

PRECISÃO EXPERIMENTAL NA PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS DE PROGÊNIES DE ARROZ

Paulo Henrique Ramos Guimarães¹, Odilon Peixoto de Morais Júnior², Paula Pereira Torga³, Orlando Peixoto de Morais³, Patrícia Guimarães Santos Melo⁴

Palavras-chave: *Oryza sativa*, parâmetros genéticos, variação experimental, Papadakis.

INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um alimento básico para aproximadamente metade da população mundial. No Brasil, juntamente com o feijão, desempenha importante papel como componente da cesta básica, sendo essencial nos estratos mais carentes da população (Ferreira et al., 2005). Dada à importância do ponto de vista social e econômico desta cultura, os programas brasileiros de melhoramento genético de arroz vêm desenvolvendo cultivares, buscando incorporar características que levem à maior produção, melhor qualidade de grãos e menor custo de produção (Morais et al., 2006).

O sucesso dos programas de melhoramento está intimamente ligado à avaliação de grande número de progênies, principalmente nas gerações segregantes. Porém, a avaliação das progênies nas gerações iniciais em experimentos com repetições torna-se difícil, pois nem sempre é possível programar experimentos completos e/ou balanceados. Isto pode ocorrer devido a restrições de sementes (Souza et al., 2000). Algumas técnicas experimentais, usadas no planejamento, condução e análise dos dados, podem melhorar a precisão dos resultados e evitar a perda de material genético com maior potencial de produção de grãos (Banzatto & Kronka, 2006).

Alguns métodos de análise espacial têm sido aplicados objetivando reduzir a variação ambiental. Entre estes métodos, o de Papadakis (1937), citado por Cargnelutti Filho et al. (2003), tem sido uma alternativa adequada, na cultura do milho (Cargnelutti Filho et al., 2003), soja (Storck et al., 2008; Storck & Ribeiro, 2011), eucalipto (Souza et al., 2003; Fox et al., 2008) e feijão (Souza et al., 2000). Assim, o objetivo deste trabalho foi comparar a eficiência do método de Papadakis, na correção da variação ambiental, com os delineamentos em blocos ao acaso e látice.

MATERIAL E MÉTODOS

O ensaio foi realizado no ano agrícola de 2012/2013, na Fazenda Experimental da Embrapa Arroz e Feijão em Goianira, GO. Foram avaliadas 62 progênies $F_{2,4}$ de arroz irrigado e duas testemunhas: BRS Tropical e BRS Jaçanã, em látice triplo (8x8), com parcelas de quatro linhas de 5,0 m de comprimento e espaçamento de 0,3 m entre linhas (2,4 m² de área útil).

Foram tomados os seguintes dados em cada parcela: produção de grãos (PG, kg ha⁻¹), dias de florescimento (DF, dias) e altura de plantas (AP, cm). As médias de progênies foram ajustadas para efeito de blocos dentro de repetições, conforme o modelo $Y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{(j)k} + e_{ijk}$, em que: y_{ijk} : é o valor observado na parcela experimental que recebeu a progênie i , no bloco k , na repetição j ; μ : é a média geral; t_i : é o efeito da progênie i , sendo $i = 1, 2, \dots, T$; r_j : é o efeito da repetição j , sendo $j = 1, 2, \dots, J$; $b_{(j)k}$: é o efeito de bloco k dentro da repetição j , sendo $k = 1, 2, \dots, K$; e_{ijk} : é o erro experimental associado à ijk -ésima observação, assumindo-se $e_{ijk} \cap \text{NID}(0, \sigma^2)$. Foi efetuada análise de variância para os caracteres estudados. Para a obtenção das médias genotípicas, foi adotado o modelo do delineamento de látice, DBC e Papadakis. A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios foram estimados os componentes de variância e os parâmetros

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas - EA/UFG, Universidade Federal de Goiás. Goiânia, GO, CEP 74001-970. E-mail: paulohenriqueg@hotmail.com

² Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas - EA/UFG, Universidade Federal de Goiás.

³ Pesquisadores Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO 462, km 12 Zona Rural, Santo Antônio de Goiás – GO.

⁴ Professora Associada - Escola de Agronomia - Setor de Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás EA/UFG.

genéticos e fenotípicos: variância genotípica de progênies ($\hat{\sigma}_g^2$), variância fenotípica entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), variância do erro ($\hat{\sigma}_e^2$), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2), coeficiente de variação genético entre as médias das progênies (CV_g), coeficiente de variação experimental entre as médias das progênies (CV_e) e a acurácia seletiva (AS), conforme Vencovsky & Barriga (1992).

O método de Papadakis consiste em corrigir o caráter de cada parcela pela média dos resíduos das parcelas vizinhas (índice ambiental). Com esses valores, foi estimado o erro médio de cada unidade experimental como sendo a média entre o erro da unidade considerada e os erros das unidades experimentais vizinhas (lado direito, lado esquerdo, da frente e do fundo) existentes. A análise de covariância foi feita conforme Steel et al. (1997), e repetiu-se as estimativas dos parâmetros genéticos. As diferentes abordagens (DBC, látice e Papadakis) foram comparadas quanto às suas estimativas de CV_e , \hat{h}_a^2 e AS. Foi também feito o ranqueamento das médias ajustadas nos três modelos analisados, para verificar se ocorre concordância na classificação das progênies, tomando como padrão o DBC. As análises estatísticas necessárias para a estimação dos parâmetros do modelo e de seus erros associados foram realizadas, considerando r_j , t_i e $b_{(j)k}$ de efeito fixo, utilizando-se o aplicativo Microsoft Excel e SAS versão 9.2 (SAS Institute, 2012), via proc *glm* e proc *lattice*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variância (QM) entre blocos foi significativa ($p \leq 0,01$) no DBC e látice para os caracteres AP, DF e PG, entretanto a variância de blocos para DF quando se utilizou o DBC foi significativa ($p \leq 0,05$) indicando que os blocos foram heterogêneos e o uso do delineamento de blocos ao acaso e o controle local duplo (linhas e colunas) do látice foi adequado. Quando se utilizou o Papadakis não houve diferença significativa para blocos, indicando homogeneidade dos blocos (Tabela 1). Segundo Storck et al. (2008) os experimentadores têm dificuldades em posicionar os blocos adequadamente ou, então, os usam de forma indiscriminada. Neste caso, 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 acarretasse em prejuízos aos pressupostos da análise de variância, além de ganhos na precisão experimental e na qualidade de discriminação do material genético sob avaliação.

Observa-se que as estimativas do CV_e apresentaram variação em relação ao caráter e a metodologia avaliada. Sendo observados maiores valores do CV_e para o DBC, isto pode estar ligado ao tamanho do bloco, ou seja, maior heterogeneidade devido à presença de manchas de fertilidade e ocorrência de doenças o que reflete em menor controle ambiental. O método de Papadakis proporcionou uma redução razoável no CV_e , em relação ao DBC e ao látice (Tabela 2). Constatou-se, adicionalmente que o teste F para tratamento foi significativo ($p \leq 0,01$) em todas as metodologias avaliadas. As estimativas das variâncias genética, fenotípica e do erro foram menores, com o uso do método de Papadakis para todos os caracteres, em relação ao látice, o que refletiu nas estimativas de herdabilidade, que foram superiores quando se utilizou o método de Papadakis. Outra consequência do uso deste método foi a redução das estimativas do CV_e , indicativo de maior precisão experimental (Tabela 2). Segundo Cargnelutti Filho et al. (2009), estimativas de herdabilidade elevadas estão associadas com maior variabilidade genética, maior acurácia seletiva e consequentemente maior possibilidade de êxito na seleção.

No ranqueamento das médias das dez progênies superiores, observou-se que para o caráter AP, houve coincidência de seis progênies nas três metodologias avaliadas e duas foram coincidentes no DBC e Papadakis. Para o caráter DF, houve coincidência de duas progênies nas três metodologias avaliadas, três para o DBC e Papadakis e uma no látice e Papadakis. Para o caráter PG, houve coincidência de seis progênies nas três metodologias avaliadas e três foram coincidentes no DBC e látice. Pode-se perceber que mesmo com baixa precisão experimental foi possível diferenciar e identificar progênies superiores.

Tabela 1. Resumo da análise de variância dos caracteres altura de plantas (AP), dias de florescimento (DF) e produção de grãos (PG) avaliados em três abordagens distintas.

FV	Látice				DBC				Papadakis			
	QM				QM				QM			
	GL	AP	DF	PG	GL	AP	DF	PG	AP	DF	PG	
Repetição	2	352,70**	15,20**	4970463,00**	–	–	–	–	–	–	–	
Bloco dentro de Repetições (Ajust.)	21	37,78**	7,48**	661372,00**	–	–	–	–	–	–	–	
Bloco	–	–	–	–	2	352,7**	15,20*	4970462,9**	0,52 ^{ns}	0,23 ^{ns}	237568,5 ^{ns}	
Tratamento (Não ajust.)	63	81,02**	90,32**	1795681,00**	63	81,0**	90,32**	1795681,0**	76,13**	89,26**	1689286,2**	
Erro Intrablocos	121	17,12	2,58	466419,00	–	–	–	–	–	–	–	
Erro (Blocos Completos)	126	20,57	3,39	498912,00	126	20,6	3,39	498911,6	14,98	1,85	343981,8	

** e * Significativo respectivamente a 1% e 5% de probabilidade pelo teste de F; ns: teste F não significativo.

Tabela 2. Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres altura de plantas (AP), dias de florescimento (DF) e produção de grãos (PG) avaliados em três abordagens distintas.

Estimativa	AP (cm)			DF (dia)			PG (kg ha ⁻¹)		
	DBC	Látice	Papadakis	DBC	Látice	Papadakis	DBC	Látice	Papadakis
$\hat{\sigma}_g^2$	20,15	23,93	20,58	28,97	32,86	29,13	432256,47	497850,94	448434,80
$\hat{\sigma}_p^2$	27,01	30,34	25,58	30,11	33,95	29,75	498911,60	672539,70	563095,40
$\hat{\sigma}_e^2$	6,86	6,41	4,99	1,13	0,96	0,62	166303,87	174688,76	114660,60
\hat{h}_a^2	74,62	78,86	80,48	96,24	97,15	97,92	72,22	74,03	79,64
CV_g	4,15	4,52	4,19	5,74	6,11	5,76	17,70	19,03	18,03
CV_e	4,19	3,82	3,58	1,96	1,71	1,45	19,02	18,39	15,79
AS	0,86	0,89	0,90	0,98	0,99	0,99	0,85	0,86	0,89
Média	108,2			93,75			3714		

O método de Papadakis mostrou-se promissor na remoção de efeitos ambientais, com base na correlação entre parcelas adjacentes, indicando que o mesmo pode proporcionar melhoria na precisão experimental, o que torna o processo seletivo mais eficiente.

CONCLUSÃO

1. As diferentes metodologias testadas proporcionaram diferenças na estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos.
2. O método de Papadakis mostrou-se eficiente no controle da heterogeneidade ambiental dentro dos blocos, o que refletiu em melhoria nas estatísticas que retratam a precisão experimental, sendo esse, uma alternativa para redução do erro experimental.

AGRADECIMENTOS

A Universidade Federal de Goiás (UFG), pela oportunidade de aquisição de conhecimentos, a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) pela bolsa concedida e à Embrapa Arroz e Feijão pela cessão de espaço e colaboradores para o desenvolvimento do trabalho.

REFERÊNCIAS

- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação agrícola**. 4 ed. Jaboticabal: FUNEP, 2006, 237 p.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; RIBEIRO, N.D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.1225-1231, 2009.
- 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.
- 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.
- FOX, J. C.; BI, H.; ADÈS, P. K. Modelling spatial dependence in an irregular natural forest. **Silva Fennica**, Finland, v. 42, n. 1, p. 35, 2008.
- 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.
- SAS Institute. **SAS Technical report SAS/STAT Software**. Cary Nc: SAS Institute, 2012.
- SOUZA, E. A.; GERALDI, I. O.; RAMALHO, M. A. P.; BERTOLUCCI, F. 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.
- SOUZA, E. A.; GERALDI, 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.
- 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.; 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. 1-6, 2011.
- 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.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.