

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E VALORES GENOTÍPICOS EM GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO EM CAMPOS DOS GOYTACAZES

Maxwel Rodrigues Nascimento¹, Josilene Vargas Xavier², Ana Kesia Faria Vidal¹, Moisés Ambrósio¹, Josefa Grasiela Silva Santana¹, Rogério Figueiredo Daher¹, Silvino Amorim Neto³.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Avenida Alberto Lamego, 2.000, Parque Califórnia – 28013-602 – Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil, maxwel.rn88@gmail.com, anakesia.vidal@hotmail.com, ambrosio_20007@hotmail.com, grasi_agronomia@hotmail.com, rogdahe@uenf.br.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Fluminense, Avenida Dario Vieira Borges, 235, Parque do Trevo – 28360-000 – Bom Jesus do Itabapoana-RJ, Brasil, josilene.xavier@iff.edu.br.

³Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro, Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, Avenida Francisco Lamego, 134, Parque Jardim Carioca – 28080-000 – Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil, silvinoamorim@gmail.com.

Resumo

O arroz é uma das culturas agrícolas mais importantes por ser fonte de alimento primário para mais da metade da população mundial. Este cereal é cultivado anualmente em cerca de 165 milhões de hectares em todo o mundo, sendo que a maior parte da produção ocorre no continente asiático. O objetivo desse trabalho foi avaliar a performance de 20 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea, no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições. Foram estimados dias até o florescimento, altura de planta e produtividade de grãos. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos REML (*Restriction Maximum Likelihood*)/BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Observou-se, com base nos caracteres avaliados, que os genótipos que apresentaram maiores médias de produtividade de grãos foram os que apresentaram, também, maiores médias de dias até o florescimento e altura de plantas, sendo essas duas características indesejáveis em programas de melhoramento do arroz.

Palavras-chave: *Oriza sativa* L. Cultivares. Linhagens. Modelos mistos. Produtividade

Área do Conhecimento: Engenharia Agrônoma.

Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um cereal pertencente à divisão das Angiospermas, classe monocotiledôneas, ordem Glumifera, família Poaceae (Gramineae), subfamília Oryzoidae e gênero *Oryza*. O gênero possui duas espécies cultivadas, *O. glaberrima* que é cultivada principalmente na África, e *O. sativa*, que é mais conhecida por sua grande relevância na alimentação humana (BORÉM; RANGEL, 2015).

A espécie foi domesticada na Ásia, onde evoluiu sob forte pressão evolutiva e seletiva, de ordem natural e artificial, que resultou na formação de dois grupos: Índica e Japônica. O grupo Índica adaptou-se a regiões do Himalaia e ao norte da Índia, enquanto o Japônica foi ao sudoeste da Ásia. De acordo com Guimarães (2009), o processo evolutivo deu a estes dois grupos características distintas, tais como: tolerância a baixas temperaturas, estresse hídrico, capacidade de resposta a fertilizantes, maior potencial de competição com plantas daninhas, capacidade fotossintética, entre outras vantagens.

Tradicionalmente, o arroz é cultivado em dois sistemas de cultivo: terras altas ou várzea. O arroz de terras altas é geralmente cultivado em terrenos firmes ou levemente inclinados. As necessidades hídricas da cultura são atendidas com águas das chuvas, porém em alguns casos, pode-se utilizar irrigação suplementar. Este sistema comumente é cultivado em sistema de rotação de culturas. No arroz de várzea, os campos são inundados durante parte ou toda a estação de crescimento, possuindo maiores produtividades quando comparado ao sistema de terras altas (BORÉM; RANGEL, 2015).

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Devida a sua adaptação a diversas condições de cultivo, o arroz é cultivado em cinco continentes, e quase 89,95% da produção mundial está concentrada no continente Asiático. Sendo os principais países produtores: China, Índia, Bangladesh, Indonésia e Vietnã que juntos respondem com cerca de 71,57% da produção mundial. O restante da produção divide-se nas Américas (4,79%), África (4,72%), Europa (0,48%) e Oceania (0,06%). Atualmente o arroz é o segundo cereal mais produzido no mundo, estando atrás apenas do milho e a frente do trigo (FAO, 2023).

Com uma produção de 11,77 milhões de toneladas, o Brasil figura-se entre os dez maiores produtores de arroz do mundo e o maior fora do continente asiático (FAO, 2023). A produção brasileira nos últimos anos vem mantendo o volume total, com algumas oscilações, que em parte acontece devido a condições anuais favoráveis ou desfavoráveis. Essa constância é devida, em parte, ao aumento de produtividade nas últimas safras em ambos os sistemas de cultivo.

O melhoramento genético da cultura do arroz, tem sido fundamental para o cultivo da espécie no país, em razão da disponibilização de cultivares com alto potencial produtivo, ampla adaptação e elevada aceitação pelo mercado consumidor. Prova disso, nos últimos vinte anos, a produtividade saltou de 3,2 para 7 t ha⁻¹, incremento de 220% enquanto que a área cultivada reduziu-se em 52% (CONAB, 2023).

Apesar do expressivo êxito dos programas de melhoramento de arroz, quanto à avaliação, seleção e recomendação de novas cultivares, a superação dos níveis atuais de produtividade apresentados não é tarefa fácil para os melhoristas, principalmente por se tratar de um caráter de herança quantitativa. Assim, a busca de metodologias mais eficientes de seleção é a alternativa de efeito mais rápido, sobretudo quanto à produção de grãos, para a qual a variabilidade genética ainda está longe de ser exaurida (CRUZ *et al.*, 2014). O uso de procedimentos genético-estatísticos mais refinados, como a metodologia de modelos mistos, é uma tendência no melhoramento genético de plantas. Estes procedimentos fornecem parâmetros adicionais relevantes para a identificação e recomendação de genótipos superiores (RESENDE, 2016).

Um dos entraves à obtenção de ganhos genéticos mais expressivos no melhoramento de plantas é a baixa acurácia seletiva. Para resolver isto, o procedimento mais preciso de predição de valores genéticos é o BLUP (melhor predição linear não viesada), com uso de componentes de variância estimados via REML (máxima verossimilhança restrita) (RESENDE, 2004). De acordo com Resende (2007), o uso de modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g). Mesmo em condições de experimentos desbalanceados, essa abordagem permite a predição acurada e não viesada dos valores genéticos. Assim, as propriedades do BLUP permitem maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, predição não viciada de valores genéticos, maximização do ganho genético – por ciclo de seleção – e maximização da probabilidade de seleção do melhor entre dois ou vários genótipos (RESENDE, 2004).

Como um dos fatores para aumentar a produção está relacionada ao genótipo utilizado juntamente com as condições edafoclimáticas e o manejo para que possa ser expresso a maximização do potencial genético, faz-se necessário avaliar genótipos promissores. Objetivou-se, com a realização deste trabalho, avaliar a performance de 20 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea, na safra 2020/2021, no município de Campos dos Goytacazes, através da metodologia dos modelos mistos via REML/BLUP.

Metodologia

No ano de 2020 foi instalado experimento de valor de cultivo e uso (VCU) com 20 genótipos de arroz, cultivados em condição de várzea, sendo destes, 15 linhagens desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e cinco cultivares designadas testemunhas (BRS Catiana, BRS Pampeira, BRS A702 CL, BRS A704 e BRS A705).

O ensaio foi instalado na época das águas, com semeadura realizada no dia 07 de dezembro de 2020, no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Agropecuária do estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), situada no município de Campos dos Goytacazes.

O delineamento estatístico utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições, totalizando 80 parcelas. Cada parcela experimental foi constituída de oito linhas de 5,0 metros de comprimento,

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

espaçadas em 0,17 metro entre si. A área útil avaliada correspondeu a seis linhas centrais de cada unidade experimental, desprezando-se 0,5 m acima e abaixo de cada linha, formando-se área útil de 4,08 m². Além da característica de produtividade de grãos (PROD), obtida pelo peso total da parcela transformado em kg ha⁻¹, avaliou-se, também, o ciclo de florescimento (FLOR), no qual corresponde ao número total de dias transcorridos da semeadura até o atingimento de 50% das panículas floridas e altura de plantas (ALT), quantificado pela distância média, em centímetros, entre a superfície do solo até a extremidade da panícula do perfilho mais alto.

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos REML (*Restriction Maximum Likelihood*)/BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Foi utilizado o modelo estatístico $y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. As análises estatísticas foram geradas pelo modelo 21 do software SELEGEN – REML/BLUP (RESENDE, 2007).

A significância do efeito aleatório (genótipos) foi obtida através da Análise de Deviance (ANADEV), pelo método REML, que substitui com vantagens a análise de variância (ANOVA) em casos de dados desbalanceados, pelo teste da razão da máxima verossimilhança (LRT) (RESENDE, 2007). As deviances foram obtidas conforme descrito por RESENDE (2007), utilizando-se o modelo com e sem os respectivos efeitos, subtraindo a deviance obtida no modelo completo do modelo sem o efeito e comparada com o valor do Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade. O fator bloco, assumido como efeito fixo, foi avaliado pelo teste F (Tabela 1).

Resultados

A análise de deviance (Tabela 1) foi realizada para identificar diferença significativa entre os genótipos para os caracteres avaliados.

Tabela 1 - Resumo da análise de deviance para os caracteres dias até o florescimento (FLOR), altura de planta em cm e produtividade de grãos em kg ha⁻¹ (PROD) de 20 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Efeito	FLOR		ALT		PROD	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Genótipos	444,98	102,65*	424,58	133,05*	1187,6	20,19*
Modelo completo	342,33	-	291,53	-	1167,41	-

* ** para níveis de significância de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; ^{ns}, não significativo.

Fonte: os autores

As estimativas dos parâmetros genéticos referentes aos caracteres supracitados estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 - Estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres dias até o florescimento (FLOR), altura de plantas em cm (ALT) e produtividade de grãos em kg ha⁻¹ (PROD) de 20 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Componentes de variância (REML individual)	FLOR	ALT	PROD
Variância genotípica	97,92	78,64	919.349,95
Variância residual	11,73	5,20	1.002.168,77
Variância fenotípica individual	109,65	83,84	1.921.518,73
Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo	0,89 ± 0,30	0,94 ± 0,31	0,48 ± 0,22
Herdabilidade da média de genótipos	0,97	0,98	0,79
Acurácia	0,99	0,99	0,89
Coeficiente de variação genotípica	10,0	8,42	11,98
Coeficiente de variação experimental	3,46	2,16	12,51
Coeficiente de variação relativa	2,89	3,89	0,96
Média Geral	98,96	105,33	8.005,00

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Fonte: os autores

Ordenamento dos 20 genótipos de arroz em função dos ganhos genéticos preditos e novas médias para o caractere produtividade de grãos em kg ha⁻¹, estão apresentados na Tabela 3 e para os caracteres dias até o florescimento (FLOR) e altura de plantas em cm estão apresentados na Tabela 4.

Tabela 3 - Estimativas do ganho genético predito e nova média para produtividade de grãos (PROD) em kg ha⁻¹ de 20 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Ordem	Genótipos	g	u + g	Ganho (%)	Nova Média
1	BRS Catiana	2.078,5	10.083,5	26,0	10.083,5
2	AB 181045	1.744,6	9.749,6	23,9	9.916,5
3	AB 171319	899,8	8.904,8	19,7	9.579,3
4	BRS A704	821,2	8.826,2	17,3	9.391,0
5	AB 181079	467,6	8.472,6	15,0	9.207,3
6	AB 191202	290,8	8.295,8	13,1	9.055,4
7	AB 171294	153,2	8.158,2	11,5	8.927,2
8	AB 191157	15,7	8.020,7	10,1	8.813,9
9	BRS Pampeira	-3,9	8.001,1	9,0	8.723,6
10	BRS A702 CL	-102,2	7.902,8	8,0	8.641,5
11	AB 191219	-318,3	7.686,7	6,9	8.554,7
12	AB 191215	-377,2	7.627,8	5,9	8.477,5
13	AB 181093	-514,7	7.490,3	5,0	8.401,5
14	AB 191186	-534,4	7.470,6	4,1	8.335,1
15	AB 191214	-534,4	7.470,6	3,4	8.277,4
16	AB 191163	-613,0	7.392,0	2,7	8.222,1
17	AB 191237	-730,8	7.274,2	2,0	8.166,3
18	AB 191217	-750,5	7.254,5	1,4	8.115,7
19	AB 191236	-946,9	7.058,1	0,7	8.060,0
20	BRS A705	-1.045,2	6.959,8	0,0	8.005,0

Estimativas g, efeito genotípico; u + g, valor genotípico previsto.

Fonte: os autores

Tabela 4 - Estimativas do ganho genético predito e nova média para dias até o florescimento (FLOR) e altura de plantas (ALT) em cm de 20 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes na safra 2020/2021.

Nº	Genótipos	FLOR					ALT				
		Ordem	g	u + g	Ganho (%)	Nova Média	Ordem	g	u + g	Ganho (%)	Nova Média
1	BRS Catiana	1	15,1	114,0	15,2	114,0	2	15,9	121,2	15,1	121,2
2	BRS Pampeira	2	10,7	109,7	13,0	111,9	1	12,5	117,8	13,5	119,5
3	BRS A702 CL	3	10,7	109,7	12,3	111,1	4	9,5	114,8	12,0	118,0
4	BRS A704	6	10,7	109,7	11,9	110,8	7	8,0	113,4	10,9	116,8
5	BRS A705	7	10,7	109,7	11,7	110,6	6	7,8	113,1	10,2	116,1
6	AB 171294	8	10,7	109,7	11,6	110,4	8	7,6	112,9	9,7	115,5
7	AB 171319	10	10,7	109,7	11,5	110,3	14	6,6	111,9	9,2	115,0
8	AB 181045	14	10,7	109,7	11,4	110,2	9	3,9	109,2	8,5	114,3
9	AB 181079	5	1,0	100,0	10,2	109,1	10	1,6	107,0	7,7	113,5
10	AB 181093	9	-4,1	94,9	8,8	107,7	16	-0,1	105,3	7,0	112,7
11	AB 191157	20	-8,7	90,3	7,2	106,1	17	-1,8	103,5	6,2	111,8
12	AB 191163	4	-8,7	90,3	5,9	104,8	11	-3,3	102,1	5,4	111,0
13	AB 191186	11	-8,7	90,3	4,7	103,6	3	-4,3	101,1	4,7	110,2
14	AB 191202	12	-8,7	90,3	3,8	102,7	15	-4,7	100,6	4,0	109,6
15	AB 191214	13	-8,7	90,3	2,9	101,9	19	-5,0	100,3	3,4	108,9
16	AB 191215	15	-8,7	90,3	2,2	101,1	12	-7,2	98,1	2,8	108,3
17	AB 191217	16	-8,7	90,3	1,6	100,5	5	-8,2	97,1	2,2	107,6

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

18	AB 191219	17	-8,7	90,3	1,0	99,9	18	-10,2	95,2	1,5	106,9
19	AB 191236	18	-8,7	90,3	0,5	99,4	13	-11,6	93,7	0,9	106,2
20	AB 191237	19	-8,7	90,3	0,0	99,0	20	-17,0	88,3	0,0	105,3

Estimativas g, efeito genotípico; u + g, valor genotípico previsto.

Fonte: os autores

Discussão

Observou-se, na Tabela 1, diferença significativa ($p < 0,05$) pelo teste qui-quadrado para todos os caracteres avaliados, o que indicou a existência de variabilidade entre os genótipos de arroz avaliados.

A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genotípica, que expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Os valores estimados foram de 8,42%, 10,0% e 11,98% para os caracteres ALT, FLOR e PROD, respectivamente (Tabela 2). De acordo com Sebbenn et al. (1998), os coeficientes de variação genotípica acima de 7% são considerados altos, sendo assim, todos os caracteres apresetaram valores de elevada magnitude.

Os caracteres ALT e FLOR apresentaram valores de coeficiente de variação relativa, expresso pela razão entre o coeficiente de variação genotípica e o coeficiente de variação experimental, acima de 1,0 (2,16% e 3,46% para os caracteres ALT e FLOR, respectivamente) (Tabela 2). Segundo Vencovsky (1978), valores de coeficiente de variação relativa iguais ou acima da unidade favorecem à seleção com base nos valores fenotípicos.

Constatou-se, na Tabela 2, que a contribuição da variância genética foi elevada para os caracteres FLOR e ALT, apresentando índices de 89,30% e 93,80%, respectivamente, enquanto que para o caractere PROD, o índice foi mediano (47,84%). Observa-se ainda, que o efeito genético predominou em relação ao efeito residual, sendo assim, a variância genotípica foi aquela capaz de explicar a maior parte da variação fenotípica encontrada, corroborando assim para uma maior influência genética nos caracteres FLOR e ALT. Em contra partida, a variância residual foi quem maior contribuiu com a variação fenotípica, para o caractere PROD, o que explica uma maior influência ambiental nesta variável (Tabela 2).

Os resultados das variâncias genotípica e residual para produtividade de grãos já eram esperados, uma vez que tal caractere é de natureza poligênica, ou seja, é uma característica quantitativa controlada por vários genes, cada um com efeitos relativamente pequenos e são muito influenciados pelo ambiente, apresentando variações contínuas dentro das populações (CRUZ et al., 2012).

A herdabilidade é um dos mais importantes parâmetros genéticos, uma vez que mede a fração de variação fenotípica que é de natureza hereditária e pode ser explorado em processos de seleção. De acordo com Resende (2002), a herdabilidade pode ser classificada como baixa ($h < 0,15$), mediana ($0,15 < h < 0,50$) e alta ($h > 0,50$). Considerando tais classificações, os valores de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo foram classificadas como alta para os caracteres FLOR e ALT (0,89 e 0,84, respectivamente) e mediana para o caractere PROD (0,48). Já em relação à herdabilidade da média de genótipos foram classificados como alta, atingindo índices de 0,79, 0,97 e 0,98 para os caracteres PROD, FLOR e ALT, respectivamente. Pode-se inferir que as características avaliadas foram brandamente influenciadas pelas condições ambientais no ambiente de estudo (Tabela 2).

A avaliação conjunta dos coeficientes de variação genotípica e experimental é refletida na estatística da acurácia seletiva. De acordo com Resende & Duarte (2007), a acurácia seletiva pode ser classificada em baixa ($as > 0,50$), moderada ($0,50 > as < 0,70$), alta ($0,70 < as < 0,90$) e muita alta ($as > 0,90$). A acurácia seletiva obtida para o caractere PROD foi considerada alta (0,89) e muito alta para os caracteres FLOR e ALT (0,99 para ambas), o que indica boa qualidade experimental e, portanto, segurança na seleção de genótipos superiores quanto aos caracteres avaliados.

Os ganhos preditos diante da seleção de genótipos de arroz encontrados variou de 0,7% a 26% (Tabela 3). Destacam-se, neste cenário, a cultivar BRS Catiana e a linhagem AB 181045 que obtiveram ganhos superiores a 20% para a característica em questão. O rendimento dos genótipos superou em 1.300 kg ha⁻¹ a média nacional e em 5.000 kg ha⁻¹ a média registrada para o mesmo período no estado do Rio de Janeiro, na safra 2021/2022 (CONAB, 2023).

Por ocasião do florescimento, a planta de arroz atinge sua máxima estatura. Tal caractere está diretamente relacionado com o ciclo da cultura. Quanto menor o período que compreende a germinação

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

até o início da floração das espiguetas do terço superior, menor será o ciclo e mais precoce será o genótipo. No presente estudo, três linhagens apresentaram FLOR abaixo de 100 dias, o que as tornam opção para precocidade (Tabela 4).

A altura apresenta forte correlação positiva com acamamento, dando preferência a cultivares de arroz de menor porte que apresentam maior resistência ao acamamento. Cerca de 35% dos genótipos avaliados apresentaram médias inferiores a 110,00 cm, o que as tornam menos susceptíveis ao acamamento, principalmente em regiões de alta incidência de ventos fortes (Tabela 4).

Conclusão

Conclui-se, com base nos caracteres avaliados, que os genótipos BRS Catiana, AB 171319 e AB 181045 apresentaram maiores rendimentos de grãos, no entanto apresentaram, também, maiores médias de dias até o florescimento e altura de plantas, o que não é desejável em um programa de melhoramento. Por fim, a linhagem AB 191219 apresentou PROD mediana, em torno de 8.500 kg ha⁻¹, entretanto apresentou médias inferiores a 100 dias e 110,0 cm para os caracteres FLOR e ALT, respectivamente.

Referências

BORÉM A.; RANGEL, P. H. N. **Arroz do plantio à colheita**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2015.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 2**. Viçosa: Editora UFV, 2014.

Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. **Séries históricas das safras**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras>. Acesso em 01 ago. 2023.

Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO. **Statistics Division – FAOSAT**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acesso em: 01 ago. 2023.

GUIMARÃES, E. P. Rice breeding. In: CARENA, M. J. **Cereals**. Springer Science & Business Media, 2009.

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

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004.

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

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V., 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.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Scientia Forestalis**, n. 53, p. 31-38, 1998.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: Fundação Cargill, 1978.