

AVALIAÇÃO GENOTÍPICA DE LINHAGENS TESTADAS NOS ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO (VCU) DE ARROZ DE TERRAS ALTAS, UTILIZANDO MODELO MISTO

Antônio Alves Soares¹, Vanderley Borges Santos², Marcos Deon Vilela Resende³, Moisés de Sousa Reis⁴, Vanda Maria de Oliveira Cornelio⁴, Natália Alves Leite⁵, Plínio César Soares⁴

Palavras-chave: *Oryza sativa*, REML/BLUP, ganho com a seleção

INTRODUÇÃO

O arroz de terras altas é cultivado em todo o Estado de Minas Gerais, contudo as condições edafoclimáticas são as mais variadas possíveis, demandando cada vez mais cultivares específicas para os diferentes ambientes. Os programas de melhoramento enfrentam continuamente os problemas da interação genótipo por ambientes, sendo este um complicador para os melhoristas na identificação de linhagens geneticamente superiores. Dentre as alternativas utilizadas está a de avaliar as linhagens em uma rede de experimentos em vários ambientes representativos, entretanto, só esta estratégia não é suficiente, uma vez que se avalia os valores fenotípicos e não genotípicos. Para contornar esse problema, tem-se recomendado o uso de modelos mistos, também denominado método REML/BLUP (Mrode, 2006). REML indica *Restricted Maximum Likelihood* (Máxima Verossimilhança Restrita ou Residual), que estima componentes de variância necessários nesse modelo e BLUP indica *Best Linear Unbiased Prediction* (melhor preditor linear não viesado). Nessa técnica, os valores genotípicos, considerados como de efeitos aleatórios, são preditos por meio do BLUP e os efeitos de blocos, local e ano que, em modelos mistos, podem ser considerados como fixos ou aleatórios, são estimados por meio do BLUE (*Best Linear Unbiased Estimator* ou melhor estimador linear não viesado) quando considerados de efeitos fixos. Segundo Piepho & Möhring (2005), no modelo misto, os erros são minimizados enquanto que os ganhos esperados com a seleção são máximos. Dessa forma, utilizar métodos acurados como REML/BLUP devem ser preferidos, pois o que se obtém são os valores genotípicos preditos livres de todos os efeitos ambientais identificáveis. Smith et al. (2005) ressaltam que se o alvo da análise é seleção, ou seja, identificar os melhores genótipos dentre todos os considerados, então, a classificação (ranqueamento) desses genótipos é exigida para ser tão próxima quanto possível da classificação dos efeitos verdadeiros das linhagens, ou seja, de ser o mais próximo possível do valor genotípico, que é o valor verdadeiro, sendo este obtido pelos modelos mistos. O objetivo desse trabalho foi o de estimar, utilizando modelos mistos, os parâmetros genéticos, os componentes de variâncias, os efeitos dos genótipos (g), os valores genotípicos preditos ($u+g$), o ganho genotípico, as novas médias e os valores genotípicos médios nos vários ambientes ($u+g+gem$), para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de arroz de terras altas, envolvendo 20 genótipos testados em cinco locais nos ensaios de VCU, conduzidos em Minas Gerais, em 2008/2009.

MATERIAL E MÉTODOS

Para esse estudo utilizaram-se os resultados de produtividade de grãos obtidos nos ensaios de VCU de 2008/09, instalados em Lavras, Lambari-2 (um em terras altas e outro na várzea), Patos de Minas e Piumhi. Os tratamentos constituíram-se de 20 cultivares e linhagens. Utilizou-se o delineamento estatístico de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela foi constituída de cinco linhas de 5 m, espaçadas de 0,4 m. Como área útil, consideraram-se os 4m centrais das três fileiras internas ($4,80\text{m}^2$). A adubação de plantio constou de 400 kg/ha da fórmula 08-28-16 + micronutrientes e, em cobertura, foram aplicados 100 kg/ha de N, em duas ocasiões, sendo a primeira aos 25 dias e a

¹ Engº Agrº, D.Sc., Prof. UFLA/DAG, CP: 3037, CEP 37200-000 Lavras-MG, E-mail: aasoares@ufla.br

² Engº Agrº, Doutorando em Agronomia/Fitotecnia, UFLA

³ Pesquisador da Embrapa Florestas/UFVigosa

⁴ Pesquisador da EPAMIG

⁵ Bolsista de iniciação científica da UFLA

segunda aos 45 dias após a semeadura, respectivamente. Procedeu-se inicialmente a análise estatística conjunta, pelo método convencional, para a característica produtividade de grãos, envolvendo os cinco locais.

Posteriormente, estimaram-se, por meio do modelo misto, utilizando metodologia descrita por Resende (2007), os parâmetros genéticos, os componentes de variâncias, os valores genotípicos livres da interação, dados por $\hat{u}_i + \hat{\delta}_i$, em que \hat{u} é a média de todos os locais e $\hat{\delta}_i$ é o efeito genotípico livre da interação genótipos x ambientes; a predição dos valores genotípicos, capitalizando a interação média (*gem*) nos diferentes locais, dada por $\hat{u} + \hat{g} + \hat{gem}$, sendo calculada por $u + g + \left(\frac{\sigma_{gg}^2}{\sigma_{gg}^2 + \sigma_{g\epsilon}^2} \right) \delta_i$, em que, \hat{u} é a média geral de todos os locais, n é o número de locais e $\hat{\delta}_i$ é o efeito genotípico do genótipo i . De posse dessas estimativas, estimaram-se o ganho genotípico e a nova média. A análise foi realizada pelo aplicativo SELEGEN REML/BLUP versão janeiro 2008, adotando-se o modelo estatístico 54 – delineamento em blocos completos em vários locais e uma observação por parcela/método MHPRVG.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados referentes aos componentes de variância (REML Individual) e parâmetros genéticos para o caráter produtividade de grãos obtido pela análise conjunta envolvendo os 20 genótipos e os cinco locais são apresentados na Tabela 1.

A estimativa da herdabilidade no sentido amplo h_g^2 , em nível individual, foi de 0,1715 com desvio padrão de 0,0676. Considerando que a herdabilidade está deflacionada da interação genótipos x locais, esse valor é satisfatório principalmente por tratar-se de caráter quantitativo e por ser livre de todas as interações. Assim, a magnitude da h_g^2 indica presença de variabilidade genética entre os genótipos avaliados. O coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x locais ($c2gl$) foi de 0,3393, ou seja 33,93%. Esse valor refere-se à proporção da variabilidade fenotípica total explicada pela interação. Logo, a interação genótipos x locais influenciou mais a variância fenotípica (V_f) que o efeito de genótipos. Em feijão, Carbonell et al. (2007) encontraram coeficientes de determinação que variaram entre 0,165 e 0,325 para 15 locais em dois anos, os quais se apresentam com magnitude próxima e inferior aos do presente estudo.

A correlação genotípica das cultivares e linhagens através dos ambientes dadas por r_{gl} foi de 0,3357 (Tabela 1). Esse valor é considerado de magnitude baixa, indicando níveis de interação complexa. Portanto, a classificação dos genótipos através dos ambientes não foi rigorosamente a mesma, ou seja, os genótipos não tiveram o mesmo comportamento nos diversos locais onde foram avaliados. Assim, um genótipo classificado como de ótima produtividade em um determinado local, não necessariamente o será no outro. Para o caráter produção de grãos de feijão, Carbonell et al. (2007) encontraram valor de $r_{gl} = 0,085$ e, de acordo com Resende (2007), é do tipo complexa e alta. Em erva mate, Sturion & Resende (2005) relatam r_{gl} de 0,402, considerado no trabalho pelos autores como de baixa correlação genética e alta interação.

O coeficiente de variação genotípica (CV_g) foi de 8,69% sugerindo também a presença de moderada variabilidade genética, com possibilidades de ganho de seleção entre os genótipos. O coeficiente de variação ambiental (CV_e), que foi de 14,67%, indica boa precisão experimental para as condições de campo.

As médias originais, o efeito genotípico, os valores genotípicos preditos ($u+g$), o ganho genotípico, as novas médias e os valores genotípicos médios ($u+g+gem$) dos 20 genótipos testados nos cinco locais, em 2008/2009, são apresentados na Tabela 2. Deve-se ressaltar que os valores genotípicos preditos ($u+g$) são livres da interação ge e os valores genotípicos médios nos diferentes locais ($u+g+gem$) capitalizam a interação média em todos os ambientes.

Observando a Tabela 2, nota-se que o ranqueamento dos 20 materiais segue a mesma ordem pelos dois critérios ($u+g$ e $u+g+gem$). Contudo, pelo critério $u+g+gem$, os valores dos nove genótipos mais produtivos são de magnitudes superiores, exatamente pela capitalização da interação média. Na comparação com a média original, verifica-se que os dez mais produtivos da média original apresentam valores superiores aos de ($u+g$) e de ($u+g+gem$) e os dez inferiores valores menores. Isso ocorre devido à média original estar contaminada pelos efeitos de ambiente e da interação genótipo x local.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de produção e parâmetros genéticos para produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de arroz de terras altas, envolvendo 20 genótipos e cinco locais. 2008/2009.

Estimativas	Valores
Vg (Variância genotípica)	120040,8548
Vgl (variância da interação genótipos x locais)	237513,6763
Vê (variância residual)	342477,6073
Vf (variância fenotípica individual)	700032,1384
h^2g (herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo)	$0,1715 \pm 0,0676$
c2gl (coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais)	0,3393
rgl (correlação genotípica através dos locais)	0,3357
CVg (Coeficiente de variação genética) (%)	8,6900
CVe (Coeficiente de variação ambiental) (%)	14,6700
Média geral	3988,1000

Pela Tabela 2, é possível observar os ganhos genotípicos. Ao se selecionar as cinco primeiras cultivares e linhagens (em destaque na Tabela 2), observa-se que há um ganho de $359,2 \text{ kg ha}^{-1}$ e a nova média passou a ser de $4347,3 \text{ kg ha}^{-1}$, sendo os valores genotípicos preditos ($u+g$) de $4252,4 \text{ kg ha}^{-1}$. O ganho pode também ser expresso em porcentagem, bastando, para isso, dividi-lo pela nova média. Portanto, a seleção das cinco cultivares e linhagens superiores proporciona um ganho de 8,26%. Caso selecione-se apenas a linhagem CG3-118-6, o ganho seria de 11,88%.

Pelos valores de ($u+g$), é possível recomendar-se as cultivares para os locais que não participaram da rede experimental, uma vez que o desempenho dos materiais são livres da interação ge . Por outro lado, a recomendação baseada nos valores de ($u+g+gem$) limita-se aos locais da rede experimental, ou então, no caso de outros locais, só será eficaz se estes apresentarem o mesmo padrão de interação ge da rede experimental avaliada. Caso contrário, a recomendação baseada no critério dos valores ($u+g$) é mais segura.

Os maiores destaques deste trabalho foram os excelentes desempenhos da linhagem CG3-118-6, da cultivar BRSMG Caravera, lançada em 2007, para cultivo em todo o Estado de Minas Gerais e das linhagens BRA042048, MG 1097-16 e CMG 1271, que não diferiram estatisticamente ($p \leq 0,05$) entre si; todas promissoras para futuros lançamentos como novas cultivares. A cultivar BRSMG Caravera possibilita um ganho de $464,2 \text{ kg ha}^{-1}$, quando comparada à linhagem CMG 1350, que foi a de pior desempenho. Sua utilização aumenta consideravelmente as chances de renda dos produtores.

Há evidências claras de que o uso dessa metodologia, na avaliação dos ensaios de VCU, auxilia os melhoristas na tomada de decisão no momento da seleção das linhagens mais promissoras.

CONCLUSÕES

a) A presença da variabilidade genética ($CVg = 8,69\%$) indica que há possibilidades de sucesso e de ganho com a seleção entre as 20 cultivares e linhagens avaliadas;

b) A seleção dos cinco melhores genótipos pela média original ou fenotípica (CG3-118-6, BRSMG Caravera, BRA 042048, MG 1097-16 e CMG 1271) proporciona, pela nova média, um ganho de 8,26% em relação aos demais materiais avaliados no ensaio, e

c) A cultivar BRSMG Caravera, que apresenta valor genotípico predito ($u+g$) de 4.379 kg ha^{-1} , pode ser recomendada com segurança para plantio nos locais que não participaram da rede de ensaios.

AGRADECIMENTO

Os autores agradecem à Fapemig pelo financiamento do projeto de pesquisa “Obtenção, avaliação e seleção de cultivares de arroz para terras altas em Minas Gerais”, e ao CNPq, pela concessão de bolsa de pesquisa ao coordenador desse Projeto.

Tabela 2. Genótipo, média original, efeito dos genótipos (g), valores genotípicos preditos ($u+g$), ganho genotípico, novas médias e valores genotípicos médios nos vários ambientes ($u+g+gem$), considerando todos os cinco locais conjuntamente. 2008/2009.

Genótipo	Média Original ¹	g	$u+g$	Ganho genotípico	Nova média	$u+g+gem$
CG3-118-6	4840 a	537,5	4525,6	537,5	4525,6	4738,3
BRSMG Caravera	4608 a	390,9	4379,0	464,2	4452,3	4533,7
BRA042048	4481 a	310,9	4299,0	413,1	4401,2	4422,0
MG1097-16	4452 a	292,3	4280,4	382,9	4371,0	4396,1
CMG1271	4407 a	264,3	4252,4	359,2	4347,3	4357,0
CMG1545	4243 b	160,9	4149,0	326,1	4314,2	4212,7
BRA 032033	4151 b	102,8	4090,9	294,2	4282,3	4131,6
BRSGO Serra Dourada	4103 b	72,7	4060,8	266,5	4254,6	4089,6
CMG1268	4099 b	69,8	4057,9	244,7	4232,8	4085,5
MG1097-8	3983 c	-3,2	3984,9	219,9	4208,0	3983,7
CMG1154	3879 c	-68,7	3919,4	193,7	4181,8	3892,3
BRSMG Relâmpago	3875 c	-71,0	3917,1	171,6	4159,7	3889,0
BRSMG Conai	3841 c	-93,0	3895,1	151,3	4139,4	3858,3
CMG1154	3806 c	-114,9	3873,2	132,2	4120,3	3827,7
MG1097-3	3772 c	-136,4	3851,7	114,3	4102,4	3797,7
CMG1546	3651 c	-212,4	3775,7	93,9	4082,0	3691,7
BRSMG Curinga	3609 c	-239,1	3749,0	74,3	4062,4	3654,3
CMG1370	3429 d	-352,5	3635,6	50,6	4038,7	3496,2
Canastra	3354 d	-400,1	3588,0	26,9	4014,9	3429,7
CMG1350	3178 d	-510,9	3477,2	0,0	3988,1	3275,0
Média geral	3988		3988,1			

¹ Médias da coluna, seguidas pela mesma letra, não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott & Knott, ao nível de 5% de probabilidade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARBONEL; S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 66, n. 2, p.193-201, 2007.
- MRODE, R.A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. CABI Publishing. 2nd ed. 2006.
- PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Best Linear Unbiased Prediction of Cultivar Effects for Subdivided Target Regions. **Crop Science**, v. 45, p.1151-1159, 2005.
- RESENDE, M.D.V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007, 561 p.
- SMITH, A.B.; CULLIS, B.R.; THOMPSON, R. Centenary review. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials : an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v. 143, p. 449-462, 2005.
- STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) para produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 50, p. 37-51, 2005.