise estatística	
	BAF	Papadakis
LS	449.313,30	892.944,06
$\hat{\sigma}_g^2$	308.124,24	678.748,06
LI	227.118,04	538.349,18
$\hat{\sigma}_F^2$	511.485,56	858.989,66
LS	230.505,49	199.775,32
$\hat{\sigma}_e^2$	203.361,32	180.241,59
LI	180760,93	163.449,38
CV _e %	7,03	6,62
AS	0,78	0,89
CV _g %	8,65	12,84
b	1,23	1,94
LS	68,29	83,07
\hat{h}_m^2	60,24	79,02
LI	49,53	73,61

¹BAF: $k_1 = 1,50$; $k_2 = 4,00$; Papadakis: $k_2 = 4,00$.

Segundo Cargnelutti Filho & Storck (2007) os pesquisadores classificam como experimentos mais precisos aqueles que têm maior variabilidade genética e menor variabilidade residual, ou seja, aqueles que discriminem mais os genótipos independentemente da média geral do ensaio. Observou-se que as estimativas da AS no BAF e Papadakis foram respectivamente 0,78 e 0,89 (Tabela 8). Pode-se dizer que a precisão nestes dois métodos foi alta, pois $AS \geq 0,70$. No entanto, o uso do método de Papadakis proporcionou aumento da AS, ou seja, precisão experimental mais alta, o que proporciona maior eficácia na seleção de progênies. Resultados semelhantes foram observados por Storck & Ribeiro (2011) avaliando linhagens de soja. Nesse sentido, a acurácia seletiva é uma medida de precisão experimental adequada para avaliar a qualidade dos experimentos, pois independe da média do ensaio, e está associada a maior

variabilidade genética e a menor variância residual (Resende & Duarte, 2007; Cargnelutti Filho & Storck, 2009; Cargnelutti Filho et al., 2009; Storck et al., 2011b; Cargnelutti Filho et al., 2012).

As estimativas do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}_m^2) entre médias de progênes $S_{0.2}$, observadas na Tabela 8, mostraram-se satisfatórias com base em seus intervalos de confiança nos dois métodos, os valores de \hat{h}_m^2 diferiram estatisticamente de zero ($\alpha=0,05$). Segundo Falconer & Mackay (1996), o valor da herdabilidade pode ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes de variância. É comum a ocorrência de erros relacionados às estimativas de herdabilidade e de outros componentes da variância genética. Desse modo, as estimativas obtidas devem ser avaliadas com cautela, sob a pena de não refletirem a fiel expressão do caráter. Apesar de não ter ocorrido amplo intervalo de variação nas estimativas da herdabilidade para o caráter, quando isto ocorre pode ser reflexo de erros de amostragem, das características populacionais e das diferenças ambientais. Portanto, a herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias ambientais às quais os indivíduos estão sujeitos (Vencovsky & Barriga, 1992).

Percebe-se que as estimativas de \hat{h}_m^2 variaram nos dois métodos de análise, destacando-se o método de Papadakis, no qual obteve-se a maior magnitude (79,02%). Resultados semelhantes foram encontrados por Souza et al. (2000), que avaliou 121 progênes $S_{0.2}$ de feijoeiro comum, em látice simples. A autora observou que houve melhoria na estimativa de \hat{h}_m^2 quando o método de Papadakis foi utilizado. Storck & Ribeiro (2011) avaliaram linhagens de soja, em DBC e observaram que o valor médio da estimativa de \hat{h}_m^2 passou 65% para 80% com o emprego do método de Papadakis. Os autores concluíram que o uso do método de Papadakis na análise de dados provenientes de programas de melhoramento de soja é recomendável, pois permitiu uma seleção não tendenciosa entre as linhagens avançadas, com alta precisão experimental.

As estimativas obtidas do coeficiente de variação genético ($CV_g\%$) variaram de 8,65% a 12,84%. Altos valores de CV_g permitem inferir que a população apresenta variabilidade genética em relação ao caráter PG, e que há possibilidade de se obter ganhos por seleção. A maior estimativa de $CV_g\%$ observada no método de Papadakis está associada à maior estimativa da $\hat{\sigma}_g^2$ (Tabela 8). Resultado semelhante foi observado por

Storck & Ribeiro (2011) que encontram estimativa do CV_g variando de 11,5% a 12,7%, com e sem o uso do método de Papadakis na avaliação de linhagens de soja.

Embora seja de uso generalizado, o CV_g é influenciado pela média, assim como o CV_e . O uso do índice de variação b é uma forma de contornar a limitação imposta pelo CV_g e auxiliar nas inferências realizadas com base no coeficiente de herdabilidade (Vencovsky & Barriga, 1992). O índice de variação b , corresponde à relação entre CV_g e CV_e , ou seja, quantifica a proporção da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental, livre do efeito da média. Assim, valores de b iguais ou superiores à unidade, indicam situação favorável à seleção, quando se estima a variância genética aditiva, este índice reflete a predominância de efeitos genéticos aditivos, expressos para o caráter em questão (Vencovsky, 1987). As estimativas do índice de variação b obtida para os dois métodos de análise expressaram valores maiores que a unidade. Entretanto, quando o método de Papadakis foi utilizado, a estimativa do índice de variação b foi maior, ou seja, esta é uma situação muito favorável à seleção. Cabe ressaltar que a maior magnitude do índice de variação b , apresentada neste método, corresponde a maiores estimativas de \hat{h}_m^2 e $\hat{\sigma}_g^2$ (Tabela 8).

As estimativas de $\phi_{\hat{\sigma}_e^2}$ refletem a eficiência na análise espacial (Papadakis) em relação à análise em BAF (Tabela 9). O valor inferior a 100% apresentado pelo método de Papadakis (88,63%) demonstra que o modelo, em média, contribuiu 11,37% para melhorar a eficiência do controle local. Ou seja, o método de Papadakis foi capaz de reduzir em 11,37% o erro experimental em relação ao BAF. Cargnelutti Filho et al. (2003) observaram redução média de 48,1% no erro experimental ao compararem cinco ensaios de competição de cultivares de milho, utilizando o método de Papadakis. Storck et al. (2008) ressalta que como a eficiência do método de Papadakis independe da eficiência do uso de blocos, seria recomendável o uso do delineamento inteiramente ao acaso, com a análise estatística realizada pelo método de Papadakis, sem que isso acarrete em prejuízos aos pressupostos da análise de variância, além de ganhos na precisão experimental e na qualidade de discriminação do material genético sob avaliação.

O método de Papadakis afetou as estimativas dos componentes de variância de progênies ($\hat{\sigma}_g^2$) e de herdabilidade (\hat{h}_m^2), em comparação ao BAF, pois provocou alterações na estimativa de $\phi_{\hat{\sigma}_g^2}$ e $\phi_{\hat{h}_m^2}$ (Tabela 9). Verifica-se que a maior alteração ocorreu em $\phi_{\hat{\sigma}_g^2}$ (120,28%), e isto ocorreu devido ao aumento na $\hat{\sigma}_g^2$. Observa-se que a alteração em $\phi_{\hat{h}_m^2}$

foi de 31,17%, isto pode ter ocorrido devido a maior magnitude na estimativa $\hat{\sigma}_g^2$ e menor estimativa de $\hat{\sigma}_e^2$, que proporcionaram aumento na estimativa de \hat{h}_m^2 .

Tabela 9. Estimativas das razões entre as estimativas da variância do resíduo ($\phi_{\hat{\sigma}_e^2}$); da variância genotípica ($\phi_{\hat{\sigma}_g^2}$) e da herdabilidade ($\phi_{\hat{h}_m^2}$), coeficiente de precisão experimental (CP), do coeficiente de repetibilidade (r); coeficiente de determinação (R^2) e número de repetições necessárias para predizer o valor real dos indivíduos, com 95% de determinação (η_0), coeficiente de correlação de Spearman entre o ordenamento dos genótipos para o caráter produção de grãos (PG, em kg ha⁻¹), em cada método de análise estatística.

Coeficientes	Estimativas das razões	
	$\phi_{\hat{\sigma}_e^2}$	88,63
$\phi_{\hat{\sigma}_g^2}$	220,28	
$\phi_{\hat{h}_m^2}$	131,17	
Métodos de análise estatística		
	BAF	Papadakis
CP	3,52	3,31
r	0,60	0,79
η_0	13 (12,5 ¹)	5,0
R^2	0,86	0,94
Correlação de Spearman	0,893**	

¹Os valores entre parênteses referem-se aos valores do número de repetições (η_0) estimados.

Outra forma de avaliar a qualidade de um experimento é por meio do coeficiente de precisão (CP), esta estatística leva em consideração o número de repetições do mesmo tratamento. Observa-se que os valores de CP variaram de 3,31% (Papadakis) a 3,52% (BAF). Quanto menor o CP , mais preciso e de melhor qualidade é o experimento (Tabela 9).

A estimativa do coeficiente de repetibilidade (r) oscilou entre 0,60 a 0,79, entre os dois métodos de análise estatística (Tabela 9). Altos valores do coeficiente de repetibilidade indicam regularidade na superioridade dos genótipos de um bloco para outro, dentro do mesmo ensaio e, conseqüentemente, necessidade de menor número de repetições para realizar a identificação de genótipos superiores. Também indicam que é viável predizer o valor real do indivíduo, utilizando-se número relativamente pequeno de medições (Cruz et al., 2012). Assim, para o BAF seria necessário número maior de repetições para predizer o real valor para o caráter PG, em relação ao método de

Papadakis. Resultados semelhantes foram obtidos em feijão (Cargnelutti Filho & Storck, 2009), soja (Storck et al., 2009) e milho (Cargnelutti Filho et al., 2010).

A variação das estimativas dos coeficientes de repetibilidade (r) entre o BAF e o método de Papadakis, resultou em variação no número de repetições para um mesmo valor de R^2 . Observa-se que seriam necessárias cinco repetições no método de Papadakis, enquanto que no BAF 13 repetições seriam requeridas, para afirmar, com 95% de precisão ($R^2 = 0,95$), a superioridade de determinada progênie para o caráter PG. Observou-se diferentes magnitudes de R^2 , entre os dois métodos de análise estatística. No entanto, com as quatro repetições (medições) realizadas e utilizando o método de Papadakis foi possível estimar, com 94% de certeza o real valor do caráter PG (Tabela 9). Segundo Resende & Duarte (2007), os valores estimados de R^2 seriam considerados de alta precisão (BAF) e de muito alta precisão (Papadakis).

O coeficiente de correlação de Spearman obtido entre os dois métodos foi alto, indicando que praticamente não houve alterações no ranqueamento das progênies. Ou seja, em ambos os métodos de análise estatística foram identificadas praticamente as mesmas progênies, pois o grau de associação foi de 89,3% (Tabela 9).

Observa-se que houve melhoria nas estatísticas que retratam a precisão experimental (\hat{h}_m^2 , $CV\%$, r , AS , CP e R^2), quando o método de Papadakis foi utilizado. A menor precisão das estimativas dos parâmetros genéticos obtidas com o uso do BAF não chega a comprometer sua utilidade, nas fases iniciais de um programa de melhoramento genético (Souza et al., 2000). Além disso, possui as vantagens de demandar menor área experimental e ser mais flexível quanto à disposição e ao número de tratamentos, uma vez que os blocos não têm necessariamente de possuir o mesmo número de parcelas. Para melhorar a eficiência deste delineamento, alguns aspectos têm que ser considerados, como a utilização de testemunhas adequadas, que representem bem a variação ambiental da população segregante, procurando-se, dentro do possível, utilizar alguns dos genótipos que estejam sendo avaliados (Bearzoti et al., 1997).

Observa-se que no geral o método de Papadakis trouxe vantagens sobre o BAF, e contribuiu para melhorias na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para um caráter tão complexo como a produção de grãos, e de grande interesse em programas de melhoramento genético. Assim o uso deste método pode ser relevante em programas de melhoramento no sentido de obter maior eficiência no processo de seleção.

4.2 ALTURA DE PLANTAS (AP)

O resumo da análise de variância conjunta de cada método avaliado para o caráter altura de plantas (AP, em cm) encontra-se na Tabela 10. A estimativa do QME obtida da análise de blocos aumentados de Federer (BAF) foi de magnitude superior em relação ao método de Papadakis, ou seja, o princípio do controle local utilizado no BAF pode não ter conseguido isolar fatores ambientais controláveis, e estes foram incluídos no resíduo. O controle local utilizado no BAF não foi tão eficiente quanto o controle realizado pelo índice ambiental do método de Papadakis. Isto pode ter ocorrido devido uma parcela possuir plantas com maior vigor do que as plantas das parcelas vizinhas, ou seja, há uma correlação entre os valores observados das parcelas que os métodos tradicionais, como o BAF, não conseguem captar e corrigir.

Tabela 10. Resumo da análise de variância conjunta para cada método de análise estatística avaliada, coeficiente de variação experimental (CV%), média geral (\bar{M}) das progênes $S_{0,2}$ para o caráter altura de plantas, (AP, em cm).

FV	BAF		FV	Papadakis	
	GL	QM		GL	QM
Locais (L)	1	4.791,11**	-	-	-
Blocos/Local	42	43,69**	-	-	-
Grupo (P vs T)	1	831,39**	Grupo (P vs T)	1	1.070,34**
Progênes (P)	197	71,35**	Progênes (P)	197	87,99**
Testemunhas (T)	3	1.112,15**	Testemunhas	3	1.529,43**
Grupo x L	1	0,81 ^{ns}	-	-	-
P x L	197	20,46 ^{ns}	-	-	-
T x L	3	37,05 ^{ns}	-	-	-
-	-	-	Regressão	1	15.048,51**
Resíduo	521	20,67	Resíduo	764	12,56
CV(%)		4,50			3,65
\bar{M}			101,13		

^{ns} e ** : teste F não significativo, significativo a 1%.

Observou-se diferenças genéticas altamente significativas ($p \leq 0,01$) para o efeito de progênes e testemunhas, mostrando que o BAF foi tão eficiente quanto o método de Papadakis em detectar diferenças entre as progênes. A significância entre genótipos é indicativo de que há variabilidade entre as progênes avaliadas e consequentemente, possibilidades de sucesso com a seleção. O efeito da interação P x L e T x L não foi

significativo no BAF, isto é indicativo de que as progênes e testemunhas tiveram o mesmo comportamento nos dois ambientes (Tabela 10).

Uma medida normalmente utilizada para verificar a precisão experimental é o coeficiente de variação ($CV\%$) (Tabela 10). Observa-se que os CV 's apresentaram baixa magnitude, o que já era esperado, pois o $CV\%$ para este caráter normalmente é baixo. As estimativas de $CV\%$ variaram de 3,65% (Papadakis) a 4,50% (BAF). Os valores encontrados de $CV\%$ para este caráter variaram de 4,82% (Cordeiro & Rangel, 2011) a 6,05% (Morais et al., 2013), ou seja, os valores observados para $CV\%$ no BAF foi inferior ao encontrados normalmente em ensaios de arroz.

O potencial genético de cada progênie pode ser um fator que provavelmente contribuiu para a menor precisão no BAF. Quando uma progênie de menor altura é alocada ao lado de outra com maior potencial de crescimento, essa apresenta menor expressão do caráter e isso consiste em fonte de variação para o resíduo. Além disso, a heterogeneidade do solo, tendo em vista, que a área é intensamente utilizada em pesquisas com a cultura do arroz, e provavelmente deve apresentar manchas de fertilidade, pode-se ainda ser atribuído à falta de uniformidade na lâmina de água, devido à desuniformidade no tabuleiro. Estas variações foram identificadas pelo método de análise espacial, que possui maior sensibilidade em detectar e corrigir esse tipo de variação.

4.2.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Pode-se observar que os intervalos de confiança associados à variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$) denotaram boa precisão nas estimativas, devido às pequenas amplitudes dos intervalos nos dois métodos. Verificou-se por meio dos intervalos de confiança obtidos, que as estimativas de $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ diferiram estatisticamente de zero nos dois métodos (Tabela 11).

A estimativa da $\hat{\sigma}_g^2$ foi maior e a estimativa da $\hat{\sigma}_e^2$, foi menor, com o uso do método de Papadakis. Isto refletiu nas estimativas de herdabilidade, que foram superiores para o método de Papadakis. Outra consequência do uso deste método foi a redução das estimativas do CV_e , indicativo de maior precisão experimental. O método de Papadakis possibilitou maior precisão experimental (menor estimativa da variância ambiental, menor estimativa do coeficiente de variação ambiental e maior estimativa da acurácia seletiva) (Tabela 11). Segundo Cargnelutti Filho & Storck (2009), estimativas de herdabilidade e

variância genética elevadas estão associadas com maior variabilidade genética, maior AS e consequentemente maior possibilidade de êxito na seleção, devido a possibilidade de se obter maior ganho de seleção. Silva Filho (2013) ressalta que quanto mais precisa for a estimativa de herdabilidade mais confiável é método de análise, nesse sentido ganhos em precisão experimental possibilitam a utilização de menor intensidade de seleção durante o processo de seleção.

Tabela 11. Estimativas de parâmetros genéticos para o caráter altura de plantas (AP, em cm), com seus respectivos limites superiores (*LS*) e inferiores (*LI*) dos intervalos de confiança. Variância genética entre progênes $S_{0:2}$ ($\hat{\sigma}_g^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de variação ambiental entre médias de progênes $S_{0:2}$ ($CV_e\%$), acurácia seletiva (*AS*), coeficiente de variação genético ($CV_g\%$), índice de variação (*b*), coeficiente de herdabilidade entre médias de progênes $S_{0:2}$ (\hat{h}_m^2), obtidos pela análise de variância conjunta, em cada método de análise estatística.

Parâmetros ¹	Métodos de análise estatística	
	BAF	Papadakis
<i>LS</i>	17,24	24,09
$\hat{\sigma}_g^2$	12,66	18,85
<i>LI</i>	9,76	15,15
$\hat{\sigma}_F^2$	17,82	21,98
<i>LS</i>	5,85	3,48
$\hat{\sigma}_e^2$	5,16	3,14
<i>LI</i>	4,59	2,85
$CV_e\%$	2,25	3,14
<i>AS</i>	0,84	0,93
$CV_g\%$	3,52	4,29
<i>b</i>	1,57	2,45
<i>LS</i>	76,90	88,48
\hat{h}_m^2	71,04	85,73
<i>LI</i>	63,23	82,05

¹BAF: $k_1 = 1,50$; $k_2 = 4,00$; Papadakis: $k_2: 4,00$;

As estimativas do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}_m^2), entre médias de progênes $S_{0:2}$, foram satisfatórias com base em seus intervalos de confiança nos dois métodos, diferindo estatisticamente de zero (Tabela 11). Segundo Falconer (1981), a principal função da herdabilidade é seu papel preditivo, que expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico, de tal forma que quanto maior herdabilidade, maior o ganho genético por seleção.

Segundo Vencovsky & Barriga (1992), a herdabilidade não é uma propriedade somente de um caráter, mas também da população e das circunstâncias ambientais às quais os indivíduos estão sujeitos. O valor da herdabilidade pode ser afetado se houver alteração em qualquer um dos componentes de variância. As estimativas de \hat{h}_m^2 variaram nos dois métodos de análise, destacando-se o método de Papadakis (85,73%). Isto ocorreu, provavelmente, devido as menores estimativas da $\hat{\sigma}_e^2$ e CV_e (Tabela 11). Para esse caráter, foram encontrados valores de herdabilidade que variaram de 55,3% (Cordeiro & Rangel, 2011) a 90,6% para progênies $S_{0:2}$ de arroz irrigado (Lopes, 2002b), sem utilizar análise espacial.

As estimativas obtidas dos coeficientes de variação genético ($CV_g\%$) apresentaram valores de 3,52% (BAF) a 4,29% (Papadakis), permitindo inferir que a população apresenta variabilidade genética em relação ao caráter AP, portanto possibilidade de se obter ganhos por seleção. A maior estimativa de CV_g apresentada pelo método de Papadakis é oriunda da maior estimativa de $\hat{\sigma}_g^2$, em relação à estimativa obtida no BAF (Tabela 11).

Verificou-se que as estimativas do índice de variação b obtidas para os dois métodos de análise, expressaram valores maiores que a unidade. No entanto, quando o método de Papadakis foi utilizado, a estimativa do índice de variação b foi maior (2,45), ou seja, esta é uma situação muito favorável à seleção. Cabe ressaltar que a maior magnitude do índice de variação b , apresentada neste método, corresponde a maiores estimativas de \hat{h}_m^2 e $\hat{\sigma}_g^2$ (Tabela 11).

Observou-se precisão experimental alta no BAF, pois $AS \geq 0,70$, no entanto quando se utilizou análise espacial, a precisão experimental foi muito alta, pois $AS \geq 0,90$, apresentando valor de 0,92 (Tabela 11). Segundo Resende & Duarte (2007), em ensaios de campo é desejável alto grau de precisão experimental e conseqüentemente, alta acurácia na inferência sobre as médias genotípicas, isto é, sobre os valores genotípicos dos tratamentos genéticos em avaliação. Em razão da alta de precisão na avaliação dos genótipos sob seleção, é possível obter ganhos genéticos significativos, avançando genótipos promissores. Técnicas utilizadas no planejamento, condução e análise dos dados podem melhorar a precisão dos resultados e evitar a perda de material genético com maior potencial (Storck et al., 2008).

O valor de $\phi_{\hat{\sigma}_e^2}$ inferior a 100% apresentado método de Papadakis (60,77%) indicam que o modelo, em média, contribuiu com 39,23% para melhorar a eficiência do controle local (Tabela 12). O método de Papadakis afetou as estimativas dos componentes de variância de progênes ($\hat{\sigma}_g^2$) e de herdabilidade (\hat{h}_m^2), em comparação ao BAF. Observa-se que a alteração em $\phi_{\hat{h}_m^2}$ foi de 20,68%, isto pode ter ocorrido devido a maior magnitude na estimativa $\hat{\sigma}_g^2$ e menor estimativa de $\hat{\sigma}_e^2$, que proporcionaram aumento na estimativa de \hat{h}_m^2 . Isto é uma situação favorável a seleção, pois deseja-se encontrar altos valores de $\hat{\sigma}_g^2$ e \hat{h}_m^2 , quanto maior forem estas estimativas, maiores serão os ganhos com a seleção.

Tabela 12. Estimativas das razões entre as estimativas da variância do resíduo ($\phi_{\hat{\sigma}_e^2}$); da variância genotípica ($\phi_{\hat{\sigma}_g^2}$) e da herdabilidade ($\phi_{\hat{h}_m^2}$), coeficiente de precisão experimental (CP), do coeficiente de repetibilidade (r), coeficiente de determinação (R^2), e número de repetições necessárias predizer o valor real dos indivíduos, com 95% de determinação (η_0), coeficiente de correlação de Spearman entre as médias para o caráter altura de plantas (AP, em cm), em cada método de análise estatística

Coeficientes	Estimativas das razões	
	BAF	Papadakis
$\phi_{\hat{\sigma}_e^2}$	60,77	
$\phi_{\hat{\sigma}_g^2}$	148,84	
$\phi_{\hat{h}_m^2}$	120,68	
Métodos de análise estatística		
	BAF	Papadakis
CP	1,12	0,88
r	0,71	0,86
η_0	8 (7,7 ¹)	4 (3,2 ¹)
R^2	0,91	0,96
Correlação de Spearman	0,928**	

¹ Os valores entre parênteses referem-se aos valores do número de repetições (η_0) estimados.

Outra forma de avaliar a qualidade de um experimento é por meio do CP , esta estatística leva em consideração o número de repetições do mesmo tratamento. Observa-se que os valores de CP variaram de 0,88% (Papadakis) a 1,12% (BAF). O menor valor de CP no método de Papadakis permite inferir que o experimento tornou-se mais preciso, pois quanto menor o CP , mais preciso e de melhor qualidade é o experimento. Assim as diferenças entre tratamentos, por menores que sejam, serão detectadas como significativas (Tabela 12).

Cargnelutti Filho et al. (2012) ressaltam que em programas de melhoramento genético de plantas é essencial à comparação de genótipos no campo. Nesses ensaios é importante identificar diferenças mesmo que pequenas entre os genótipos para o caráter em avaliação, para selecionar os melhores genótipos e descartar os menos promissores. Para adequada discriminação dos genótipos, é fundamental que os ensaios tenham elevada precisão experimental. Assim a adoção de técnicas experimentais que proporcionem melhorias na precisão dos ensaios, tais como, o método de Papadakis devem ser avaliadas no sentido de tornar o processo seletivo mais eficiente.

Entre os dois métodos de análise estatística, a estimativa do coeficiente de repetibilidade (r), para altura de plantas, oscilou entre 0,71 e 0,86. Ensaios que apresentam menor coeficiente de repetibilidade requerem maior número de repetições para predizer o valor real de determinado caráter e vice-versa (Cruz et al., 2012). Assim, para o BAF seria necessário maior número de repetições quando comparado ao método de Papadakis para predizer o real valor para o caráter AP (Tabela 12).

A variação das estimativas dos coeficientes de repetibilidade (r), entre os dois métodos de análise estatística resultou em variação no número de repetições para um mesmo valor de R^2 . Observa-se que seriam necessárias 7,7 repetições (na prática, igual a oito repetições) no BAF, e 3,5 (na prática, igual a quatro) no método de Papadakis para um mesmo R^2 , para afirmar, com 95% de precisão ($R^2 = 0,95$), a superioridade de determinado genótipo. Segundo Resende & Duarte (2007), os valores encontrados de R^2 são considerados de precisão muito alta. Observou-se diferentes magnitudes para R^2 , em entre os dois métodos estatísticos. No entanto, com as quatro repetições realizadas foi possível estimar com 91% de certeza a predição do real valor do caráter AP utilizando o BAF, e 96% de certeza com o método de Papadakis (Tabela 12).

O coeficiente de correlação de Spearman entre as médias estimadas no BAF, e as médias estimadas no método de Papadakis, mostra que as diferenças foram pequenas entre estes métodos. O grau de associação entre a classificação das progênies no BAF e no Papadakis foi de 92,8%, ou seja, em ambos os métodos praticamente seleciona-se as mesmas progênies (Tabela 12).

Na literatura é extenso o número de trabalhos que avaliam o planejamento experimental como o número de repetições, tamanho e forma de parcelas. Detalhes sobre este assunto podem ser encontrados em Zimmermann (2004), Banzatto & Kronka (2006), Pimentel Gomes (2009), Silva Filho (2013) e Storck et al. (2011a). Como foi observado

neste trabalho quando se utilizou a análise espacial (Papadakis) em geral, houve melhorias nas estatísticas que retratam a precisão experimental como a AS , \hat{h}_m^2 e o CP . Isto foi proporcionado pela redução nas estimativas da $\hat{\sigma}_e^2$ e do $CV\%$, sendo isto, indicativo de que houve melhorias na precisão experimental com o uso do método de Papadakis. Observou-se também que as estimativas de R^2 foram maiores nesta metodologia, indicando que os parâmetros se ajustam razoavelmente bem ao modelo estabelecido.

4.3 RESPOSTA ESPERADA À SELEÇÃO DIRETA E RESPOSTA CORRELACIONADA

Foram obtidas estimativas de resposta esperada à seleção (Rs) e percentual da resposta esperada à seleção ($Rs \%$), para a seleção direta e indireta para os caracteres PG e AP. Também estão apresentadas a média geral de progênies $S_{0.2}(\bar{M}_0)$, média das progênies $S_{0.2}$ selecionadas (\bar{M}_s) e diferencial de seleção (ds) para intensidade de seleção de 10%, 20% e 30%. Nota-se que a média das progênies selecionadas no BAF foi de magnitude superior em relação ao método de Papadakis (Tabela 13). Porém, isto não refletiu em maiores estimativas de resposta esperada à seleção direta em PG. Isto porque as estimativas de \hat{h}_m^2 foram inferiores (60,24%) em relação ao método de Papadakis (79,02%). Com isso, percebe-se a importância da redução do erro experimental na obtenção de estimativas como a herdabilidade.

Os resultados observados são superiores aos encontrados por Rangel et al. (2002) e Cordeiro & Rangel (2011), respectivamente, 369,9 kg.ha⁻¹ e 308,2 kg.ha⁻¹. A Rs direta para o caráter PG foi 858,48 kg.ha⁻¹ (média das três intensidades de seleção), utilizando o método de Papadakis. Observa-se que à medida que se aumenta a proporção de progênies selecionadas a Rs diminui consideravelmente nos dois métodos de análise, isto ocorre devido à seleção de progênies com menor média (Tabela 13).

As estimativas de resposta esperada à seleção direta em AP foram no sentido de reduzir o porte, com magnitude variável nos dois métodos de análise estatística. A maior estimativa foi obtida no Papadakis (Tabela 13), novamente devido a maior estimativa de \hat{h}_m^2 (85,73%). Assim, com auxílio do método de Papadakis, seria possível obter resultados mais rápidos e significativos quanto à redução da média populacional para AP. A Rs direta para o caráter AP foi -6,32cm (média das três intensidades de seleção), utilizando o método de Papadakis. Observa-se que à medida que se aumenta a proporção

de progênies selecionadas a R_s diminui consideravelmente nos dois métodos de análise, isto ocorre devido à seleção de progênies com maior média (Tabela 13). Nesse sentido, os resultados obtidos com o uso do método de Papadakis corroboram com o ideotipo de planta de arroz moderno, pois deseja-se plantas mais compactas com altura em torno de 100 cm. Isto permite que estas tolerem níveis mais elevados de adubação nitrogenada sem acamarem, o que, associado à alta capacidade fotossintética e à emissão de perfilhos, possibilita bons índices de produção de grãos (Terres et al., 2004).

Tabela 13. Estimativas da média da população original (\bar{M}_0) e selecionada (\bar{M}_s), diferencial de seleção (ds), resposta esperada à seleção (R_s) e porcentual da resposta esperada à seleção ($R_s \%$), para a seleção direta nos caracteres produção de grãos, (PG, em kg ha⁻¹) e altura de plantas (AP, em cm), em cada método de análise estatística.

Parâmetros	Intensidade de seleção (%)					
	10%		20%		30%	
	----- Seleção direta para produção de grãos -----					
	BAF	Papadakis	BAF	Papadakis	BAF	Papadakis
\bar{M}_0	6.415,89					
\bar{M}_s	7.972,69	7.722,20	7.735,25	7.483,59	7.560,24	7.301,22
ds	1.556,80	1.306,31	1.319,36	1.067,70	1.144,35	885,33
R_s^1	937,83	1.032,21	794,80	843,66	689,37	699,56
$R_s \%$	14,62	16,09	12,39	13,15	10,74	10,90
	----- Seleção direta para altura de plantas -----					
\bar{M}_0	101,13					
\bar{M}_s	92,79	91,98	95,08	94,03	96,42	95,28
ds	-8,34	-9,15	-6,05	-7,10	-4,71	-5,85
R_s^1	-5,92	-7,84	-4,30	-6,09	-3,35	-5,02
$R_s \%$	-5,86	-7,76	-4,25	-6,02	-3,31	-4,96

¹ Valores de coeficiente de herdabilidade, no sentido amplo, entre médias de progênies $S_{0,2}$, para cálculo da resposta esperada à seleção, estão apresentados nas Tabelas 8 e 11 para os caracteres produção de grãos e altura de plantas, em cada método de análise estatística.

As estimativas de resposta correlacionada em PG com seleção em AP foram positivas, no BAF, aumentando conforme diminui a intensidade de seleção. Ou seja, supondo uma seleção baseada na altura de plantas seria possível obter ganhos em produção de grãos. Apesar de ter sido observada resposta correlacionada para PG no BAF, observa-se que a seleção de progênies com maior potencial de produção de grãos esta ocasionando aumento na altura de plantas (Tabelas 13 e 14). Quando o método de Papadakis foi

utilizado a $RC_{y(x)}$ foi negativa. Neste caso, a seleção de plantas mais baixas estaria ocasionando redução na produção de grãos.

Não houve resposta correlacionada em AP com seleção em PG em nenhum dos dois métodos de análise estatística (Tabela 14). Observa-se que a seleção de plantas mais produtivas estaria ocasionando a seleção de plantas com maior altura de plantas. No entanto, convém salientar que são progênies segregantes, e ainda podem-se conseguir progressos para esse caráter com a seleção de linhagens nessas progênies.

Tabela 14. Estimativas da média da população original (\bar{M}_0) e selecionada (\bar{M}_s), diferencial de seleção (ds), resposta correlacionada ($RC_{y(x)}$) e percentual da resposta esperada à seleção (Rs , %), para os caracteres produção de grãos, (PG, em kg ha^{-1}) e altura de plantas (AP, em cm) em cada método de análise estatística.

Parâmetros	Intensidade de seleção (%)					
	10%		20%		30%	
----- Resposta correlacionada para produção de grãos -----						
Métodos de análise estatística						
	BAF	Papadakis	BAF	Papadakis	BAF	Papadakis
\bar{M}_0	6.415,89					
$\bar{M}_{s y(x)}$	6443,26	6.325,34	6497,76	6.182,36	6508,41	6.122,48
$ds_{y(x)}$	27,37	-90,55	81,87	-233,53	92,52	-293,41
$RC_{y(x)}^1$	16,49	-71,55	49,32	-184,53	55,74	-231,84
Rs %	0,26	-1,12	0,77	-2,88	0,87	-3,61
----- Resposta correlacionada para altura de plantas -----						
\bar{M}_0	101,13					
$\bar{M}_{s y(x)}$	101,76	101,57	102,61	101,20	103,04	101,48
$ds_{y(x)}$	0,63	0,44	1,48	0,07	1,91	0,35
$RC_{y(x)}^1$	0,45	0,38	1,05	0,06	1,36	0,30
Rs %	0,44	0,37	1,04	0,06	1,34	0,30

¹ Valores de coeficiente de herdabilidade, no sentido amplo, entre médias de progênies $S_{0,2}$, para cálculo da resposta correlacionada à seleção, estão apresentados nas Tabelas 8 e 11 para os caracteres produção de grãos e altura de plantas, em cada estratégia de análise estatística.

Observa-se que com o uso do método de Papadakis a seleção direta foi mais eficiente do que a seleção indireta, pois ao selecionar progênies mais produtivas selecionou-se plantas mais altas e ao selecionar plantas mais baixas selecionou-se progênies menos produtivas. Embora no BAF existam ganhos, estes foram de pequena magnitude. Neste caso, independente do método de análise utilizado deve-se priorizar a seleção direta para os dois caracteres avaliados, e quanto menor a intensidade de seleção

maior o ganho quando o método de Papadakis foi utilizado. Cargnin et al. (2010) e Morais Júnior (2013) ressaltam que existe correlação genética negativa entre a produção de grãos e altura de plantas. Nesse sentido, ao selecionar em um caráter possivelmente pode-se não obter ganhos satisfatórios no outro.

5 CONCLUSÕES

- i. O BAF mostrou-se eficiente no controle ambiental, no entanto, considerando as estatísticas de avaliação utilizadas o método de Papadakis mostrou maior eficiência em controlar a heterogeneidade ambiental, sendo esse, uma alternativa para redução do erro experimental;
- ii. O método de Papadakis mostrou-se eficiente em relação ao BAF na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, isto permitiu a obtenção de ganhos genéticos maiores para produção de grãos e altura de plantas quando esse método foi utilizado;
- iii. Não foram observados ganhos indiretos expressivos para produção e altura em nenhum dos métodos de análise estatística utilizados.

6 REFERÊNCIAS

- AMARO, G. B.; ABREU, A.; RAMALHO, M. A. P.; SILVA, F. B. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 30, n. 3, p. 584-588, 2007.
- ANSELIN, L.; GRIFFITH, D. A. Do spatial effects really matter in regression analysis? **Papers in Regional Science**, New York, v. 65, n. 1, p. 11-34, 1988.
- ARANTES, L. D. O.; ABREU, Â. D. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 3, p. 232-237, 2010.
- AZAMBUJA, I. H.; VERNETTI JR., F. J.; MAGALHÃES JR., A., M. Aspectos socioeconômicos da produção de arroz In: GOMES, A. S.; MAGALHÃES JR., A. M. (Ed.). **Arroz irrigado no sul do Brasil**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p. 23-44.
- BADAM, A. C. C. **Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de arroz de sequeiro e suas implicações para o melhoramento**. 1999. 51 f. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade Estadual de São Paulo, Piracicaba, 1999.
- BALTENBERGER, D. E.; OHM, H. W.; FOSTER, J. E. Recurrent selection for tolerance to barley yellow dwarf virus in oat. **Crop Science**, Madison, v. 28, n. 3, p. 477-480, 1988.
- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação agrícola**. 4 ed. Jaboticabal: FUNEP, 2006, 237 p.
- BARRON, E. J.; PASINI, R. J.; DAVIS, D. W.; STUTHMAN, D. D.; GRAHAM, P. H. Response to selection for seed yield and nitrogen (N₂) fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 62, n. 2, p. 119-128, 1999.
- BARTLETT, M. Nearest neighbour models in the analysis of field experiments. **Journal of the Royal Statistical Society.**, v. 40, n. 2, p. 147-174, 1978.
- BASSINELLO, P. Z.; NAVES, M. M. V. Bioquímica e saúde humana. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. (Ed.). **A cultura do arroz no Brasil**. 2 ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p. 31-51.

BEARZOTI, E.; PINTO, C. A. B. P.; DE OLIVEIRA, M. S. Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones em um programa de melhoramento de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 9, p. 877-884, 1997.

BEAVER, J. S.; KELLY, J. D. Comparison of selection methods for dry bean populations derived from crosses between gene pools. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 34-37, 1994.

BENIN, G.; STORCK, L.; MARCHIORO, V. S.; FRANCO, F. D. A.; SCHUSTER, I.; TREVIZAN, D. M. Improving the precision of genotype selection in wheat performance trials. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 4, p. 234-240, 2013.

BENITES, F. R. G.; PINTO, C. A. B. P. Genetic gains for heat tolerance in potato in three cycles of recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. 2, p. 133-140, 2011.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 5 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2009, 529 p.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M.; 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**, São Paulo, v. 27, n. 3, p. 478-490, 2009.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Brasil projeções do agronegócio 2010/2011 a 2020/2021**. Brasília: AGE/MAPA, 2011. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/file/Ministerio/gestao/projecao/PROJECOES%20DO%20AGRONEGOCIO%202010-11%20a%202020-21%20-%202_0.pdf>. Acesso em 23 nov. 2013.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Projeções do Agronegócio : Brasil 2012/2013 a 2022/2023**. Brasília: AGE/MAPA, 2013. 96 p.

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.; CASTRO, E.; PRABHU, A.; BASSINELLO, P.; PEREIRA, J.; UTUMI, M.; FERREIRA, M.; SOARES, A. Recurrent selection resulted in rapid genetic gain for upland rice in Brazil. **International Rice Research Notes**, Manila, v. 34, n. 4, 2009.

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O. P.; PINHEIRO, P. V.; SILVA, A. C. S.; CASTRO, E. D. M. D.; GUIMARÃES, É. P.; CASTRO, A. P.; PEREIRA, J. A.; LOPES, A. M.; UTUMI, M. M. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, Madison, v. 51, n. 3, p. 914-923, 2011.

BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. D. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 3, p. 399-407, 1999.

BROWNIE, C.; BOWMAN, D. T.; BURTON, J. W. Estimating spatial variation in analysis of data from yield trials: a comparison of methods. **Agronomy Journal**, Madison, v. 85, n. 6, p. 1244-1253, 1993.

BURDICK, R. K.; GRAYBILL, F. A. **Confidence intervals on variance components**. New York: Marcel Dekker, 1992, 211 p.

BURTON, J.; KOINANGE, E.; BRIM, C. Recurrent selfed progeny selection for yield in soybean using genetic male sterility. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 6, p. 1222-1226, 1990.

CANDIDO, L. S.; PERECIN, D.; LANDELL, M. D. A.; PAVAN, B. E. Análise de vizinhança na avaliação de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1304-1311, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; MARCHESAN, E.; SILVA, L.; TOEBE, M. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de arroz irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 3, p. 336-343, 2012.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 01, p. 17-24, 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 2, p. 111-117, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; GUADAGNIN, J. P. Número de repetições para a comparação de cultivares de milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 5, p. 1023-1030, 2010.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LÚCIO, A. Ajustes de quadrado médio do erro em ensaios de competição de cultivares de milho pelo método de Papadakis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 4, p. 467-473, 2003.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1225-1231, 2009.

CARGNIN, A.; SOUZA, M. A.; PIMENTEL, A. J. B.; FOGAÇA, C. M. Diversidade genética em cultivares de arroz e correlações entre caracteres agrônômicos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 1, p. 53-59, 2010.

CASTRO, E. M.; BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAES, O. P. Melhoramento do arroz. In: BOREM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Ed. UFV, 2005. p. 103-140.

CHANG, T. T.; LI, C. C. Genetics and Breeding. In: LUH, B. S. (Ed.). **Rice: production and utilization**. AVI: Westport Conn, 1980. p. 82-146.

CLARKE, F.; BAKER, R.; DEPAUW, R. Plot direction and spacing effects on interplot interference in spring wheat cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 655-658, 2000.

COCKERHAM, C. C. Effects of linkage on the covariances between relatives. **Genetics**, Bethesda, v. 41, n. 1, p. 138-141, 1956.

CORDEIRO, A. C. C.; MEDEIROS, R. D. Desempenho produtivo de genótipos de arroz oriundos de hibridação interespecífica entre *Oryza sativa* e *Oryza glumaepatula* em várzea de Roraima. **Amazônia - ciência & desenvolvimento**, v. 5, n. 10, p. 1-15, 2010.

CORDEIRO, A. C. C.; RANGEL, P. H. N. Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima. **Revista agro ambiente On-line**, Boa Vista, v. 5, n. 3, p. 182-187, 2011.

COSTA, J. R.; BUENO FILHO, J. D. S.; RAMALHO, M. A. P. Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 11, p. 1073-1079, 2005.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012, 514 p.

CULLIS, B.; GLEESON, A. Spatial analysis of field experiments-an extension to two dimensions. **Biometrics**, Washington, v. 47, n. 4, p. 1449-1460, 1991.

CUTRIM, V. A.; RAMALHO, M. A. P.; CARVALHO, A. M. Eficiência da seleção visual na produtividade de grãos de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 6, p. 601-606, 1997.

DE KOEYER, D. L.; STUTHMAN, D.; FULCHER, R.; POMERANKE, G. Effects of recurrent selection for grain yield on oat kernel morphology. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 5, p. 924-928, 1993.

DE KOEYER, D. L.; STUTHMAN, D. D. Continued response through seven cycles of recurrent selection for grain yield in oat (*Avena sativa* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 104, n. 1, p. 67-72, 1998.

DELOGU, G.; LORENZONI, C.; MAROCCO, A.; MARTINIELLO, P.; ODOARDI, M.; STANCA, A. M. A recurrent selection programme for grain yield in winter barley. **Euphytica**, Wageningen, v. 37, n. 2, p. 105-110, 1988.

DESTRO, D.; MONTALVÁN, D. Seleção de parentais e geração F₁. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, D. (Ed.). **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: editora UEL, 1999. p. 207-218.

DUARTE, J. B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. 2000. 299 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade Estadual de São Paulo, Piracicaba, 2000.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Spatial statistical analysis and selection of genotypes in plant breeding. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 107-114, 2005.

FAGERIA, N. K. Adubação e calagem. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. (Ed.). **A cultura do arroz no Brasil**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p. 425-450.

FAGUNDES, P. R. R. **Implicações da seleção recorrente para caracteres adaptativos de uma população de arroz irrigado**. 2004. 77 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia: Plantas de Lavoura) - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2004.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa** Viçosa: Universitária, 1981, 279 p.

FARIA, L. C. P. **Progresso genético do programa de melhoramento do feijoeiro-comum da Embrapa no Brasil**. 2011. 119 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2011.

FEDERER, W. T. **Augmented (hoonuiaku) designs**. Aiea: Hawaiian Planters' Record, v. 55, 1956. p. 191-208.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987, 536 p.

FERES, A. L. G. **Análise estatística espacial na avaliação de produtividade no melhoramento genético do feijoeiro**. 2009. 89 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.

FERREIRA, C. M.; PINHEIRO, B. S.; MORAIS, O. P. **Qualidade do arroz no Brasil: evolução e padronização**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005, 61 p.

FONSECA, J. R.; BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P. V.; RANGEL, P. H. N. Recursos genéticos. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. (Ed.). **A cultura do arroz no Brasil**. 2 ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p. 257-288.

FORNASIERI FILHO, D.; FORNASIERI, J. L. **Manual da cultura do arroz**. Jaboticabal: FUNEP, 1993.

FOX, J. C.; BI, H.; ADES, P. K. Spatial dependence and individual-tree growth models: II. Modelling spatial dependence. **Forest ecology and management**, Amsterdam, v. 245, n. 1, p. 20-30, 2007.

FOX, J. C.; BI, H.; ADES, P. K. Modelling spatial dependence in an irregular natural forest. **Silva Fennica**, Finland, v. 42, n. 1, p. 35, 2008.

FREY, K. J.; HOLLAND, J. B. Nine cycles of recurrent selection for increased groat-oil content in oat. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 6, p. 1636-1641, 1999.

FREY, K. J.; MCFERSON, J. K.; BRANSON, C. V. A procedure for one cycle of recurrent selection per year with spring-sown small grains. **Crop Science**, Madison, v. 28, n. 5, p. 855-856, 1988.

GERALDI, I. O. Selección recurrente en ele mejoramiento de plantas. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 1997. p. 3-10.

GLEESON, A. C.; CULLIS, B. R. Residual maximum likelihood (REML) estimation of a neighbour model for field experiments. **Biometrics**, Washington, v. 43, n. 2, p. 277-287, 1987.

GREEN, P.; JENNISON, C.; SEHEULT, A. Analysis of field experiments by least squares smoothing. **Journal of the Royal Statistical Society**, London, v. 47, n. 2, p. 299-315, 1985.

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

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3 ed. New York: Springer, 2010.

HOLLAND, J. B.; BJØRNSTAD, A.; FREY, K. J.; GULLORD, M.; WESENBERG, D. M.; BURAAAS, T. Recurrent selection in oat for adaptation to diverse environments. **Euphytica**, Wageningen, v. 113, n. 3, p. 195-205, 2000.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. **Levantamento sistemático da produção agrícola**. Rio de Janeiro: IBGE, 2013. 81 p. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em 23 nov. 2013.

JIANG, G.; WU, Z.; HUANG, D. Effects of recurrent selection for resistance to scab (*Gibberella zeae*) in wheat. **Euphytica**, Wageningen, v. 72, n. 1-2, p. 107-113, 1994.

KENWORTHY, W. J.; BRIM, C. A. Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 3, p. 315-318, 1979.

KRAMER, W. Finite sample efficiency of ordinary least squares in the linear regression model with autocorrelated errors. **Journal of the American Statistical Association**, Maryland, v. 75, n. 372, p. 1005-1009, 1980.

LEWIS, M. E.; GRITTON, E. T. Use of one cycle of recurrent selection per year for increasing resistance to *Aphanomyces root rot* in peas. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 117, n. 4, p. 638-642, 1992.

LOPES, S. I. G. **Avaliação dos parâmetros genéticos da população de arroz irrigado CNA 11 e da divergência genética entre os genitores.** 2002a. 92 f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002a.

LOPES, M. C. B. **Caracterização fenotípica e molecular de genótipos de arroz irrigado.** 2002b. 80 f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2002b.

MAICH, R. H.; GAIDO, Z. A.; MANERA, G. A.; DUBOIS, M. E. Two cycles of recurrent selection for grain yield in bread wheat. Direct effect and correlated responses. **Agriscientia**, Córdoba, v. 17, n. 1, p. 35-39, 2000.

MENEZES JÚNIOR, J. Â. N.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, São Paulo, v. 67, n. 4, p. 833-838, 2008.

MILLER, J. E.; FEHR, W. R. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 1, p. 101-106, 1979.

MONTALVÁN, R.; BARBIN, D. Estatística e melhoramento genético de plantas. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, D. (Ed.). **Melhoramento genético de plantas.** Londrina: editora UEL, 1999. p. 85-102.

MORAIS JÚNIOR, O. P. **Variabilidade e progresso genético com seleção recorrente em arroz de terras altas.** 2013. 152 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2013.

MORAIS, O. P. Tamaño efectivo de la población. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección recorrente em arroz** Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1997. p. 25-44.

MORAIS, O. P.; RANGEL, P. H. N.; FAGUNDES, P. R. R.; CASTRO, E. M.; NEVES, P. C. F.; CUTRIM, V. A.; PRABHU, A. S.; BRONDANI, C.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. Melhoramento genético. In: SANTOS, A. B.; STONE, L. F.; VIEIRA, N. R. A. (Ed.). **A cultura do arroz no Brasil.** 2 ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. p. 289-358.

MORAIS, O. P.; FAGUNDES, P. R. R.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; MOURA NETO, F. P.; MARSCHALECK, R.; NEVES, P. F. C.; COLOMBARI FILHO, J. M.; SOARES, D. M.; SEVERO, A. C. M.; SOUZA, J. A. C. Ganhos em dez anos de melhoramento da população-elite de arroz irrigado da Embrapa na região subtropical. In: Congresso brasileiro de arroz irrigado, 7., 2013. Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: UFSM, Sociedade Sul-Brasileira de Arroz Irrigado, 2013. 1112p.

MOSER, H.; FREY, K. Direct and correlated responses to three S1-recurrent selection strategies for increasing protein yield in oat. **Euphytica**, Wageningen, v. 78, n. 1-2, p. 123-132, 1994a.

MOSER, H.; FREY, K. Yield component responses associated with increased groat yield after recurrent selection in oat. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 4, p. 915-922, 1994b.

MOSER, H. S.; FREY, K. J. Effects of S₁-recurrent selection for protein yield on seven agronomic traits of oat. **Euphytica**, Wageningen, v. 70, n. 1-2, p. 141-150, 1993.

OLMEDO-ARCEGA, O. B.; ELIAS, E. M.; CANTRELL, R. G. Recurrent selection for grain yield in durum wheat. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 3, p. 714-719, 1995.

ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA. FAO Statistical yearbook 2013: world food and agriculture. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em 23 nov. 2013a.

ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA. **FAO Rice Market Monitor**. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/017/aq144e/aq144e.pdf>>. Acesso em 23 nov. 2013b.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 217-264.

PATTERSON, H.; HUNTER, E. The efficiency of incomplete block designs in National List and Recommended List cereal variety trials. **Journal Agricultural Science**, Madison, v. 101, n. 2, p. 427-433, 1983.

PEARCE, S. Field experimentation on rough land: the method of Papadakis reconsidered. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 131, n. 1, p. 1-11, 1998.

PEDROSO, B. A. **Arroz irrigado: obtenção e manejo de cultivares**. 3 ed. Porto Alegre: Sagra, 1989, 179 p.

PEREIRA, J. A. **Cultura do Arroz no Brasil: subsídios para a sua história**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2002. 226 p.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M.; BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, 2009.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15 ed. Piracicaba: FEALQ, 2009, 451 p.

POMERANKE, G. J.; STUTHMAN, D. D. Recurrent selection for increased grain yield in oat. **Crop Science**, Madison, v. 32, n. 5, p. 1184-1187, 1992.

QIAO, C.; BASFORD, K.; DELACY, I.; COOPER, M. Evaluation of experimental designs and spatial analyses in wheat breeding trials. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 100, n. 1, p. 9-16, 2000.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; DOS SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, n. 1-2, p. 23-29, 2005.

RAMALHO, M. A. P.; SILVA, G. D.; DIAS, L. D. S. Genetic plant improvement and climate changes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 189-195, 2009.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3 ed. Lavras: Ed. UFLA, 2012a, 328 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 5 ed. Lavras: UFLA, 2012b, 566 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012c.

RANGEL, P. H. N.; CORDEIRO, A. C. C.; BRONDANI, C.; BRONDANI, R. P.; LOPES, S. I. G.; MORAIS, O. P.; SCHIOCCHET, M.; YOKOYAMA, S. I., T. . Avances en el mejoramiento poblacional del arroz de riego en Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Mejoramiento poblacional , una alternativa para explorar los recursos genéticos del arroz en la América Latina**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical, 2003. p. 150-198.

RANGEL, P. H. N.; GUIMARÃES, E. P.; NEVES, P. C. F. Base genética das cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) irrigado do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 5, p. 349-357, 1996.

RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P.; PFEILSTICKER, F. J. Grain yield gains in three recurrent selection cycles in the CNA-IRAT 4 irrigated rice population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, n. 3, p. 369-374, 2002.

RANGEL, P. H. N.; NEVES, P. C. F. Selección recurrente aplicada al arroz de Riego em Brasil. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección Recurrente em Arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1997. p. 79-97.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. D.; GUIMARÃES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 8, p. 1595-1604, 2000.

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

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

SATTERTHWAITE, F. E. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics Bulletin**, Washington, v. 2, n. 6, p. 110-114, 1946.

SILVA, M. A. **Melhoramento animal: conceitos básicos da análise de dados**. Viçosa: ed Viçosa, 1982. p. 1-89.

SILVA FILHO, J. L. Optimizing the number of progenies and replications in plant breeding experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 3, p. 151-157, 2013.

SILVA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; NUNES, J. A. R. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 351-356, 2010.

SINGH, R. J.; IKEHASHI, H. I. Monogenic male-sterility in rice: introduction, identification and inheritance. **Crop Science**, Madison, v. 21, n. 1, p. 286-289, 1981.

SINGH, S. P.; TERÁN, H.; MUÑOZ, C. G.; TAKEGAMI, J. C. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 391-397, 1999.

SOARES, P. C.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; SOARES, A. A. Genetic gain in improvement program of irrigated rice in Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, n. 2, p. 142-148, 2005.

SOLÍS MOYA, E.; MIR, H. E. V.; GALÁN, J. M.; RANGEL, E. E.; SANTANA, T. C.; GARZA, A. M. Selección masal visual recurrente para rendimiento de grano en una población droestéril de trigo harinero. **Agrociencia**, México, v. 36, n. 2, p. 191-200, 2002.

SOUZA, E. A. **Alternativas experimentais na avaliação de progênies em programas de melhoramento genético vegetal**. 1997. 122 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola de Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade Estadual de São Paulo, Piracicaba, 1997.

SOUZA, E. A.; GERALDO, I. O.; RAMALHO, M. A. P. Alternativas experimentais na avaliação de famílias em programas de melhoramento genético do feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 9, p. 1765-1771, 2000.

SOUZA, E. A. D.; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P.; BERTOLUCCI, F. D. L. G. Experimental alternatives for evaluation of progenies and clones in eucalyptus breeding programs. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 27, n. 4, p. 427-434, 2003.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H.; DICKEY, D. A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3 ed. New York: McGraw Hill Book, 1997, 666 p.

STORCK, L.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LUCIO, A.; LOPES, S. J. Método de Papadakis e número de repetições em experimentos de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 04, p. 977-982, 2009.

STORCK, L.; GARCIA, D. C.; ESTEFANEL, V. **Experimentação Vegetal**. 3 ed. Santa Maria: Editora UFSM, 2011a, 200 p.

STORCK, L.; LOPES, S. J.; CARGNELUTTI FILHO, A.; LÚCIO, A. D. C.; TOEBE, M. Experimental precision in corn trials using the Papadakis method. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 6, p. 1458-1464, 2010.

STORCK, L.; LOPES, S. J.; MARQUES, D. G.; TISOTT, C. A.; ROS, C. D. Análise de covariância para melhoria da capacidade de discriminação em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 7, p. 1311-1316, 2000.

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p. 753-758, 2011.

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D.; CARGNELUTTI FILHO, A. Precisão experimental de ensaios de feijão analisada pelo método de Papadakis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 798-804, 2011b.

STORCK, L.; STECKLING, C.; ROVERSI, T.; LOPES, S. J. Utilização do método de Papadakis na melhoria da qualidade experimental de ensaios com soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 5, p. 581-587, 2008.

STROUP, W. W.; BAENZIGER, P. S.; MULITZE, D. K. Removing spatial variation from wheat yield trials: a comparison of methods. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 62-66, 1994.

TERRES, A. L. S.; FAGUNDES, P. R. R.; MACHADO, M. O.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; NUNES, C. D. M. Melhoramento genético e cultivares de arroz. In: GOMES, A. S.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M. (Ed.). **Arroz irrigado**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p. 161-235.

TOWNLEY-SMITH, T.; HURD, E. Use of moving means in wheat yield trials. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 53, n. 3, p. 447-450, 1973.

UPHOFF, M. D.; FEHR, W. R.; CIANZIO, S. R. Genetic gain for soybean seed yield by three recurrent selection methods. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 4, p. 1155-1158, 1997.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 135-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 486 p.

WANDER, A. E. ; SILVA, O. F. da. Sustentabilidade econômica da cultura do arroz no Brasil. In: 51º Congresso da Sociedade Brasileira de Economia, Administração e Sociologia Rural - SOBER, 2013, Belém-PA. **Anais....** Brasília - DF: SOBER, 2013. p. 1-13.

WARREN, J.; MENDEZ, I. Methods for estimating background variation in field experiments. **Agronomy Journal**, Madison, v. 74, n. 6, p. 1004-1009, 1982.

WERNER, B. K.; WILCOX, J. R. Recurrent selection for yield in *Glycine max* using genetic male-sterility. **Euphytica**, Wageningen, v. 50, n. 1, p. 19-26, 1990.

WIERSMA, J. J.; BUSCH, R. H.; FULCHER, G. G.; HARELAND, G. A. Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 4, p. 999-1005, 2001.

WILCOX, J. R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 6, p. 1536-1540, 1998.

YANG, Z. P.; YANG, X. Y.; HUANG, D. C. Improvement of resistance to *Fusarium* head blight by recurrent selection in an intermating breeding spring wheat population using the dominant male-sterile gene ms 2. **Euphytica**, Wageningen, v. 112, n. 1, p. 79-88, 2000.

ZHANG, L.; GOVE, J. H.; HEATH, L. S. Spatial residual analysis of six modeling techniques. **Ecological Modelling**, Amsterdam, v. 186, n. 2, p. 154-177, 2005.

ZIMMERMAN, D. L.; HARVILLE, D. A. A random field approach to the analysis of field-plot experiments and other spatial experiments. **Biometrics**, Washington, v. 47, n. 1, p. 223-239, 1991.

ZIMMERMANN, F. J. P. Estadística aplicada a la selección recurrente. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Selección recurrente en arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1997. p. 67-75.

ZIMMERMANN, F. J. P. **Estatística aplicada à pesquisa agrícola**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2004, 402 p.