**PROGRESSO GENÉTICO NO MELHORAMENTO DO ALGODOEIRO NO
ESTADO DE MATO GROSSO**

EDINA REGINA MORESCO

Tese apresentada à Escola Superior de Agronomia "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doutor em Agronomia, Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo – Brasil
Abril - 2003

**PROGRESSO GENÉTICO NO MELHORAMENTO DO ALGODOEIRO NO
ESTADO DE MATO GROSSO**

EDINA REGINA MORESCO

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. **Natal Antonio Vello**

Tese apresentada à Escola Superior de Agronomia "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doutor em Agronomia, Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo – Brasil

Abril - 2003

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Moresco, Edina Regina

Progresso genético no melhoramento do algodoeiro no Estado de
Mato Grosso / Edina Regina Moresco. - - Piracicaba, 2003.
79 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2003.
Bibliografia.

1. Algodão 2. Fibras vegetais 3. Genótipos 4. Linhagens vegetais 5.
Melho-ramento genético vegetal 6. Variedades vegetais I. Título

CDD 633.51

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

Aos meus pais
Euclides Moresco e Santina Moresco
Ofereço

À minha "nona"
Cecilia Moresco

Dedico

A todos deixo a reflexão:

Desconfiai do mais trivial, na aparência singela.
Examinai, sobretudo, o que parece habitual.
Suplicamos expressamente:
não aceiteis o que é de hábito como coisa natural,
pois em tempo de desordem sangrenta, de confusão organizada,
de arbitrariedade consciente, de humanidade desumanizada,
nada deve parecer natural...

Nada deve ser impossível de mudar.

Bertold Brecht
(1898-1956)

AGRADECIMENTOS

A Deus.

Aos meus familiares pelo incentivo e apoio em todos os momentos.

Ao Prof. Dr. Natal A. Vello pela orientação e demais professores pelos ensinamentos e, em especial os professores Isaías Geraldi, José Branco Miranda Filho e Maria Lúcia C. Vieira, agradeço.

À Embrapa – Algodão, Fundação Mato Grosso, Fundação Centro-Oeste e em especial ao Dr. Elêusio C. Freire, Francisco J. C. Farias, Sérgio Suinaga e Paulo H. Aguiar pela disponibilidade dos dados e demais informações, sem os quais essa tese não existiria.

Ao CNPq e ao Conselho do Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Facual – Fundo de Apoio à Cultura do algodão, em especial deferência ao Conselho Gestor – Álvaro Salles, Alzira Catunda, Beijamim Zandonadi, Heitor Medeiros e Jilson Francisco da Silva pela confiança depositada e oportunidades concedidas durante estes três anos de trabalho.

Ao Dr. Nelson da S. Fonseca Jr., pelo grande auxílio na execução das análises estatísticas, interpretação dos resultados e correção dos manuscritos.

A Cândida V. de Oliveira, Neusa Rocha e Maidia Thomaziello secretárias do departamento de Genética e Ligiana Clemente do

Carmo bibliotecárias da Esalq/Usp, Carlos Macedônio, Marcos C. Nekatschalow e Oberdan pelos auxílios prestados.

Aos colegas de trabalho Angeluzia G. de Almeida, Cleonice e Luis Lauro da Silveira pelo apoio, amizade e convívio.

A Eulália Sobreira, Karen G. Xavier, Roseli Caseiro, Taysa Guimarães, Sybelle Barreira e Sílvia Oliveira pelos momentos felizes compartilhados e acolhida em seus lares, agradeço.

Aos colegas de curso – todos sem exceção – pela amizade e valiosos momentos de convívio.

To Paul Benz for English corrections and encouragement in all moments.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente na realização deste trabalho, desculpas antecipadas pela omissão dos nomes, os meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	viii
SUMMARY	x
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 O algodoeiro.....	3
2.2 Progresso genético.....	8
2.2.1 Método direto.....	9
2.2.2 Método de Vencovsky et al. (1986).....	10
2.2.3 Método de Fernandes (1998).....	12
2.2.4 Método de Moraes & Abbud (1993).....	13
2.2.5 Método de Breseguello et al. (1998).....	14
2.2.6 Método da regressão com dados originais.....	15
2.2.7 Testemunha como fator de correção.....	15
2.2.8 Método de regressão com dados standardizados.....	16
2.2.9 Método de Fonseca Júnior (1997).....	16
2.3 Progresso genético em algodoeiro.....	17

3 MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1 Análise de variância individual	23
3.2 Análise de variância conjunta	23
3.3 Estimativa do progresso genético	24
3.3.1 Método de Vencovsky et al. (1986)	24
3.3.2 Método de Breseguello et al. (1998)	26
3.3.3 Método de Fonseca Júnior (1997)	29
3.4 Taxa de substituição de genótipos	34
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	35
4.1 Análises de variância individual	35
4.2 Análise de variância conjunta	39
4.3 Taxa de substituição de genótipos	41
4.4 Progresso genético pelo método de Vencovsky et al. (1986)	43
4.5 Progresso genético pelo método de Breseguello et al. (1998)	46
4.6 Progresso genético pelo método de Fonseca Júnior (1997)	48
4.7 Comparações entre os métodos de estimação do progresso genético	55
5 CONCLUSÕES	63
ANEXOS	66
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	69

PROGRESSO GENÉTICO NO MELHORAMENTO DO ALGODOEIRO NO ESTADO DE MATO GROSSO

Autora: EDINA REGINA MORESCO

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

RESUMO

O melhoramento genético vegetal visa a obtenção de novos genótipos que representem algum tipo de ganho comparado aos genótipos em uso pelos agricultores. Para verificar se este objetivo está sendo alcançado, é necessário avaliar o desempenho do programa de melhoramento. Visando quantificar o progresso genético do programa da Embrapa para melhoramento de algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.) para as condições do estado de Mato Grosso, foram avaliados os dados de 12 anos de pesquisa para os caracteres produtividade de caroço (Kg/ha) e rendimento de fibra (%). Foram utilizadas três metodologias, sendo uma baseada em contrastes entre genótipos comuns em anos consecutivos (metodologia de Vencovsky et al., 1986) (VE), e duas baseadas em regressão linear de médias ajustadas (metodologias de Breseguello, 1998 e de Fonseca Júnior, 1997, respectivamente BR e FJ). Apenas as metodologias de regressão apresentaram estimativas significativas para o progresso genético. Para produtividade (Kg/ha), o

progresso genético médio anual obtido pelas metodologias BR e FJ foram respectivamente 3,93% e 3,63%. Já para o caráter rendimento de fibra (%), o progresso genético médio anual para as mesmas metodologias foi respectivamente 0,96% e 1,03%. Os genótipos que apresentaram maior contribuição ao progresso genético para produtividade e rendimento de fibra foram respectivamente a linhagem FMTB 99-03 e a cultivar BRS Cedro. A taxa de substituição de genótipos calculada foi de 55,92%. Com base nos dados obtidos nesta pesquisa, pode-se concluir que após 12 anos de pesquisa no estado de Mato Grosso, o melhoramento genético da Embrapa algodão produziu resultados positivos e significativos, refletido nas estimativas de ganho genético médio.

GENETIC GAIN IN COTTON BREEDING IN MATO GROSSO STATE, BRAZIL

Author: EDINA REGINA MORESCO

Adviser: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

SUMMARY

The main objective of a breeding program is the development of new cultivars, with presents some genetic gain when compared with obsoletes cultivars, allowing farmers to increase their net income. In order to evaluate the performance of genotypes developed by EMBRAPA Cotton Breeding Program carried out in Mato Grosso State, the genetic gain was estimated for yield and lint percent based on 12 years of data set. Three methods were considered for estimation of genetic gain, one based on contrasts among common genotypes (Vencovsky et al., 1986) (VE); and two based on regression of adjusted mean {Breseguello et al., 1998 (BR) and Fonseca Júnior, 1997 (FJ)}. Estimates of genetic gain were positive and significant for the two methods based on regression. The average genetic gain estimated to yield by BR and FJ methods were respectively 3.93% and 3.63%. For lint percent, the average genetic gain estimated by the same methods were 0.96% and 1.03%, respectively. The

Genotypes FMTB 99-03 and BRS CEDRO provided the maximum contribution to yield and lint percent, respectively. From the results above and after 12 years of research, it was concluded that Embrapa cotton breeding program in Mato Grosso State achieved positive and significant results which were reflected in a high average of genetic gain estimates.

1 INTRODUÇÃO

O algodoeiro produz a mais importante fibra têxtil do mundo e a segunda maior fonte de óleo vegetal. A cultura do algodoeiro presta uma significativa contribuição à economia brasileira, sendo cultivada em 16 Estados, cobrindo uma área estimada de 670.000 ha, que movimentam o negócio de 30 mil empresas, responsáveis por 1,45 milhões de empregos diretos e faturamento anual na última safra no setor de U\$ 22 bilhões. A exportação da fibra foi retomada depois de décadas e representou na última safra, um acréscimo superior a um bilhão de dólares na balança comercial brasileira. O faturamento total do setor no ano de 2001 foi de U\$ 22 bilhões, projetando-se ainda um investimento de U\$ 12 bilhões até 2008 (AMPA, 2003).

Estes números mostram claramente que os benefícios econômicos gerados pela fibra de algodão e seus produtos são importantes para a economia brasileira, sobretudo à agricultura. Avanços na tecnologia têm permitido aos produtores brasileiros alcançar incomparável eficiência na produtividade nos últimos anos. Grande parte deste aumento de eficiência pode ser seguramente atribuída ao melhoramento genético, sobretudo àquele efetuado para as condições do estado de Mato Grosso que teve um crescimento extraordinário na última década, saltando de 4% para 50% da produção brasileira de algodão, sendo responsável ainda por mais de 60% das exportações deste produto (AMPA, 2003).

Em 1989, o Centro Nacional de Pesquisa de Algodão (EMBRAPA-ALGODÃO), iniciou um trabalho de melhoramento com o algodoeiro herbáceo, *Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch., no Estado de Mato Grosso, mediante a introdução e testes multilocais de linhagens já fixadas. Inicialmente, os trabalhos foram desenvolvidos conjuntamente com o Grupo Itamarati Norte e, a partir de 1996, em conjunto com a Fundação Mato

Grosso. A partir do ano 2000, a EMBRAPA continuou a desenvolver o mencionado programa de melhoramento em parceria com a Fundação Centro-Oeste.

O programa da EMBRAPA tem por objetivo o desenvolvimento de cultivares produtivas, com fibras de boa qualidade tecnológica e resistência às principais pragas e doenças que ocorrem na região. A primeira cultivar obtida – ITA 90, possibilitou a expansão da cultura por todo o cerrado mato-grossense. As cultivares anteriormente utilizadas foram totalmente substituídas por cultivares desenvolvidas por este e, mais recentemente, por outros programas de melhoramento, o que propiciou grande melhoria na qualidade do produto colhido. Como resultado deste trabalho, foram desenvolvidas cultivares com boa aceitação pelos agricultores.

Através dos resultados obtidos a partir deste trabalho, foi possível avaliar o programa de melhoramento da Embrapa no Mato Grosso, no sentido de verificar se houve progresso efetivo e corrigir eventuais distorções de metas.

Considerando-se que até o presente momento não foi quantificado o progresso genético com a cultura do algodão no estado de Mato Grosso, esse trabalho tem extrema relevância para a cotonicultura, já que este estado responde por 50% da produção brasileira de fibra de algodão.

Para tanto, os principais objetivos deste trabalho foram:

- 1) Estimar o progresso genético obtido no programa de melhoramento de algodão da Embrapa para o estado de Mato Grosso, para as variáveis produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) e rendimento de fibra (%) através de diferentes metodologias.
- 2) Indicar os genótipos que apresentaram maior contribuição para o progresso genético no programa para os caracteres estudadas.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O algodoeiro

O algodoeiro é uma dicotiledônea, da família das Malváceas. O gênero *Gossypium*, ao qual pertence, é bastante variado e segundo Frixell et al. (1984) é composto de 35 espécies diplóides ($2n=2x=26$ cromossomos), envolvendo sete genomas (A-B-C-D-E-F-G), e seis espécies alotetraplóides ($2n=4x=52$ cromossomos) correspondente ao genoma AD.

Cerca de 95% da produção mundial de algodão é devida a espécies alotetraplóides, sobretudo às espécies *Gossypium hirsutum* e *Gossypium barbadense*. A espécie *G. barbadense*, mais conhecida como algodoeiro Pima, Egípcio e Tanguis (fibra longa e alta qualidade) é cultivada principalmente no Egito, Sudão, Peru, Estados Unidos e alguns países da antiga União Soviética. pouco mais de 5% da produção mundial é devida a esta espécie. Por outro lado, com distribuição em praticamente todos os países produtores, a espécie *G. hirsutum*, conhecida como algodoeiro "Upland" é responsável por cerca de 90% da produção mundial (Cia et al., 1999).

O algodoeiro é uma planta de sistema misto de reprodução, embora seja tratada como uma espécie autógama durante a condução dos programas de melhoramento. Nestas condições, trabalhos de melhoramento genético, exigem como regra, polinização controlada e manutenção da pureza varietal nos campos de produção de sementes (Moresco, 1999).

Na obtenção de cultivares de algodão, são avaliados caracteres agronômicos e industriais. Os caracteres agronômicos compreendem essencialmente os atributos da planta, sua adaptação ambiental e potencial produtivo. Os caracteres das indústrias de beneficiamento, fiação e tecelagem, compreendem o rendimento de fibra e os caracteres tecnológicos da fibra (comprimento, uniformidade, finura, maturidade e resistência).

No melhoramento e na produção do algodoeiro, a avaliação da produtividade é efetuada a partir de 3 caracteres: algodão em caroço (Kg), algodão em pluma (Kg) e rendimento de fibra (%). A produtividade total do algodoeiro é designada de algodão em caroço, sendo composto pela pluma (fibra) e pelo caroço (semente com linter) (Penna, 2001). O linter compreende as fibras curtas que ficam aderidas à semente após o descaroçamento. A produção de pluma refere-se ao peso da fibra menos o peso do caroço. O rendimento de fibra é medido em percentual (%) de fibra produzido em relação à produção de algodão em caroço, após o descaroçamento. Este caráter é de grande importância, já que do total entregue à usina de beneficiamento, o produtor receberá em função do rendimento.

Os primeiros esforços no sentido de melhorar a cultura do algodoeiro datam de 1830, nos EUA, quando se utilizou a seleção massal em populações de plantas com o objetivo de melhorar a qualidade de fibra (Lee, 1987). No Brasil, o melhoramento do algodoeiro herbáceo iniciou-se em 1930 com a criação da Seção de Algodão do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) (Cavaleri & Gridi-Papp, 1993).

A partir de 1975, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) através da criação do Centro Nacional de Pesquisa de Algodão (CNPQ), iniciou o Programa Nacional de Melhoramento do Algodoeiro, incluindo dois tipos de algodão: herbáceo e arbóreo. A partir de 1986, a Embrapa – Algodão, iniciou um programa específico para o Mato Grosso,

tendo em vista o potencial de expansão da cultura neste estado. A partir daquele ano a prioridade passou a ser o melhoramento do algodoeiro para adaptação aos cerrados brasileiros e a obtenção de cultivares resistentes a doenças fúngicas e viróticas. Desde então, as pesquisas visando o melhoramento do algodoeiro têm sido conduzidas de modo contínuo, modificando-se as prioridades, sempre que necessário para atendimento às necessidades dos produtores e indústria.

O Brasil é o 7º produtor mundial de algodão (Tabela 1), estando a área de produção desta espécie concentrada nos estados do Paraná, São Paulo, Minas Gerais, todo o Centro-Oeste e Nordeste brasileiro. Na última safra a área plantada foi de 748 mil ha, com produção de 766 mil toneladas (t) de algodão em pluma para um consumo de 830 mil t.

Tabela 1. Evolução da produção total de pluma (1.000 t.) de algodão para os principais países produtores.

País	96/97	97/98	98/99	99/00	00/01	01/02	%
China	4.202	4.594	4.507	3.832	4.420	5.313	24,91
EUA	4.124	4.092	3.030	3.694	3.742	4.421	20,73
Índia	3.030	2.686	2.805	2.652	2.373	2.569	12,05
Paquistão	1.594	1.562	1.372	1.872	1.785	1.785	8,37
Uzbequistão	1.048	1.138	1.002	1.128	958	1.067	5,00
Turquia	784	795	840	791	784	849	3,98
Brasil	306	412	521	700	939	784	3,68
Outros	4.458	4.730	4.489	4.373	4.319	4.540	21,29
Total	19.546	20.009	18.566	19.042	19.320	21.328	100,00

Fonte: Associação Mato-grossense de Produtores de Algodão – AMPA (2003)

O Estado de Mato Grosso é o maior produtor nacional de fibras de algodão, responsável por mais de 50% da área plantada (375 mil ha), e produção de 392 mil t. na safra 01/02.

A cultura do algodão em Mato Grosso é relativamente nova, sendo que até 1983, tinha pouca importância, ocupando área de apenas 4.000 ha. A partir de 1984, sofreu incrementos anuais chegando a 276.314 ha na safra atual (2002/2003). O grande crescimento foi devido principalmente a uma alta de preço no mercado interno e externo. Entretanto, a cultura só pôde se expandir de maneira sustentável nesta região devido ao desenvolvimento de cultivares e tecnologias apropriadas. Atualmente, o Mato Grosso ainda é considerado um estado promissor para a expansão de novas áreas cotonícolas no Brasil.

Na década de 80, a Embrapa iniciou os estudos relativos à adaptação de cultivares e desenvolvimento de novos genótipos específicos para o Estado. A partir da década de 90, outras empresas de melhoramento voltaram seus esforços para o desenvolvimento de cultivares para a região e para o aperfeiçoamento de tecnologias de produção específicas para as condições daquele estado.

Atualmente, os vários programas de melhoramento de algodoeiro para o Mato Grosso concentram seus esforços em selecionar linhagens que sejam produtivas, de alta qualidade de fibra e adaptadas às adversidades ambientais do estado.

O apoio dos produtores à forte presença da pesquisa no Estado, e principalmente a concentração de programas de desenvolvimento de cultivares na região por empresas nacionais (Embrapa, Coodetec/Unicotton, Fundação MT, etc.), tem sido considerado como um dos principais fatores de crescimento da produtividade e sustentabilidade da cultura no Mato Grosso, que vem se destacando no cenário internacional (Figura 1).

Figura 1 - Maiores produtividades médias de pluma de algodão (Kg/ha), na safra 2001/2002.

Fonte: AMPA (2003)

Apesar do notório avanço em produtividade (Figura 2), até o momento não foram efetuados estudos que permitam dividir os ganhos ambientais (devido ao avanço da tecnologia) e genéticos (devido ao melhoramento de cultivares) relativos à cultura do algodão na Região Centro-Oeste.

Figura 2 -Evolução da produtividade do algodão no Mato Grosso nos últimos 16 anos.

Fonte: AMPA (2003)

Existem na literatura diferentes metodologias propostas para se estimar a contribuição do melhoramento genético em um período de tempo amostrado, as quais serão abordadas em seguida, sob o aspecto de estimativa de progresso genético.

2.2 Progresso genético

O progresso genético é um aspecto de fundamental importância em programas de melhoramento. Sua estimativa fornece uma oportunidade de correlacionar ganhos alcançados com os métodos de melhoramento empregados, possibilitando a adequação dos objetivos propostos inicialmente (Russel, 1977). Da mesma forma, esses estudos podem auxiliar na identificação de caracteres com maior contribuição para o incremento da produtividade e da qualidade.

Vários procedimentos já foram desenvolvidos para medir eficiência de um programa de melhoramento. Um dos procedimentos baseia-se em verificar em que proporção da área cultivada é adotada uma determinada cultivar. Entretanto, o sucesso do programa baseado nesse procedimento pode não representar apenas o avanço genético, pois a adoção de uma cultivar envolve não apenas o potencial genético do genótipo como também a habilidade da empresa no processo da difusão (Arias et al., 1998). Diferentes métodos já foram desenvolvidos para estimativa do progresso genético em programas de melhoramento vegetal conforme descrito a seguir.

2.2.1 Método direto

Esta metodologia consiste em comparar em um mesmo ano agrícola e em vários ambientes, genótipos lançados em diferentes anos (Fonseca Júnior, 1997).

Através desta metodologia obteve-se uma estimativa de progresso genético médio de 0,5% a 0,6% em trigo (Johnson et al, 1968 e Austin et al., 1980); para cevada a estimativa de 0,9% de progresso genético ao ano (Wych & Rasmusson, 1983); 0,5% a 0,9% em soja (Specht & Williams, 1984; Salado-Navarro et al., 1993 e Ulstun et al., 2001); em algodão, Meredith Jr. & Bridge (1984) obtiveram estimativas de 0.7% ao ano nos EUA e Constable et (2001) estimaram em 1,8% ao ano o progresso na Austrália. Peng et al. (2000) obtiveram um progresso genético de 1% ao ano para arroz inundado nas Filipinas. O ganho genético médio anual para produtividade de aveia foi de 0,8% para cultivares lançadas desde 1923 em Minnesota (EUA) e 0,55% ao ano para cultivares brasileiras (Wych & Stuthman, 1983; Barbosa Neto et al., 2000). Obteve-se progresso genético de 0,3%, 0,9% e 1,2% respectivamente para dátilo (*Dactylis glomerata* L.) de ciclo precoce, médio e tardio (Casler et al., 2000).

Essa metodologia possui o inconveniente de ser bastante onerosa, pois além da necessidade de execução de experimentos específicos para esta finalidade, prevê ainda a comparação de cultivares antigas com cultivares recentes, necessitando desta forma, da disponibilidade de sementes com qualidade fisiológica satisfatória para multiplicação em quantidade suficiente para execução experimental. Além dos problemas de ressintetização das sementes dos genótipos mais antigos, é comum o fato de que nem todas as cultivares desenvolvidas em determinado período estejam disponíveis ao melhorista (Atroch & Nunes, 2000).

Outro inconveniente são as mudanças ambientais ocorridas através dos anos que podem não estar ocorrendo no ano de execução do experimento. Por exemplo, caso os novos genótipos apresentem resistência à determinada doença e os genótipos antigos sejam suscetíveis; se no ano em que foram instalados os experimentos para se avaliar o progresso genético não ocorrer esta doença, provavelmente não haverá diferença entre as produções. Portanto, não basta apenas um ano agrícola para se estimar o progresso genético com segurança e representatividade (Fonseca Júnior, 1997). Este método demonstra maior utilidade na estimação do progresso genético em caracteres com maior herdabilidade e portanto, menos sujeitos às influências ambientais, como é o caso dos caracteres rendimento de fibra (Niles & Godoy, 1985) e tamanho dos capulhos (MacCarty et al., 1994).

2.2.2 Método de Vencovsky et al. (1986)

Para contornar o problema de execução de experimentos para quantificar o progresso genético, foi proposta uma metodologia por Vencovsky et al. (1986), a qual utiliza os resultados dos experimentos de avaliação de cultivares conduzidos por vários anos. Considerando que nesses experimentos alguns cultivares são substituídos periodicamente por outros supostamente melhores, pode-se avaliar a eficiência em função da

superioridade genética das cultivares presentes nos experimentos em determinado ano, em relação à dos anos anteriores.

O método de Vencovsky et al. (VE) vem sendo utilizado em trabalhos que estimam a contribuição do melhoramento genético aplicado em condições brasileiras para várias culturas. O ganho genético médio anual estimado em milho, abrangendo 20 anos, obteve estimativas de 2,2% para populações e de 1,7% para os híbridos comerciais (Vencovsky et al., 1986). Carvalho et al., (1997) avaliando os dados de experimentos de algodão herbáceo no Nordeste, no período de 1976 a 1994, obtiveram um progresso genético de 1,03% ao ano para rendimento de algodão em caroço. Na cultura do feijão Fonseca Júnior (1997) obteve estimativas de ganho genético médio anual superiores a 1,5% ao ano para todos os grupos testados. Em estudo semelhante, Arias & Ramalho (1998), obtiveram 1,2% de progresso genético anual para a cultura do milho no Mato Grosso do Sul. No caso do arroz, Soares et al. (1994) registrou um ganho de 1,60% ao ano e Atroch & Nunes (2000) obtiveram um progresso genético de 2,45% ano através deste método, quando estudaram os resultados oriundos do programa de várzea úmida no Estado do Amapá.

Nesta metodologia, a diferença entre a produtividade média dos tratamentos comuns, a cada par de anos, é utilizada para estimar o efeito do ano. O avanço genético anual é obtido pela diferença entre a produtividade média dos genótipos não comuns de um ano e a do ano imediatamente inferior, excluindo-se o efeito do ano (Atroch & Nunes, 2000).

De acordo com Vencovsky et al. (1986), o cálculo do progresso genético através desta metodologia é perfeitamente passível de críticas. Segundo os autores, o ideal seria a instalação de experimentos em diferentes localidades, durante alguns anos, e com sementes renovadas de todas as linhagens obtidas pelo programa. Contudo, essa alternativa envolveria custos adicionais altos e seria difícil de ser realizada, uma vez que muitos genótipos foram descartados durante o processo de melhoramento.

Entretanto, segundo Arias (1996), esta metodologia reflete melhor a condição prevalecente no campo, ou seja, anualmente são recomendados certo número de genótipos, porém somente uma parte dos agricultores, os mais inovadores, adotam os novos. Uma parcela considerável decide continuar com os genótipos utilizados nos anos anteriores. Soares et al., (1994) considera esta metodologia mais flexível, permitindo que o programa de avaliação de cultivares seja mais dinâmico.

2.2.3 Método de Fernandes (1988)

Fernandes (1988), trabalhando com dados do experimento nacional de milho, propôs modificação no método de Vencovsky et al. (1986) para estimar o desvio ambiental médio anual por local, utilizando o método dos quadrados mínimos ponderados (QMP). Esta modificação visou: a) evitar a perda de informações, pois no método original, ao se efetuar a estimativa do desvio genético médio, as médias dos tratamentos dos anos intermediários se cancelavam, restando apenas o primeiro e o último ano para o cálculo da estimativa; e b) eliminar a correlação dos erros experimentais entre anos consecutivos.

Rodrigues (1990) utilizou essa metodologia para calcular o ganho genético em sorgo granífero no Brasil obtendo um progresso genético de 1,18% ao ano. Toledo et al (1990), utilizando os resultados dos experimentos intermediários da rede oficial de experimentação de soja do Estado do Paraná, obtiveram uma estimativa de 1,8% em relação às linhagens precoces e 1,3% para as semiprecoces. O resultado obtido através desta metodologia para arroz irrigado no Espírito Santo, foi de 2,68% ao ano (Silva, 1996) e para a mesma cultura no Estado do Acre o progresso genético estimado foi de 1,78% ao ano (Costa et al, 1999). Arias & Ramalho (1998) obtiveram estimativa de progresso genético de 2,19% ao ano para o milho no Estado de Mato Grosso do Sul. No Amapá, foi estimado um ganho

genético de 3,02% ao ano para o arroz de várzea úmida (Atroch & Nunes, 2000).

A diferença entre estimativas obtidas através dos métodos de Vencovsky et al. (1986) e Fernandes (1988) ocorre porque a primeira metodologia considera os genótipos que são comuns de um ano para outro, enquanto a segunda considera os genótipos não comuns (Atroch & Nunes, 2000). Segundo Fernandes & Frazon (1997), no método de Vencovsky et al. (1986) o ganho genético é diluído entre cada par de anos, sendo menor quando os genótipos comuns não diferem em produtividade. Esses autores ainda comentam que o método de Fernandes (1988) é mais relacionado ao conceito clássico de ganho genético, pois o método considera o esforço das empresas na obtenção de genótipos mais produtivos e reflete o quanto as novas cultivares são, em média, superiores às que foram substituídas nos experimentos.

Entretanto, segundo Arias (1996) a metodologia de Fernandes (1988), não considera o aspecto comercialização, sendo mais adequado obter-se estimativas através das duas metodologias para se ter uma amplitude do ganho que provavelmente ocorreu.

2.2.4 Método de Moraes & Abbud (1993)

É praticamente igual ao método de Fernandes (1988), diferindo apenas na maneira de compor a matriz V de ponderação, cujos coeficientes das variâncias e covariâncias baseiam-se no número de observações de cada média que participa nos cálculos, bem como utiliza os Quadrados Médios do Erro anuais e não apenas o Quadrado Médio do Erro da análise conjunta para efetuar a ponderação. Esta metodologia foi proposta por Moraes & Abbud (1993) e implementada por Breseghello (1995) no estudo do progresso genético do arroz irrigado no Nordeste brasileiro. Entretanto, não foi amplamente adotada para estimação de progresso

genético, pois em seguida foi aperfeiçoado por Breseguello et al. (1998) como descrito a seguir.

2.2.5 Método de Breseguello et al. (1998)

Esta metodologia também prevê a estimativa do progresso genético através dos resultados dos experimentos regionais de avaliação de linhagens e cultivares e consiste basicamente em quatro passos: a) análise conjunta da série de dados dos experimentos regionais através de um modelo linear generalizado de forma a obter médias ajustadas dos genótipos e a matriz de covariância destas médias; b) para o grupo de genótipos avaliados em cada ano, cálculo da média aritmética das médias ajustadas obtidas na análise conjunta; c) comparação direta dos anos, conforme as médias aritméticas obtidas, e d) estimativa de um ganho genético médio, por regressão. Aplicando-se o método de quadrados mínimos generalizados, é calculada uma estimativa ponderada do ganho genético médio no período (Breseghello et al., 1998).

Breseghello (1995) estimou um ganho por ciclo de 0,77% para produtividade de grãos ao avaliar o programa de melhoramento de arroz irrigado conduzido na Região Nordeste do Brasil. Através da mesma metodologia, Rangel et al. (2000) obtiveram estimativa de ganho médio anual de 0,3% para produtividade para arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil.

Segundo Breseghello et al. (1998) este método permite um melhor cancelamento das interações genótipos x anos e genótipos x experimentos/ano, resultando assim em estimativas mais precisas. Este método pode ser aplicado a dados desbalanceados, o que possibilita a estimativa dos ganhos genéticos em séries de experimentos multilocais de qualquer amplitude e duração.

2.2.6 Método da Regressão com Dados Originais

Através da utilização de um genótipo referencial, que geralmente é uma testemunha ao longo de todos os anos testados, pode-se estimar o ganho genético. Segundo Abreu et al. (1994), estabeleceram-se duas equações de regressão linear, uma para a cultivar padrão e a segunda para os demais genótipos, onde a variável dependente (Y) representa as médias originais do rendimento de grãos, e a variável independente (X) corresponde aos anos de experimentação. Em seguida, compara-se os coeficientes angulares (b) de ambas as regressões, mediante a subtração (b de genótipos menos b da testemunha) e obtém-se a estimativa do ganho genético médio anual em Kg/ha. Ressalta-se que esta metodologia é altamente dependente do efeito do ano agrícola, visto que apenas um genótipo, a testemunha comum, é utilizado para indicar as variações ambientais que ocorrem nos diferentes anos.

Abreu et al. (1994) obteve estimativa de progresso genético de 1,9% por ciclo em feijão para a região Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais.

2.2.7 Testemunha como fator de correção

Segundo Fonseca Júnior (1997) outro modo de estimação de progresso genético mediante a referência de testemunha comum em todos os experimentos, é considerar sua produtividade como covariável da produtividade dos demais genótipos, obtendo-se médias ajustadas, livres do efeito ambiental, à semelhança da correção da produtividade de grãos em função do número de plantas na parcela. Com as médias anuais ajustadas efetua-se estudo de regressão em função dos anos e pelo coeficiente angular (b) estima-se o ganho genético médio anual, como utilizado por Eyherávide et al. (1994).

Córdova et al. (1996) alertam para os cuidados na escolha da testemunha referencial, que deve corresponder às expectativas dos agricultores e melhoristas, apresentando desempenho estável e com produtividade em nível satisfatório.

2.2.8 Método de regressão com dados standardizados

Esta metodologia foi proposta por Fonseca Júnior (1997) e difere da anterior por standardizar as médias dos tratamentos genéticos novos e da testemunha. A finalidade desta standardização é a eliminação do efeito de ano e o aumento da precisão da estimativa de ganho genético médio. Uma vez obtidos os dados transformados pode-se utilizar qualquer método já descrito para estimar ganho genético.

Através desta metodologia Fonseca Júnior (1997) obteve estimativa de progresso genético para produtividade de grãos de feijão de 9,7 a 23,0 Kg/ha/ano.

2.2.9 Método de Fonseca Júnior (1997)

Esta metodologia consiste em estimar os efeitos dos genótipos, podendo-se estimar as médias ajustadas para cada genótipo. Este procedimento é mais seguro que a seleção realizada com base nas médias originais, visto que as médias ajustadas têm menor influência do erro experimental e do ambiente. De posse das médias ajustadas gerais dos genótipos pode-se utilizar o método da regressão linear, para se estimar o ganho genético médio anual ajustado.

Empregando esta metodologia, Fonseca Júnior (1997) obteve estimativa intermediária de ganho genético médio, em relação às demais metodologias testadas, as quais variaram de 1,42 a 1,64% para os grupos de feijão testados. Tavares (1998) obteve estimativas significativas, que variaram de 1,17% a 4,93% para trigo no estado do Paraná através desta metodologia.

2.3 Progresso genético em algodoeiro

A avaliação do progresso genético para produtividade e o rendimento de fibra entre cultivares modernas e obsoletas de algodão tem sido utilizada para estudar a necessidade de futuros aperfeiçoamentos nos programas de melhoramento (Culp, 1998).

Bridge et al. (1971) reportaram um progresso genético médio para produtividade de fibra de 10,20 Kg/ha/ano para cultivares lançadas até 1968 no Delta do Mississippi. Hoskinson & Stewart (1977) compararam Deltapine A e Carolina Dell com quatro cultivares modernas no Tennessee na década de 1970 e encontraram diferenças significativas de produtividade entre as cultivares obsoletas e as modernas. Bridge & Meredith Jr. (1983) refizeram os testes na região do Delta Mississippi para as cultivares lançadas até 1978, obtendo um progresso genético médio anual de 9,5Kg/ha para produtividade de fibra.

Dezesseis cultivares Acala lançadas entre 1939 a 1979 para o estado da Califórnia, EUA foram avaliadas em diferentes locais por um período de três anos demonstrando que em 40 anos o progresso genético foi de 0,83%, ou seja, uma estimativa média de 1,45 Kg/ha/ano para produtividade de fibra. A partir de 1960 o progresso genético do programa não se refletiu nos campos comerciais sugerindo uma forte influência ambiental para este caracter. Desde o lançamento da cultivar Acala 4-42 em 1949, a resistência de fibra vem apresentando incrementos significativos. Entretanto, o micronaire apresentou uma alteração muito baixa mais positiva (Basset & Hyer, 1985).

Culp & Green (1992) avaliaram 11 cultivares comerciais e 18 linhagens de algodão, em dois testes por ano durante três anos (1979 a 1981) em Florence, SC, a fim de determinar como o melhoramento genético havia atuado. A cultivar SC-1, primeira cultivar do programa PD (Peede) com fibra extra resistente, produziu significativamente mais fibra do que todas as outras linhagens PD testadas. A análise de regressão demonstrou que a produtividade de fibra teve um progresso genético médio anual de 9,2

Kg/ha. Entretanto, quando se eliminaram as cultivares não adaptadas à região de condução dos experimentos a estimativa do progresso genético aumentou para 10,2 Kg/ha/ano.

Vale ressaltar que avanços na produtividade podem ser decorrentes do melhoramento para resistência à pestes (nematóides, doenças e insetos) melhoria da adaptação e aperfeiçoamento das práticas agronômicas. Apesar de já terem sido obtidas estimativas de progresso genético para produtividade nos EUA entre 7,0 a 10,4 Kg/ha (Meredith Jr. & Bridge, 1984), recentemente a tendência aponta para menores magnitudes (1,4 Kg/ha) indicando que a produtividade na região Centro-Sul tenha alcançado um patamar (Meredith Jr. et al., 1997). Ênfase na qualidade de fibra e a aparente falta de diversidade genética provavelmente contribuíram para a diminuição no ganho em produtividade (Meredith Jr. et al., 1997). Com o advento dos organismos geneticamente modificados (OGM) e o acelerado lançamento de cultivares via retrocruzamentos, o progresso genético para produtividade pode permanecer estagnado indefinidamente, já que outros caracteres diferentes de resistência a insetos e herbicidas não serão melhorados via transformação de plantas num futuro próximo (Bowman, 1999).

Meredith Jr. (1998) realizou uma análise do experimento nacional de cultivares norte-americanas para o período de 1960 a 1996. O progresso genético médio anual para produtividade de fibra nos 37 anos foi de 6,78 Kg/ha ou 0,64% ao ano. Entretanto, houve dois períodos em que a produtividade diminuiu. O período de 1960 a 1981 demonstrou um decréscimo médio em produção de 2,02 Kg/ha/ano. O período seguinte – 1982 a 1996 também demonstrou um declínio de 5,04 Kg/ha/ano. Portanto, o ganho em produtividade de fibra durante os 37 anos não foi efetuado de maneira gradual, mas devido a um grande avanço de 194 Kg/ha do primeiro para o segundo período (1959-1981 e 1982-1996). Uma segunda análise foi efetuada com os dados dos experimentos regionais, conduzidos

entre o período de 1964 e 1999 em 10 estados norte-americanos. A avaliação dos dados indicou um aumento na produtividade média anual não significativa de 3,25 Kg/ha ou 0,32%. Esta análise também indicou que as melhores produtividades foram obtidas em 1988.

No algodão tipo Pima ou egípcio, o progresso genético médio anual estimado entre oito cultivares lançadas entre 1949 a 1991 para produtividade de fibra, foi de 17 Kg/ha. A maior contribuição para o aumento da produtividade foi o número de frutos por hectare e o aumento da produção de fibras por semente. Entretanto, observou-se que o micronaire e o comprimento de fibras sofrera incrementos nas novas cultivares, o que indica que o aumento da produtividade de fibra está mais relacionado ao aumento do peso da fibra do que ao aumento no número de fibras por semente. Foi observado que as novas cultivares possuem maior rendimento de fibra (%), frutos e sementes menores. De maneira geral, houve aumento da qualidade das cultivares tipo Pima, produzindo fibras mais longas, uniformes, fortes e grossas do que as cultivares obsoletas (Moser & Percy, 1999).

A avaliação do progresso genético para produtividade de fibra no programa da Deltapine nos EUA foi realizada através da comparação de cultivares lançadas em diferentes anos através de experimentos em diversos locais durante quatro anos. A produtividade de fibra nas cultivares de ciclo precoce aumentou de 0,2% a 0,8% por ano num período de 20 anos. Para as cultivares de ciclo tardio, o aumento foi de 0,2% a 1,1% ao ano num período de 12 anos. A qualidade de fibra foi mantida ou apresentou tendência semelhante ao obtido para melhoramento da produtividade de acordo com cada cultivar (Keim et al., 2000).

Lewis et al. (2000) estimaram o progresso genético do algodoeiro tipo Upland nos EUA através de métodos tradicionais de melhoramento em 1,3% ao ano. Em termos econômicos, isso significou um aumento de U\$150 a U\$200 milhões na economia norte-americana (Myers, 2001). Infelizmente, os

investimentos em melhoramento não refletem a magnitude do retorno econômico. Uma publicação recente¹ aponta as possíveis causas dos distúrbios no melhoramento do algodoeiro nos EUA. Entre 1970 e 1985, o progresso genético para a produtividade de algodão tornou-se negativo por alguns anos. A causa primária apontada para este declínio inclui a diminuição de investimentos e reduzido número de especialistas nos projetos públicos de coleção de germoplasma, introgressão de genes, melhoramento genético, e uma concentração de investimentos por empresas privadas em programas de melhoramento via retrocruzamento. Atualmente, o cenário não é diferente uma vez que os principais programas se concentram em adicionar uma ou dois caracteres em cultivares elites através da transformação de plantas.

Na Austrália, Constable et al. (2001) reportou que a produtividade em áreas comerciais tem aumentado continuamente nos últimos 30 anos. Não obstante à flutuação da produção em função de fatores climáticos desfavoráveis, pragas e doenças, o progresso médio registrado para produtividade de fibra foi de 23 Kg/ha/ano. Esta tendência tem apresentado continuidade mesmo em áreas extensas. Já o programa de melhoramento do CSIRO (Australian Commonwealth Scientific & Industrial Research Organization) apresentou progresso genético de 12,90 Kg/ha/ano, indicando que o melhoramento genético foi responsável por 45% do aumento da produtividade no país. De maneira geral, progresso genético significativo foi alcançado para todos os objetivos do melhoramento com uma média de 1,8% por ano para produtividade de fibra, devido ao lançamento de novas cultivares.

¹ Report of the American Cotton Producers, Memphis: National Cotton Council of America, 1999.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Para proceder as análises, foram utilizados os dados obtidos em 174 experimentos regionais do programa de melhoramento de algodão da Embrapa para o Mato Grosso, no período compreendido entre 1989 a 2001, em diferentes locais (Tabela 2). Os caracteres considerados foram produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) e rendimento de fibra (%). Para rendimento de fibra foi considerado o período de 89/90 e 95/96 a 00/01. Os dados referentes ao período de 90/91 a 94/95 não foram registrados.

Os experimentos regionais foram compostos por um número variável de cultivares (Anexo A). O delineamento utilizado foi o de blocos ao caso com três ou quatro repetições. As parcelas em sua grande maioria foram compostas por duas fileiras de 10,0 metros ou quatro fileiras de 5,0 metros, com cerca de 12 plantas por metro linear. A condução experimental seguiu as recomendações técnicas indicadas para cada local.

Tabela 2. Localização e número de experimentos regionais de cultivares de algodão para o Mato Grosso, entre o período de 1989 a 2001. EMBRAPA.

N.	Local	89/ 90	90/ 91	91/ 92	92/ 93	93/ 94	94/ 95	95/ 96	96/ 97	97/ 98	98/ 99	99/ 00	00/ 01	Total
1	Alto Taquari, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	2	.	3
2	Bandeirantes, MT	.	.	.	2	.	.	.	.	.	.	.	.	2
3	Bolivia	.	.	.	.	.	.	.	.	.	2	.	.	2
4	Cáceres, MT	.	1	2	3	2	2	2	2	.	1	.	.	15
5	Calcáreo Tangará, MT	.	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1
6	Campo Novo, MT	.	.	.	.	.	.	1	1	1	1	2	.	5
7	Campo Verde, MT	.	.	.	.	.	1	1	1	1	1	2	1	7
8	Canarãna, MT	.	.	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1
9	Chapadão do Sul, MS	.	.	.	.	.	.	.	1	1	1	1	1	4
10	Colider, MT	.	.	.	.	1	.	.	.	.	1	.	.	2
11	Dourados, MS	.	.	.	.	.	.	1	.	.	1	1	.	3
12	Fátima do Sul	.	.	.	.	1	.	1	.	.	.	.	.	2
13	Glória D'oeste, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	1
14	Goiatuba, GO	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	1
15	Itamarati Norte, MT	1	1	1	2	2	2	2	.	2	2	2	1	18
16	Itiquira, MT	.	.	.	1	1	.	1	2	1	1	2	.	9
17	Itumbiara, GO	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	1
18	Juína, MT	.	.	1	1	.	.	.	.	.	1	.	.	3
19	Londrina, PR	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	1
20	Lucas do Rio Verde, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	2	1	4
21	Nova Mutum, MT	.	.	1	1	.	.	.	.	1	1	2	.	6
22	Nova Olímpia, MT	1	1	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	3
23	Novo S. Joaquim, MT	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	.	1	2
24	Ouro Preto, MT	.	.	.	.	.	.	2	2	.	.	.	.	4
25	Ponta Porã, MS	.	.	.	.	1	2	.	.	.	1	.	.	4
26	Ponte de Pedra, MT	.	.	.	1	.	.	1	.	.	.	.	.	2
27	Pontes e Lacerda, MT	.	.	.	1	1	1	1	.	.	1	.	.	5
28	Porto Alegre Norte, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	1
29	Primavera do Leste, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	.	2	3	1	6
30	Rondonópolis, MT	.	.	1	1	1	2	1	1	3	1	3	1	15
31	S. J. Quatro Marcos, MT	.	.	2	2	2	3	2	2	1	1	.	.	15
32	Santa Helena, GO	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	1
33	Sapezal, MT	.	.	.	.	.	.	1	1	1	1	2	1	7
34	Serra da Petrovina, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	1	1	2	1	5
35	Sinop, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	.	.	1
36	Sorriso, MT	.	.	.	.	.	.	.	.	.	1	2	1	4
37	Tangará da Serra, MT	.	.	.	1	.	1	.	.	.	1	.	.	3
38	Vilhena, RO	.	.	.	.	.	.	1	1	2	1	.	.	5
	Total	2	3	11	16	12	13	17	14	15	32	29	10	174

3.1 Análise de variância individual

Inicialmente, procedeu-se a análise de variância individual, referente aos 174 experimentos e a respectiva análise de resíduos, visando detectar dados discrepantes, utilizando-se o procedimento PROC GLM (GLM – General Linear Model), do programa SAS – Statistical Analysis System (1999). Experimentos com média inferior a 800 Kg/ha não foram considerados nas análises.

A fim de avaliar a validade do uso do Coeficiente de Variação (CV), como medidor de precisão experimental, foi utilizado o método de Bowman (2001). Segundo este autor, o CV é baseado na hipótese de que a média e a variância do erro sejam correlacionadas positivamente. Deste modo, através do modelo abaixo, calcula-se o valor de β (coeficiente de regressão) que deve ser igual a dois.

$$b = \frac{n \sum xy - (\sum x)(\sum y)}{n \sum x^2 - (\sum x)^2} = 2,0 \quad (1)$$

sendo:

- β Coeficiente de regressão.
- χ Log da média.
- γ Log do quadrado médio do erro da análise de variância individual.

Caso o valor encontrado seja menor que dois, os CVs do grupo de experimentos testados não servem para indicar a validade dos experimentos.

3.2 Análise de variância conjunta

A análise de variância conjunta foi realizada de acordo com as metodologias de estimação de progresso genético que utilizam o quadrado médio do erro conjunto como parte dos procedimentos. O modelo

matemático e os procedimentos utilizados variaram entre os métodos, de modo que a obtenção do quadrado médio do erro da análise conjunta, quando necessário estará descrito em cada metodologia utilizada.

Todas as análises foram efetuadas através das médias, devido a não obtenção dos dados originais relativos às parcelas para o período de 1988 a 1996.

3.3 Estimativa do progresso genético

As estimativas do progresso genético para os caracteres produtividade (Kg/ha) e rendimento de fibra (%) foram obtidas por três diferentes metodologias conforme descrito a seguir.

3.3.1 Método de Vencovsky et al. (1986)

A partir desta metodologia, o ganho genético é estimado pela diferença genética líquida (dg), de acordo com a expressão:

$$dg = db - da \quad (2)$$

sendo:

db diferença bruta entre a média de todos os tratamentos de um determinado ano e a de todos os tratamentos no ano anterior;

da diferença ambiental obtida pelo contraste entre a média do grupo de genótipos comuns ao par de anos consecutivos.

Considerando-se dois anos consecutivos (1 e 2):

$$dg_{21} = db_{21} - da_{21} \quad (3)$$

sendo:

$$dg_{21} = (\bar{Y}_2 - \bar{Y}_1) - (\bar{Y}_{(21)_2} - \bar{Y}_{(21)_1}) \quad (4)$$

$$db_{21} = (\bar{Y}_2 - \bar{Y}_1) \quad (5)$$

$$da_{21} = (\bar{Y}_{(21)_2} - \bar{Y}_{(21)_1}) \quad (6)$$

sendo:

$\bar{Y}_2$ média de todos tratamentos no ano 2;

$\bar{Y}_1$ média de todos tratamentos no ano 1;

$\bar{Y}_{(21)_2}$ média dos genótipos comuns aos anos 2 e 1, obtida no ano 2;

$\bar{Y}_{(21)_1}$ média dos genótipos comuns aos anos 2 e 1, obtida no ano 1.

Para cada par de anos consecutivos é obtido um dg (desvio genético líquido). Para avaliar o progresso total acumulado ao longo dos anos (GT), efetua-se o somatório dos $n-1$ dg, sendo n o total de anos estudados, isto é:

$$GT(j) = dg_{21} + dg_{32} + \dots + dg_{j,j-1}; j = 2, 3 \dots n \quad (7)$$

Para se obter o acréscimo médio por ano, divide-se o progresso acumulado pelo número de anos no período. Esta última estimativa dividida pela média geral dos experimentos do primeiro ano, multiplicada por 100, fornece o ganho genético médio anual em porcentagem. O erro padrão da média desta estimativa pode ser obtida pela raiz quadrada da razão entre a variância dos ganhos genéticos e o número de anos envolvidos, conforme representado a seguir:

$$\hat{\bar{g}} = \frac{\sum \hat{g}_{ij}}{n-1}, \quad (8)$$

sendo:

$\hat{\bar{g}}$ estimativa do ganho genético médio anual em Kg/ha;

n número de anos.

$$\hat{s}(\hat{\bar{g}}) = \sqrt{\frac{1}{n} \left(\frac{\sum (\hat{g} - \hat{\bar{g}})^2}{n-1} \right)}, \quad (9)$$

$\hat{s}(\hat{g})$ estimativa do erro padrão da estimativa do ganho genético médio por ano.

$$\hat{g}(\%) = \frac{\hat{g}}{\bar{T}_1} 100, \quad (10)$$

sendo,

$\hat{g}(\%)$ estimativa do ganho genético médio anual em (%).

$\bar{T}_1$ média de todos tratamentos no ano 1 (média de referência).

A significância da estimativa do ganho genético médio anual foi verificada pelo teste t, mediante a expressão:

$$t = \frac{\hat{g} - 0}{\hat{s}(\hat{g})}, \quad (11)$$

com n-2 graus de liberdade (sendo n o número total de anos).

3.3.2 Método de Breseghello et al. (1998)

Bresegheello et al. (1998) propuseram uma correção na metodologia original de Moraes & Abbud (1993). Este método modificado considera de uma série de dados de um certo número de genótipos, testados durante vários anos em um período de tempo, com número variável de locais/anos e repetições/genótipos/locais/anos, conforme é descrito pelo seguinte modelo matemático fixo:

$$Y_{ijk} = \mu + A_k + L / A_{jk} + R / L / A_{jkr} + G_i + e_{ijk} \quad (12)$$

sendo:

Y_{ijk} valor observado do tratamento genético i no ambiente j no ano k;

μ média geral;

A_k efeito do ano k (k=1,...,a);

L/A_{jk} efeito do local j dentro do ano k ($j=1,\dots,m_k$);

$R/L/A_{jkr}$ efeito da repetição r dentro do local j no ano k ($r=1,\dots,s_{jk}$);

G_i efeito do genótipo i ($i=1,\dots,n$), e

e_{ijk} erro associado à observação Y_{ijk} .

As interações genótipos x anos e genótipos x locais/anos, foram excluídas do modelo e são consideradas neste caso parte do erro experimental. Entretanto, as médias para cada genótipo, ajustadas para efeito de anos, locais/ano e repetições/locais/ano, irão representar funções estimáveis (Searle, 1971).

A análise de variância deve ser executada usando um procedimento compatível com a estrutura de dados desbalanceados, como o GLM (General Linear Model) do pacote estatístico do SAS (SAS, 1999) que fornece a solução de quadrados mínimos ponderados do parâmetro $\mathbf{q}^0$ e a solução da matriz inversa generalizada $(X'X)^G$ de $X'X$, sendo X a matriz dos coeficientes dos parâmetros do modelo.

O vetor Y das médias ajustadas dos genótipos ($\bar{Y}_i = \dots$) é obtido como se segue:

$$\hat{Y} = C\mathbf{q}^0 \quad (13)$$

Sendo C é o coeficiente da matriz,

$$C = n \times \left(1 + a + \sum_{k=1}^a m_k + \sum_{k=1}^a \sum_{j=1}^{m_k} s_{jk} + n \right) \quad (14)$$

A matriz covariável das médias ajustadas, $V(Y)$, é dada pela expressão:

$$\hat{V}(\hat{Y}) = C(X'X)^G C' RMS \quad (15)$$

sendo:

RMS: estimador de quadrados mínimos residuais (residual Mean Square).

Para estimar o ganho genético é calculada a média Y_k^* , suas variâncias e covariâncias, sendo útil a construção de uma matriz auxiliar S com dimensão a x n, na qual cada linha se refere a um ano K e cada coluna a um genótipo i. Se o genótipo i for avaliado durante o ano K, a célula k_i é preenchida com $1/n_k$, sendo n_k é o número de genótipos avaliados durante o ano K; se o genótipo não foi conduzido naquele ano, o valor da célula é zero.

A coluna vetor de Y^* da média Y_k^* é obtida pela equação:

$$\hat{Y}^* = S\hat{Y} \quad (16)$$

O ganho genético sobre dois anos, consecutivos ou não, podem ser estimados pela diferença nas respectivas médias Y_k^* . Para estimar o ganho genético médio ponderado é necessário obter a matriz de covariância das médias Y_k^* , com dimensão a x a, dada por:

$$\hat{V}(\hat{Y}^*) = S\hat{V}(\hat{Y})S'. \quad (17)$$

O ganho genético médio anual é estimado pelo coeficiente de regressão linear b_1 de Y_k^* como uma função do ano k, o qual é obtido pelo método dos quadrados mínimos generalizados (Hoffmann & Vieira, 1987).

$$\hat{\mathbf{b}} = \begin{bmatrix} \hat{b}_0 \\ \hat{b}_1 \end{bmatrix} = (x'D^{-1}x)^{-1}(x'D^{-1}\hat{Y}^*) \quad (18)$$

sendo:

$\hat{b}_0$ Interseção;

$\hat{b}_1$ coeficiente de regressão linear para as médias ponderadas Y_k^* em função do ano, para estimativa do ganho genético médio anual;

x matriz constante com dimensão $a \times 2$, consistindo de uma coluna vetor de 1's, relativo para $\hat{b}_0$ e uma coluna vetor de $1, 2, \dots, a$, relativa a $\hat{b}_1$, sendo a o número de anos.

A variância $\hat{b}_1$ é o valor da célula na segunda linha e segunda coluna da matriz $\hat{V}(\mathbf{b})$, que é estimada por:

$$\hat{V}(\hat{\mathbf{b}}) = (x' D^{-1} x)^{-1} \quad (19)$$

Se a estimativa do ganho genético for significativa é interessante calcular o percentual de ganho médio anual, utilizando como base de referência a média dos genótipos testados no primeiro ano considerado no período, Y_1^* .

3.3.3 Método de Fonseca Júnior (1997)

Este método de estimação do ganho genético foi desenvolvido por Fonseca Júnior (1997), e baseia-se na regressão das médias ajustadas dos genótipos novos e da testemunha em função dos anos. As médias ajustadas foram obtidas pela estimação dos efeitos dos genótipos segundo o modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + ga_{ij} + r_{k(j)} + e_{ijk} , \quad (20)$$

sendo:

Y_{ijk} valor observado do tratamento genético i , no ambiente j , na repetição k ;

μ média geral;

g_i efeito fixo do tratamento genético i ($i=1, 2, \dots, G$);

a_j efeito aleatório do ambiente j ($j=1, 2, \dots, A$);

ga_{ij} efeito aleatório da interação entre o tratamento genético i e o ambiente j ;

$r_{k(j)}$ é o efeito aleatório da repetição k dentro do ambiente j ($k=1,2,\dots,R$);

e_{ijk} é o erro experimental associado à parcela ijk .

Este modelo pode ser expresso em termos matriciais, separando-se os efeitos fixos dos aleatórios como indicado por Searle (1987) e por Martins et al (1993), ficando:

$$Y = X\beta + ZU + E \quad (21)$$

sendo:

Y vetor dos dados observados;

X matriz conhecida de incidência dos efeitos fixos;

β vetor desconhecido dos parâmetros de efeitos fixos;

Z matriz conhecida de incidência dos efeitos aleatórios;

U vetor desconhecido dos parâmetros de efeitos aleatórios;

E vetor dos erros aleatórios.

Considera-se que U e E não são correlacionados com esperança matemática zero:

$$E \begin{bmatrix} U \\ E \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad (22)$$

e variâncias G e R respectivamente, a saber:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} U \\ E \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}, \quad (23)$$

sendo:

G matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios presentes no vetor U ;

R matriz de variâncias e covariâncias residuais.

A matriz G é uma matriz quadrada, que neste trabalho foi composta pelos componentes de variância dos fatores aleatórios do modelo, dispostos na diagonal, com os demais termos iguais a zero. Cada componente de variância estava presente em n células da matriz G, sendo n o número de níveis do respectivo fator. Por sua vez, a matriz R, também quadrada, com o número de linhas e colunas igual ao número de observações, foi composta pelo componente de variância do erro experimental na diagonal, sendo os outros termos iguais a zero.

A variância de Y (vetor das observações) representada pela matriz V, foi obtida mediante a expressão matricial:

$$\text{Var}(Y) = V = ZGZ' + R, \quad (24)$$

sendo:

Z matriz conhecida de incidência dos efeitos aleatórios;

G matriz desconhecida de variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios presentes no vetor U;

Z' matriz Z transposta;

R matriz desconhecida de variâncias e covariâncias residuais.

Para se obter as estimativas dos parâmetros do modelo, é necessário conhecer todas as matrizes, inclusive G e R, que são compostas pelos componentes de variâncias. Para tanto, utilizou-se o método REML de estimação de componentes de variância. Este procedimento permitiu tornar conhecidas as matrizes G e R e por sua vez V, podendo-se estabelecer as equações MM de Henderson et al. (1959):

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta \\ U \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix}, \quad (25)$$

cuja resolução fornece as estimativas dos efeitos fixos (β) e aleatórios (U) do modelo:

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}Y \quad (26)$$

$$\hat{U} = GZ'V^{-1}r, \text{ sendo} \quad (27)$$

$$r = Y - X\beta \quad (28)$$

Nestas circunstâncias $\hat{\beta}$ é o melhor estimador linear não viesado ("BLUE" - Best Linear Unbiased Estimator) que é a estimativa dos efeitos fixos do modelo misto e $\hat{U}$ é o melhor preditor linear não viesado ("BLUP" - Best Linear Unbiased Predictor), para os fatores aleatórios do modelo. No presente trabalho, como os tratamentos genéticos foram considerados fixos, concentrou-se maior atenção na estimação dos "BLUEs" desses tratamentos. Uma vez obtidos os BLUEs, foram estimadas as médias ajustadas, adicionando-se os BLUEs à constante (μ) do modelo misto.

A estimativa da variância de $\hat{\beta}$, neste caso BLUE, é obtida por:

$$\hat{V}(\hat{\beta}) = (X'V^{-1}X)^{-1} \quad (29)$$

Observa-se que a expressão referente à estimativa dos efeitos fixos (BLUE) de modelo misto indexada em (26) é a mesma referida em (18), relativa à estimativa de ganho genético obtida por quadrados mínimos ponderados. A razão é o fato de que estas expressões se originam do método de quadrados mínimos generalizados (GLS) que envolve ponderação pela matriz V. O mesmo ocorre com as expressões de suas variâncias, indicadas em (29) e (19) respectivamente.

Para se obter as estimativas das médias ajustadas utilizou-se o programa SAS, através da rotina PROC MIXED (SAS, 1999).

Com as médias ajustadas de todos os genótipos, obteve-se as médias aritméticas anuais dos genótipos novos e da testemunha, para em seguida aplicar o método da regressão e estimar o ganho genético médio anual.

A estimativa do ganho genético médio anual em porcentagem foi obtida por:

$$\hat{g}(\%) = \frac{\hat{b}_g}{\hat{a}_n} 100 \quad (30)$$

sendo:

$\hat{b}_g$ estimativa do coeficiente angular da equação de regressão linear, relativa ao ganho genético em função dos anos;

$\hat{a}_n$ estimativa do intercepto ou coeficiente linear da equação de regressão linear, relativa à média anual dos genótipos novos em função dos anos.

A significância da estimativa de ganho genético médio anual pode ser testada de duas maneiras, a primeira mediante o teste t e a segunda pelo teste F da análise de variância da análise de regressão, testando-se o Quadrado Médio da Regressão Linear com o Quadrado Médio dos Desvios da Regressão, respectivamente com 1 e A-2 graus de liberdade, sendo A o número total de anos.

Em estudos envolvendo ganho genético mediante a utilização de regressão, a prioridade é testar a significância do efeito linear da regressão. Com menor prioridade, foi testado o desvio da regressão. Em sendo ambos significativos, a regressão linear e seu desvio, indicarão que existem outras causas, além do efeito linear, para explicar o comportamento dos dados, mas o que importa é a tendência linear dos ganhos, cuja explicação biológica é mais consistente. O desvio da regressão linear foi testado com o quadrado médio do erro da análise de variância conjunta, dividido pela média harmônica do número de locais e repetições, pois as análises foram realizadas ao nível de médias.

3.4 Taxa de substituição de genótipos

A taxa de substituição de genótipos, de um ano para outro mede a proporção de novas cultivares incluídos em cada ano nos experimentos de algodão herbáceo.

O número de genótipos nos experimentos foi variável, conforme se pode verificar na Tabela 3. A relação entre a média do número de genótipos novos e a média do número total de tratamentos multiplicada por 100 corresponde à “taxa de substituição de genótipos”, considerada para cada ano estudado.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variâncias individuais

Inicialmente os 174 experimentos foram analisados individualmente a fim de se verificar a magnitude do coeficiente de variação (CV) e obter as médias. Foram descartados experimentos com produtividade média inferior a 800 Kg/ha. A fim de avaliar a validade do uso do Coeficiente de Variação (CV), como medidor de precisão experimental foi utilizado o método de Bowman (2001).

Na tabela 3, após o descarte, constam os valores médios, mínimos e máximos, referentes às médias, coeficiente de variação, número de tratamentos testados anualmente e número de experimentos por ano para o caráter produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) e rendimento de fibra (%).

Segundo Bowman (2001), O CV foi criado para medir a variabilidade relativa por Karl Pearson em 1895. A partir do CV, uma medida da variação, o desvio médio padrão, é expresso como uma fração da média. Deste modo o CV pode ser usado como um indicativo de variabilidade entre populações, estabilidade de fenótipos, variabilidade de tamanho de parcelas ou situações similares na qual a variabilidade individual é medida. Entretanto, um CV de 10 a 15% para produtividade em experimento é geralmente esperado pela maioria dos pesquisadores. Esta generalização provavelmente se origina das observações feitas por Cochran & Cox (1957), numa declaração de que..."o coeficiente de variação é freqüentemente variável entre 5% e 15%." Os autores estavam se referindo à produtividade de milho (*Zea mays* L.) em experimentos

conduzidos na região meio-oeste norte-americana, onde a variabilidade do solo é freqüentemente muito maior do que em outras partes do país. Desde então, o CV vem sendo utilizado para medir a validade experimental (Bowman, 2001).

Tabela 3. Números de anos, experimentos, parcelas, tratamentos e experimentos por ano, valores médios (m), mínimos (min) e máximos (max) do rendimento médio, porcentagem de experimentos com teste F significativo para efeitos de genótipos e coeficiente de variação (C.V.) dos experimentos regionais de algodão no período 1989 a 2001 para produtividade (Kg/ha) e rendimento de fibra (%).

		Produtividade kg/ha	Rendimento Fibra (%)
Nº de anos		12	7
Nº de experimentos		161	89
Nº de parcelas		11.179	4.321
Nº de tratamentos por ano	m	13,5	9,1
	min-max	7 - 29	1 - 23
Nº de experimentos por ano	m	13,5	12,7
	min-max	1 - 29	2 - 29
Média geral dos experimentos	m	2.993,7	39,5
	min-max	811,6 – 7.445,8	28,0 - 56,4
F(trat) sig/ (%)		73,1	100,0
C.V. (%)	m	14,30	2,80
	min-max	4,7 - 31,5	1,24 - 19,16

O CV baseia-se na premissa de que a variância aumenta com o aumento da média. Allen et al. (1978) reportaram uma relação positiva para várias culturas e Gotoh & Osanai (1959) reportaram uma relação positiva para trigo. Embora uma correlação positiva possa ser encontrada entre várias culturas, o

uso do CV é válido somente quanto o Coeficiente de Regressão ou inclinação (b), entre o logaritmo ($\log$) da média e do quadrado médio do erro for igual a dois ($b=2.0$) (Bowman & Rawlings, 1995). Segundo estes autores, mediante a obtenção de $b=2.0$, deve-se eliminar experimentos com coeficiente de variação superior a 1,4CV médio. Sem a estimativa do valor de b , a adoção do critério acima passa a ser excessivamente rigoroso, descartando experimentos desnecessariamente.

Partindo desta teoria, foi calculado o valor de b para os experimentos obtendo-se $b=0,51$ e $b=1,23$ para produtividade de algodão em caroço e rendimento de fibra, respectivamente. Sendo estes valores menores que 2, fica evidente não haver correlação entre a média e o QMErro, tornando o CV um medidor de variabilidade de baixa confiabilidade neste caso.

Analizando a Tabela 3, verifica-se que o número de anos avaliados para produtividade e rendimento de fibra foi 12 e sete, respectivamente. Tal diferença foi devida a não obtenção dos dados referentes a rendimento de fibra no período de 1990 a 1994. Isso refletiu no número de experimentos avaliados, que foi de 161 para produtividade e 89 para rendimento de fibra. Como consequência, número de parcelas, tratamentos e locais por ano foram variáveis entre os dois caracteres.

O número de locais por ano variou de um mínimo de um nos primeiros anos de existência do programa para até 29 locais nos últimos anos avaliados. No início do programa, foram testadas linhagens e introduções de cultivares desenvolvidas em outras regiões. A partir da expansão da área plantada e do desenvolvimento do programa, este passou a desenvolver suas próprias linhagens, sendo que o número de locais foi aumentado de forma a cobrir as principais áreas de cultivo de algodoeiro em cada ano.

A produtividade média obtida para o período (2.993,70 Kg/ha) foi superior à média obtida pelos produtores no mesmo período (2.042 Kg/ha) (AMPA, 2003). Já o rendimento de fibra médio para os tratamentos testados (39,5%),

mostrou semelhança às médias obtidas nas lavouras comerciais. Embora a maioria dos experimentos tenha sido conduzida em áreas contíguas às lavouras comerciais, onde se efetuou o mesmo manejo da área comercial, houve certos aspectos que diferiram na condução experimental. Esta diferença pode ser explicada devido aos cuidados na experimentação, tais como: a) manutenção do estande ideal; b) colheita de todas as parcelas em tempo oportuno; c) em alguns casos efetuação de duas colheitas, minimizando as perdas na colheita; e d) colheita manual.

As elevadas variações de produtividade média (812 a 7.446 Kg/ha) e de rendimento de fibra (28% a 56,4%) obtidas nos experimentos, sugerem a ocorrência da diversidade ambiental e uma melhoria geral (genética e ambiental) com o passar dos anos, pois as produtividades de algodão em caroço e os rendimentos de fibras médios mais elevados foram obtidos a partir do sexto ano de desenvolvimento do programa (Anexo A). Como citado anteriormente, alguns fatores técnicos podem ter afetado diretamente estes caracteres, o que explica produtividades extremamente elevadas (aprox. 7000 Kg/ha) se comparadas às maiores produtividades já obtidas em lavouras comerciais (6000 Kg/ha). Os valores extremos obtidos para rendimento de fibra (56 %) também estão acima daqueles obtidos em lavouras comerciais (43%). Esta discrepância pode ser explicada pela técnica de descaroçamento utilizada em experimentação que é efetuada em máquinas de rolo, que proporcionam uma extração maior da fibra e, conseqüente, aumento do rendimento. O algodão colhido em lavouras comerciais e em campos de sementes genéticas são processados em máquinas de serra, que proporciona menor rendimento de fibra e maior agilidade no processamento.

O teste de F foi significativo para os caracteres testados. Para produtividade, em 78 dos 161 experimentos, foi efetuada a análise de variância (ANOVA) com dados por repetições, sendo que em 73,1% desses 78 experimentos, o F para tratamentos foi significativo. Para rendimento de fibra

dos 89 experimentos analisados, em 71 foi efetuada a ANOVA com dados por repetições, sendo que em 100% desses 71 experimentos, o F para tratamentos foi significativo.

4.2 Análise de variância conjunta

Nas Tabela 4 e 5, encontram-se os resumos das análises de variância conjuntas para os dois tipos de modelos matemáticos utilizados nas estimativas de progresso genético pelas metodologias de Breseguello et al., 1998 (BR) e Fonseca Júnior, 1997 (FJ), respectivamente. As estimativas dos quadrados médios do erro médio foram utilizadas nos testes de significância das estimativas de ganho genético através destes métodos discutidos adiante.

No primeiro modelo, descrito na Tabela 4, verifica-se significância para todas as fontes de variação testadas, exceto a interação Rep(Exp/Ano), para qual não foi obtido o valor do QM pois a análise foi realizada ao nível de médias.

No segundo modelo descrito na Tabela 5, com interação genótipo x ambiente (GxA), utilizado na metodologia FJ, as fontes de variação genótipo e ambiente apresentaram significância enquanto a interação GxA apresentou valores não significativos, o que demonstra que os genótipos de algodão testados interagiram pouco com o ambiente. Este fator difere do previsto, haja vista a diversidade de genótipos e locais. Além disso, outros resultados já obtidos para algodão, como o descrito por Farias et al. (1996) demonstraram valores altamente significativos para interação GxA para este caráter nas condições do estado de Mato Grosso. Por outro lado, a análise de variância para rendimento de fibra apresentou valores não significativos na interação genótipo x ambiente (GxA), que coaduna com o resultados esperado, já que este caráter não é excessivamente influenciado pelo ambiente (Keim & Quisenberry, 1983).

Tabela 4. Resumo da análise de variância conjunta para o modelo matemático fixo descrito, referentes aos experimentos regionais de algodão para os caracteres produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) e rendimento de fibra (%).

Fontes de Variação	Modelo: $Y_{ijk} = \mu + A_k + L/A_{jk} + R/L/A_{jkr} + G_i + e_{ijk}$			
	Produtividade (Kg/ha)		Rendimento de fibra (%)	
	GL	QM	GL	QM
Ano (A)	11	30.583.053**	6	274,30**
Experimento (E)	149	9.771.807**	82	89,80**
Genótipo	115	648.931**	72	33,80**
Rep (Exp/Ano)	828	...	581	...
Erro Médio	10.075	148.525	4.770	3,10
Total	11.178		5.511	

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 5. Resumo das análise de variância conjunta para o modelo matemáticos misto descrito, referentes aos experimentos regionais de algodão para os caracteres produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) e rendimento de fibra (%).

Fontes de Variação	Modelo = $Y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + ga_{ij} + r_{k(j)} + e_{ijk}$			
	Produtividade (Kg/ha)		Rendimento de fibra (%)	
	GL	QM	GL	QM
Genótipos (G)	115	648.931**	72	33,7**
Ambientes (A)	160	10.970.466**	88	85,1**
GxA	1.898	104.969 ^{ns}	647	1,7 ^{ns}
Rep/A	828	...	581	...
Erro Médio	8.177	158.635	4.123	3,3
Total	11.178		5.511	

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

ns: Não significativo.

Cabe mencionar a importância da definição do modelo matemático e seus efeitos (fixo ou aleatório) na análise de variância conjunta utilizada para as metodologias de estimação do progresso genético, fato que normalmente não é priorizado. A partir da definição do modelo matemático da análise de variância e definição dos efeitos das fontes de variação, foram estimadas as médias ajustadas (LSMEANS), a magnitude das variâncias e covariâncias das análises de regressão (obtidas através do quadrado médio do erro), assim como as respectivas interpretações. No modelo adotado pelo método BR, todos os efeitos são considerados fixos (anos, locais e genótipos), o que equivale a dizer que os resultados obtidos só podem ser associados àquele grupo de genótipos e locais. Já o modelo adotado no método FJ, prevê interação GxA e modelo misto, no qual os genótipos são de efeito fixo e o efeito de ambiente é aleatório, concluindo que os comportamentos dos genótipos (e progresso genético) serão os mesmos, independente dos locais e anos, já que se admite que estes representam uma boa amostragem dos diferentes ambientes possíveis.

4.3 Taxa de substituição de genótipos

A taxa de substituição de genótipos, de um ano para outro, mede a proporção de novos genótipos incluídos em cada ano nos experimentos. Esta taxa reflete de certo modo o dinamismo do programa.

Ao longo do período considerado (1998 a 2001), observou-se uma taxa média de substituição de genótipos entre cada par de anos de 55,92%, o que indica alto dinamismo do programa de melhoramento (Tabela 6). Isto também implica em uma taxa média de manutenção da ordem de 44,08%, o que possibilita uma boa estimativa da variação ambiental entre os anos de avaliação, uma vez que o efeito ambiental é função do contraste entre os genótipos comuns aos anos considerados. Assim sendo, quanto maior o número de tratamentos comuns a cada par de anos, melhor será a estimativa

do efeito ambiental. Aliás, essa condição é muito relevante na metodologia proposta por Vencovsky et al (VE) para estimar o ganho genético.

Tabela 6. Taxa de renovação em % (TAXA), para cada ano agrícola (A.A.), considerando o número de genótipos novos (NGN) e número total de genótipos (NT), dos 12 anos avaliados.

ANO	A. A.	N. G. N	N.T	TAXA
1	89/90	21	23	91,30
2	90/91	10	24	41,67
3	91/92	17	21	80,95
4	92/93	16	30	53,33
5	93/94	8	22	36,36
6	94/95	7	15	46,67
7	95/96	4	16	25,00
8	96/97	6	15	40,00
9	97/98	3	7	42,86
10	98/99	4	8	50,00
11	99/00	10	15	66,67
12	00/01	12	15	80,00
TOTAL		118	211	-
MÉDIA (%)		-	-	55,92

Na metodologia de Fonseca Júnior. (1997) as médias ajustadas dos genótipos, são computadas, para efeito de progresso genético, apenas no primeiro ano em que os genótipos são testados, pois nessa metodologia é assumida que a contribuição efetiva de cada genótipo se dá no primeiro ano em que é testado. Os demais genótipos, ou mesmo os genótipos novos em anos subseqüentes, são considerados genótipos comuns e participam da estimativa dos efeitos ambientais.

A taxa de substituição média foi de 55,92% (Tabela 6), indicando uma atividade média comparável a outros programas de melhoramento como arroz (44% obtido por Soares et al., 1994) e milho (61% estimado por Vencovsky et al., 1986).

4.4 Progresso genético pelo método de Vencovsky et al. (1986)

O ganho genético médio anual obtido para produtividade foi de 97,27 Kg/ha, o que corresponde a um ganho percentual de 5,20% ao ano. A partir da Figura 3, pode-se observar que o ganho genético anual foi de magnitude bastante variável, oscilando de -50,19 Kg/ha a 278,50 Kg/ha. Os ganhos genéticos negativos indicam que em determinados pares de anos houve retrocesso na substituição dos genótipos descartados. Embora isso não seja esperado, é possível ocorrer, uma vez que neste programa de melhoramento a seleção de genótipos não tem sido baseada somente na produtividade de algodão em caroço.

Apenas os ciclos dois (90/91 - 91/92) e três (91/92 a 92/93) apresentaram valores negativos de ganho. Nos demais ciclos testados foram estimados apenas valores positivos, obtendo-se o máximo de 278,50 Kg/ha no ciclo 10 (98/99 - 99/00). Como consequência do grande número de linhagens altamente produtivas avaliadas no último ano. Entretanto, na safra seguinte todas estas linhagens foram substituídas (Anexo A) por outras de menor produtividade, o que acarretou na redução do ganho genético no último ciclo avaliado. Vale ressaltar que durante este período foi dada grande ênfase à seleção para resistência a viroses e ramulose que provocaram perdas equivalentes nas lavouras comerciais (Embrapa, 2003), além de caracteres intrínsecos da fibra (micronaire, resistência, comprimento) de importância para a indústria. Com tantos caracteres a serem considerados, a maioria das linhagens testadas não apresentou um bom desempenho geral, sendo descartadas apesar da alta produtividade.

Figura 3 - Gráfico relativo ao ganho genético para produtividade (Kg/ha) através do método VE.

Apesar do ganho genético médio anual calculado a partir desta metodologia apresentar valor bastante elevado (5,20%), este valor não foi significativo pelo teste t (Tabela 8).

Para o caráter rendimento de fibra (%), o ganho genético médio anual obtido foi de $-0,05\%$, com magnitude de $-2,41\%$ a $1,18\%$. O valor médio obtido corresponde a um ganho percentual de $-0,13\%$ ao ano em relação à média inicial de $37,39\%$. O resultado negativo para esta estimativa, embora não esperado, pode ocorrer já que este caráter apresenta correlação negativa com resistência de fibra (Miller & Lee, 1964), que é um caráter de grande importância na seleção de genótipos para a indústria de fiação moderna.

Figura 4 - Gráfico relativo ao ganho genético para rendimento de fibra (%) através do método VE.

Analisando-se a Figura 4, pode ser observado que a média negativa da estimativa obtida foi grandemente influenciada pelos valores negativos dos ciclos sete (95/96 – 96/97) e, principalmente oito (96/97 – 97/98), que apresentaram resultados respectivamente de $-0,44\%$ e $-2,41\%$, refletindo um retrocesso na seleção para este caráter durante este período dando maior ênfase a outros caracteres.

O valor do ganho genético médio anual para o rendimento de fibra, calculado a partir desta metodologia, também apresentou valor não significativo pelo teste t (Tabela 9).

4.5 Progresso genético pelo método de Breseguello et al. (1998)

Como descrito anteriormente, este método é baseado em regressão linear, tendo sido obtida a equação e respectivas médias ponderadas descritas nos gráficos a seguir para os caracteres produtividade de algodão em (Kg/ha) e rendimento de fibra (%).

Para a produtividade, a cada ano do programa de melhoramento, o rendimento médio dos genótipos avaliados obteve um ganho genético médio anual de 77,04 Kg/ha, correspondendo a 3,93%, em relação à média do primeiro ano (Tabela 8).

O coeficiente de determinação (R^2) foi de 0,96. Este coeficiente é um indicador que varia de zero a um e revela a proximidade dos valores estimados da linha de tendência em correspondência com os dados verdadeiros. Uma linha de tendência é mais confiável quando o valor de R^2 é igual ou próximo a um. Além do alto valor de R^2 , a estimativa de ganho obtida revelou-se significativa considerando que a mesma foi duas vezes superior ao valor do respectivo erro padrão (Tabela 8) (El-Rouby et al., 1973).

Figura 5 - Progresso genético para produtividade (Kg/ha) pelo método BR.

Para rendimento de fibra, o progresso genético médio através desta metodologia foi de 0,71%, correspondendo a um progresso genético médio percentual de 2,11% ao ano em relação à média corrigida do primeiro ano que foi de 37,90% de rendimento de fibra.

Como pode ser observado no gráfico a seguir, os dados referentes ao período de 90/91 a 94/95 não foram disponibilizados para este caráter o que influenciou a precisão das médias estimadas, reduzindo a magnitude do coeficiente de correlação, que, entretanto, apresentou resultado significativo.

Figura 6 - Progresso genético para rendimento de fibra (%) pelo método BR.

4.6 Progresso genético pelo método de Fonseca Júnior. (1997)

Esta metodologia foi baseada nas médias ajustadas dos genótipos novos. As médias para produtividade observada e predita dos genótipos novos estão demonstradas no gráfico a seguir, no qual também se observa a equação de predição das médias e o alto valor de $R^2=0,90$.

Figura 7 - Progresso genético para produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) segundo a equação gerada pelo método FJ.

O progresso genético anual médio estimado para produtividade foi de 86,93 Kg/ha, correspondente a 3,69% do valor da estimativa do coeficiente angular (b) da equação de regressão linear, relativa ao ganho genético em função dos anos.

Para rendimento de fibra (%), o progresso genético médio foi de 0,35%, correspondente a 0,96% da média de referência que foi de 36,39% (Figura 8 e Tabela 8).

Figura 8 - Progresso genético para rendimento de fibra de algodão (%) segundo a equação gerada pelo método FJ.

Considerando o progresso genético em produtividade de algodão, era esperado um progresso genético de magnitude similar para rendimento de fibra (%), uma vez que estes caracteres apresentam correlação positiva e altamente significativa (Miller & Rawlings, 1963; Meredith Jr. & Bridge, 1972; Fotiadis & Miller, 1973; Scholl & Miller, 1976). Entretanto, vale ressaltar que, a falta dos dados referentes ao período de 90/91 a 94/95 (2 a 6) influenciou a precisão da estimativa do progresso genético e a magnitude do coeficiente de determinação (0,67).

Esta metodologia baseia-se nos genótipos novos dispensando a obrigatoriedade do uso de testemunhas comuns em todos os experimentos e em todo o período estudado. A partir da equação de regressão das médias ajustadas dos genótipos novos obtém-se a estimativa de ganho genético médio

anual, dada pelo coeficiente angular da regressão (b), visto que o ajuste dado pelo modelo misto e a estimação dos efeitos genotípicos pelo procedimento “BLUE” (Best Linear Unbiased Estimator) implica em estimativas com menor influência do ambiente, da interação genótipos por ambientes e do erro experimental (Fonseca Júnior., 1997).

O valor obtido pelo “BLUE” corresponde basicamente ao efeito de cada genótipo estimado pelas médias ajustadas menos a média geral ajustada.

Na Tabela 7, estão demonstrados os valores de BLUE para os genótipos que tiveram maior contribuição para o progresso genético em cada ano considerando aqueles que apresentaram valores acima da média geral ajustada (LSMEANS) para produtividade (2763,40 Kg/ha) e rendimento (40,73%). Vale ressaltar entretanto, que houve um efeito de ano, ou seja, nos melhores anos agrícolas, surgiram genótipos superiores. Pode ser observado que os genótipos com maior contribuição em produtividade de algodão em caroço foram aqueles presentes nos últimos anos de experimentação, destacando-se FMTB 99-03, FMTB 99-02 (00/01), MT 96-283 (99/00), FMTB 99-06, FMTB 99-07 (00/01), com contribuições superiores a 800 Kg/ha.

Para rendimento de fibra, os genótipos FMT 97-1067 (00/01), CD 401 (96/97) e FMTB 99/02 (00/01) apresentaram maior contribuição (superior a 3%) ao progresso genético.

Dentro de cada ano, destacaram-se alguns genótipos desenvolvidos pelo programa da Embrapa que se tornaram posteriormente cultivares como: linhagem CNPA 86-387 (90/91), lançada posteriormente como cultivar ITA 91; ITA 90 (92/93), cultivar que ocupa a maior área plantada até hoje no Estado e apresenta também contribuição para o progresso genético de rendimento de fibra (95/96); linhagem ITA 91/18 (94/95), lançada como cultivar ITA 96; linhagem ITA 92-663 (95/96), lançada como cultivar ITA 97; linhagem CNPA 94-294 (97/98), lançada como cultivar BRS FACUAL; linhagem CNPA 94-727 (97/98), lançada como cultivar BRS ANTARES; linhagem ITA 95-122 (98/99),

lançada como cultivar BRS SATURNO; linhagem ITA 96-1202 (99/00), lançada como cultivar BRS AROEIRA; linhagem ITA 96-268 (99/00), lançada como cultivar BRS ITAÚBA e linhagem BRS 97-1067 (00/01), lançada como cultivar BRS CEDRO.

Além das linhagens desenvolvidas pela Embrapa para o cerrado, outros genótipos também apresentaram contribuição para o progresso genético como: CNPA Giorgi II e CNPA 6H (88/89), CNPA 7H (92/93) - cultivares desenvolvidas para o Nordeste e introduzidas na primeira fase do programa de melhoramento para os cerrados. Posteriormente, cultivares introduzidas de outros países e cultivares oriundas de outros programas desenvolvidos no Brasil, também vieram a apresentar contribuição ao progresso genético: EPAMIG 4 (90/91); DP 51 (91/92); CS 50, CS 189, SICALA 34, SICALA VI e CS 75 (92/93); IAC 22 (95/96); linhagem IAC 20-312, lançada pelo IAC como cultivar IAC 20 RR, COODETEC ou CD 401 (96/97) e Delta Opal (99/00).

Outras cultivares desenvolvidas pela Embrapa no período para as condições de cerrado (Anexo B) não aparecem entre os genótipos que contribuíram para o progresso genético para produtividade de caroço e rendimento de fibra. Entretanto, vale ressaltar que outros caracteres intrínsecos e extrínsecos relativamente a fibras e resistência a um grande complexo de doenças, também foram considerados para lançamento de cultivares.

Entretanto, pode-se considerar que o programa vem alcançando bons resultados, já que em 12 anos de pesquisa lançou dez cultivares com contribuição genética para produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) e três delas apresentaram também contribuição para rendimento de fibra (ITA 90, BRS SATURNO (ITA 95-122 – 98/99) e BRS CEDRO (BRS 97-1067 - 00/01)).

Tabela 7. Genótipos que tiveram maior contribuição no progresso genético (BLUES) e suas respectivas médias ajustadas por ano.

Ano	Genótipo	Produtividade (Kg/ha)		Rendimento de fibra (%)		
		BLUE	Média	Genótipo	BLUE	Média
89/90						
	CNPA 6H	77,	2840,			
	CNPA Giorgi II	116,3	2879,			
	CNPA SRI2	383,6	3147,			
90/91						
	CNPA 86-387	3	2766,			
	IAC 20-632	73,	2836,			
	EPAMIG 4	96,	2860,			
91/92						
	DP 51	18,	2781,			
92/93						
	CS 75	20,	2784,			
	SICALA VI	28,	2792,			
	SICALA 34	118,4	2881,			
	CS 189	161,3	2925,			
	ITA 90	209,6	2973,			
	CS 50	231,4	2994,			
	CNPA 7H	252,1	3015,			
93/94						
	DP 51-RV1	131,1	2895,			
	ITA 90-01-RV1	219,1	2983,			
94/95						
	DP 51-RV2	48,	2812,			
	ITA 91-322	210,1	2973,			
	ITA 90-RV1	248,3	3012,			
	ITA 91-132	378,7	3142,			
	CNPA SRI5M	399,6	3163,			
	ITA 91-18	413,7	3176,			
95/96						
	IAC 22	266,6	3029,	CS 189	0	40,78
	ITA 92-255	338,4	3101,	ITA 90	1	41,95
	ITA 92-63	520,3	3283,			
	ITA 92-663	533,1	3296,			
96/97						
	ITA 93-459	103,5	2866,3	ITA 93-459	0,	40,75

Tabela 7. Genótipos que tiveram maior contribuição no progresso genético (BLUES) e suas respectivas médias ajustadas por ano.

ANO	Genótipo	BLUE	Média	Genótipo	BLUE	Média
96/97						
	CD 401	158,2	2921,6	CD 401	3,7	44,57
	ITA 93-23	219,8	2983,2			
	ITA 93-16	294,9	3058,3			
	ITA 90-RV2	398,8	3162,0			
	IAC 20-312	477,8	3241,2			
97/98						
	CNPA 94-238	145,2	2908,6			
	BRS 94-727	272,6	3036,0			
	CNPA 94-294	469,8	3233,3			
98/99						
	ITA 94-773	355,9	3119,3	ITA 95-122	0,6	40,86
	ITA 95-743	428,8	3191,9			
	ITA 94-151	432,2	3195,8			
	ITA 95-122	460,2	3223,7			
99/00						
	MT 96-227	17,9	2781,1	MT 96-227	1,8	42,76
	DP OPAL	312,1	3075,6	DP OPAL	1,6	42,47
	MT 96-148	376,4	3139,8	MT 96-283	1,8	42,36
	CNPA 95-124	412,7	3176,1			
	CNPA 94-151	433,9	3197,3			
	MT 96-268	448,9	3212,3			
	MT 96-212	493,7	3257,1			
	MT 96-1202	720,4	3483,8			
	MT 96-283	854,8	3618,3			
00/01						
	FMT 97-1067	353,8	3116,9	FMT 97-1075	0,6	40,76
	FMT 97-1075	364,9	3128,3	FMT 97-650	0,8	41,26
	FMTB99-05	407,6	3171,1	FMT 97-2391	0,6	41,37
	FMT 97-650	437,4	3200,8	FMTB 99-05	0,7	41,46
	FMT-97-2391	446,9	3210,3	FMTB 99-04	0,8	41,66
	FMT-97-2729	634,9	3398,3	FMTB 99-06	1,8	42,26
	FMTB99-04	708,0	3471,5	FMTB 99-01	1,8	42,56
	FMTB99-01	796,8	3560,2	FMTB 99-02	2,2	43,07
	FMTB99-07	806,4	3569,8	FMT 97-1067	4,8	45,77
	FMTB99-06	853,7	3617,2			
	FMTB99-02	968,7	3731,5			
	FMTB99-03	1075,6	3839,0			

4.7 Comparações entre os métodos de estimação de progresso genético

Nas Tabelas 8 e 9 estão dispostas as estimativas de ganho genético médio para produtividade (Kg) e rendimento de fibra (%) respectivamente, referente às três metodologias utilizadas para estimação do progresso genético. Conforme pode ser observado, somente o método VE não obteve estimativas significativas pelo teste t para o ganho genético dos dois caracteres. Em relação às outras duas metodologias testadas, o método FJ apresentou a maior magnitude de ganho em Kg/ha, enquanto o método BR apresentou a menor estimativa. Para rendimento de fibra (%) ocorreu o contrário, ou seja, o método BR apresentou maior magnitude de ganho e o método FJ menor.

Com relação às estimativas de ganho genético expressas em porcentagem, cabem algumas explicações quanto à obtenção da média de referência utilizada para o cálculo das respectivas estimativas; o método VE utilizou a média dos tratamentos no primeiro ano de experimentação; o método BR utilizou a média ajustada dos tratamentos no primeiro ano de experimentação, enquanto o método FJ utilizou o valor do intercepto, isto é, o coeficiente linear (a) da equação de regressão linear. Deste modo, a comparação das três metodologias, expressa em porcentagem, deve ser feita com cautela, pois a média de referência não foi a mesma.

Considerando esta particularidade cabe uma análise mais detalhada de cada valor obtido. Com relação à média de referência, o método VE foi muito dependente do efeito do primeiro ano de experimentação. No método BR, a média de referência apresenta semelhança com o método VE, porém com correção das médias, excluindo-se o efeito do ano, tratando-se de um valor mais apropriado que o anterior. Já, a média de referência do método FJ foi gerada através da equação originada pelos dados corrigidos, o que hipoteticamente é o valor predito pela equação de regressão linear de genótipos novos no ano zero.

Tabela 8. Estimativas dos ganhos genéticos anuais médios, para produtividade em Kg/ha, e respectivos detalhamentos obtidos pelos métodos de Vencovsky (VE), Breseguello et al. (BR) e regressão com médias ajustadas (FJ), referentes aos experimentos regionais de algodão, no período de 1988 a 2001, no estado de Mato Grosso.

Itens	VE	BR	FJ
Ganho (Kg/ha)	97,27 ^{ns}	77,04 ^{**}	86,93 ^{**}
Ganho (%)	5,20 ^{ns}	3,93 ^{**}	3,69 ^{**}
Erro Padrão (kg/ha) ³	78.11	2,89	9,17
Erro Padrão (%)	4.18	0.15	0.39
Média de Referência (kg/ha)	1.870,18	1.958,71	2.355,82
Número de Genótipos	116	116	116
Número de Experimentos	161	161	161
Número de Anos	12	12	12
R ²	-	0,96	0,90
QM Erro Conjunto	-	148.525	158.635
GL Erro Cojunto	-	10.075	8.177
QM Regressão	-	1.020.176	1.080.611
QM Desvio da Regressão	-	5.723	12.036
GL Desvio da Regressão	-	10	10
Teste F do Desvio da Regressão		0.039 NS	0.076 NS

^{**}: Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

ns: Não significativo a 1 e 5% pelo teste t.

Tabela 9. Estimativas dos ganhos genéticos anuais médios, para rendimento de fibra (%), e respectivos detalhamentos obtidos pelos métodos de Vencovsky (VE), Breseguello (BR) e Fonseca Júnior (FJ), referentes aos experimentos regionais de algodão, no período de 1988 a 2001, no estado de Mato Grosso.

Itens	VE	BR	FJ
Ganho (rendimento fibra -%)	-0,05 ^{ns}	0,71*	0,35*
Ganho (%)	-0,13	2,11	0,96
Erro Padrão	1,46	0,03	0,11
Erro Padrão (%)	3,90	0,09	0,30
Média de Referência	37,39	33,70	36,39
Número de Genótipos	73	73	73
Número de Experimentos	89	89	89
Número de Anos	7	7	7
R ²		0,63	0,67
QM Erro Conjunto		3,1	3,3
GL Erro Cojunto		4.770	4.123
QM Regressão	-	22,82	9,50
QM Desvio da Regressão	-	3,54	0,93
GL Desvio da Regressão	-	5	5
Teste F do Desvio da Regressão		1,143 NS	0,283 NS

^{ns}: Não significativo pelo teste t a 1% e 5% de probabilidade pelo teste t.

*: Significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

O método VE foi o primeiro a utilizar dados dos experimentos regionais nos estudos de ganho genético. Este método tem por propriedade basear-se em genótipos comuns entre anos consecutivos, com a finalidade de cancelar o efeito do ano. Pressupõe que a interação desses tratamentos comuns com os anos representa as interações dos demais genótipos não comuns. Quanto menor for o número de genótipos comuns, mais frágil se torna a correção do efeito do ano por esta metodologia. Por outro lado, se não houver renovação de genótipos e os mesmos tratamentos forem testados por anos seguidos, no

período não haverá progresso genético. Esta condição não é exclusiva do método VE, pois se aplica aos três métodos estudados.

Outra propriedade do método VE, que deve ser analisada, é a natureza do contraste que envolve as médias dos tratamentos e dos genótipos comuns em anos consecutivos. Nesta metodologia, há o cancelamento das médias dos tratamentos dos anos intermediários no cálculo do ganho genético total, que por sua vez originará o ganho médio, restando apenas para comparação o primeiro e o último ano das médias dos tratamentos, mas sendo mantidos todos os desvios ambientais. Por esta razão, o método VE necessita ser ponderado (Fernandes, 1988). Outras metodologias foram desenvolvidas a partir do método VE como as metodologias de Fernandes (1988) e Moraes & Abudd (1993), que prevêm a ponderação das médias.

Comparando-se as três metodologias de estimação de ganho genético utilizadas neste trabalho (VE, BR e FJ), pode-se afirmar que todas produziram estimativas positivas de ganho genético médio para produtividade, porém nem todas as estimativas foram significativas. Já para rendimento de fibra, o método VE obteve estimativa negativa e não significativa.

A metodologia que utilizou contrastes entre médias de tratamentos entre anos consecutivos (VE), apresentou a maior estimativa de ganho genético médio anual de produtividade (97,27 Kg/ha) e a menor estimativa para rendimento de fibra (-0,05%). Estes valores extremos provavelmente são resultantes do tipo de contraste estabelecido por esta metodologia, que se baseia em genótipos que são comuns de um ano para outro, nas demais metodologias são considerados os genótipos não comuns ou novos a cada ano para estimativa do progresso genético. Além disto, como já citado anteriormente, as estimativas obtidas nos anos extremos (primeiro e último), tem grande influência na obtenção do progresso genético médio, uma vez que as médias intermediárias se anulam. Deste modo, quanto maior a diferença entre estes valores, maior será a estimativa média obtida. Aliás, uma das

diferenças entre este método e os de regressão está justamente nos ganhos observados nos anos extremos, que são integralmente detectados pelo método VE e apenas parcialmente pela estimativa de regressão que avalia o ganho médio. Portanto, espera-se que quando os ganhos genéticos nos anos extremos não apresentam diferenças muito discrepantes dos ganhos, nos anos intermediários, os três métodos (VE, BR e FJ) podem conduzir a resultados muito próximos.

A eficiência dos métodos baseados em regressão de mínimos quadrados depende do ajustamento das médias à reta de regressão. Deste modo, o coeficiente de determinação (R^2) será o parâmetro pelo qual se aceitará ou não o método da regressão para estimar o avanço genético. Se R^2 for estatisticamente significativo, o método da regressão linear será, com certeza, eficiente para determinar o ganho genético.

Em termos de precisão, as metodologias de regressão (BR e FJ) produziram estimativas mais precisas em relação ao método VE, sendo significativa em todos os casos (Tabelas 8 e 9). Em relação às metodologias de regressão, BR e FJ, constatou-se a sua grande vantagem de evidenciar a tendência geral dos ganhos genéticos no decorrer do tempo, o que pôde ser comprovado mediante a reta de regressão linear (Figuras 5 a 8). Além disto, verificou-se que o efeito linear fornece a melhor interpretação para os dados obtidos, pois o teste F para o desvio da regressão linear foi não significativo (Tabelas 8 e 9).

Os métodos de regressão utilizados diferem ainda do método VE, pela utilização dos quadrados médios mínimos das médias ou médias ajustadas (LSMEANS), que pode ser definido como uma combinação linear (soma) dos efeitos estimados (médias), de um modelo linear. Nos casos em que não há dados perdidos, o resultado da média e da LSMEANS são idênticos. Quando os dados são desbalanceados, elas serão diferentes. Neste caso o uso da

LSMEANS é preferido uma vez que refletem o modelo adotado para definição dos dados.

O método BR é uma melhoria do método de Moraes & Abbud (1993), pela qual as médias dos genótipos foram ajustadas via LSMEANS, tornando a estimativa mais livre dos efeitos não genéticos e pela ponderação usada, torna a estimativa do ganho genético mais precisa (como de fato pode ser observado na tabela 8). Além disto, dispensa a exigência de genótipos comuns a cada dois a três anos consecutivos como acontece com o método VE.

O método FJ difere basicamente dos métodos VE e BR, pois leva em conta diferentes classes de genótipos, ou seja, só considera as LSMEANS dos genótipos novos e não todos os tratamentos, independentemente de serem testemunhas ou comuns ao ano anterior. Esta metodologia considera genótipos novos todo aquele que aparece pela primeira vez no experimento em determinado ano. Outra diferença já apontada na discussão das análises de variâncias conjunta, é a definição do modelo, sendo que o método FJ considera interação GxA e o método BR não. Uma outra diferença entre os métodos FJ e BR, refere-se à ponderação das médias. No método BR as LSMEANS são ponderadas para obter a regressão da estimativa do ganho, permitindo estimativas mais precisas. Já o método FJ não pondera as LSMEANS para efetuar a regressão; porém, o procedimento MIXED utilizado neste caso, pondera as médias originais antes da obtenção das LSMEANS. Com relação aos procedimentos, o método BR utiliza o PROC GLM e o método FJ o PROC MIXED.

A diferença básica entre os dois procedimentos reside no fato de que no PROC GLM, os efeitos especificados são tratados como fixos tanto quanto o modelo permitir, e servem somente para produzir os correspondentes quadrados médios esperados pela ANOVA tradicional. O PROC MIXED computa estimativas REML (Restricted Maximum Likelihood) da variância dos

parâmetros, os quais geralmente fornecem estimativas mais precisas do que a ANOVA (Searle 1988; Harville 1988; Searle et al., 1992).

Em termos práticos, o PROC GLM não consegue estimar as LSMEANS em modelos com interação GxA, a partir apenas das médias (como na análise efetuada neste trabalho). Neste caso, utilizando-se modelo sem interação em ambos – PROC GLM e PROC MIXED – as LSMEANS estimadas são muito próximas. Pode-se concluir que a definição da metodologia, ou do sucesso da estimação, reside principalmente na definição do modelo matemático a ser adotado e depois no procedimento estatístico.

A metodologia BR produziu a menor estimativa de ganho genético médio anual para produtividade, sendo 77,04 Kg/ha com coeficiente de determinação significativo de 0,96 (Tabela 8). A metodologia FJ também apresentou elevado coeficiente de determinação para produtividade (0,90), sendo o progresso genético médio estimado de 86,93 Kg/ha.

Para rendimento de fibra (%), o método FJ apresentou estimativas intermediárias para ganho genético médio anual de 0,35% e coeficiente de determinação de 0,67. Já a metodologia BR apresentou maiores valores para progresso genético anual (0,71%) para este caráter, porém, com menor coeficiente de determinação (0,63). Vale ressaltar que todos os métodos utilizados para este caráter (VE, BR e FJ) apresentaram problemas na estimação do progresso genético para rendimento de fibra, uma vez que nenhum deles prevê procedimentos para estimar o progresso genético a partir de dados descontínuos como foi o caso deste caráter.

Ainda comparando os métodos baseados em regressão linear (BR e FJ), pode-se dizer que o método BR produz estimativas mais precisas (menor erro padrão e maior valor de R^2).

De maneira geral, embora o método VE tenha apresentado resultados não significativos, este resultado quando analisado pelo ponto de vista de

adoção das cultivares, refletiu melhor as condições prevalecentes no campo, ou seja, periodicamente foi recomendado um certo número de cultivares de algodão, porém somente uma parte dos agricultores, adotou as novas cultivares. Realmente, uma parcela considerável dos agricultores optou por continuar com as cultivares já utilizadas em anos anteriores. Esse é um fato facilmente constatado, porque apesar do grande número de cultivares de algodoeiro lançadas para as condições de Mato Grosso, a cultivar ITA 90, após 12 anos de seu lançamento, continua ocupando 80% da área plantada no estado (Embrapa, 2003). De acordo com os produtores a opção pela cultivar baseia-se na sua alta produtividade aliada a um elevado rendimento de fibra e caracteres de fibra exigidos pela indústria têxtil. Apesar desta cultivar requerer um manejo rigoroso de pragas e doenças, o que torna o custo de produção mais oneroso, a garantia da qualidade do produto colhido, e conseqüente, a boa aceitação do mercado, tem sido fator decisivo na contínua adoção da cultivar.

Por outro lado, os outros métodos utilizados (BR e FJ) representam mais propriamente o resultado do esforço do trabalho do melhorista na busca de genótipos mais produtivos e adaptados, refletindo o quanto as novas cultivares são, em média, superiores às que foram substituídas nos experimentos, sem considerar o aspecto da comercialização (Arias & Ramalho, 1998). Por esta razão, torna-se mais recomendável estimar o progresso genético através de mais de uma metodologia para se obter uma amplitude mais realista do ganho que provavelmente ocorreu.

5 CONCLUSÕES

- a) As três metodologias inferiram estimativas positivas de progresso genético para a produtividade de algodão em caroço; porém apenas os métodos de Breseguello et al. (1998) (BR, 3,9%) e Fonseca Júnior. (1997) (FJ, 3,7%) forneceram estimativas significativas sendo por esta razão consideradas mais eficientes.
- b) Para rendimento de apenas as metodologias baseadas em regressão (BR e FJ) obtiveram estimativas positivas e significativas (respectivamente, 2,11% e 0,96%). O método VE obteve resultados negativos e não significativos.
- c) Dois genótipos novos apresentaram as maiores contribuições ao progresso genético para produtividade de algodão em caroço (linhagem experimental FMTB 99-03) e rendimento de fibra (cultivar BRS Cedro).
- d) As metodologias baseadas em regressão de médias ajustadas (BR e FJ) obtiveram estimativas mais precisas e indicaram uma grande eficiência do programa de melhoramento na obtenção de novas variedades. Entretanto, a metodologia VE apresentou resultados que refletem melhor a realidade de adoção pelos agricultores das variedades lançadas.

ANEXOS

ANEXO A - Médias de produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) para genótipos e anos agrícolas.

Genótipo	89/90	90/91	91/92	92/93	93/94	94/95	95/96	96/97	97/98	98/99	99/00	00/01	Média
AC-1517	1734												1734
AC-90		1258	1256	1327									1294
AC-B	1903												1903
AC-D-CERRO	1647												1647
AC-RC	2223												2223
AC-SJ-2	1977	645											1178
AC-SMI-30	2539	278											1182
BRS-94-727									2950	3111	4978		3770
CNPA-6H	2569	670											1430
CNPA-7H				1531	2248	1792	2278	2396					2182
CNPA-86-387		688	1570	1521									1456
CNPA-87-44	1340												1340
CNPA-87-62P					2024								2024
CNPA-94-151											5011		5011
CNPA-94-238									2753				2753
CNPA-94-294									3058	3287	5407		3683
CNPA-94-294											3145		3145
CNPA-95-124											5352		5352
CNPA-AC-1	1955	616	924	1018									1007
CNPA-GI		576											576
CNPA-GII	2588	704											1458
CNPA-I-89-3B	1888	674											1159
CNPA-PREC-1	2513	675	1401	1389	1817								1511
CNPA-PREC-2				1382	1574								1478
CNPA-SRI2	2720												2720
CNPA-SRI3			1208	1459	2152								1618
CNPA-SRI5					1988								1988
CNPA-SRI5M						1723	2383						2097
CO-401								2209					2209
CS-189				1821	2295	1718	1944						1950
CS-50				2004	2313	1625	2088						2008
CS-75				1628	2147	1806	1728	2035					1933
DP-120				1209									1209
DP-1850				992									992
DP-400				1289									1289
DP-41			1283										1283
DP-51			1368	1664									1543
DP-51-RV1					2166								2166
DP-51-RV2						1699	1851						1759
DP-5690			1328										1328
DP-DES-119			1108										1108
DP-OPAL											4860	4137	4806
EDEN-SM1	1412												1412
EPG-3		699											699
EPG-4		858	1696	1640	2072								1722

ANEXO A - Médias de produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) para genótipos e anos agrícolas.

Genótipo	89/90	90/91	91/92	92/93	93/94	94/95	95/96	96/97	97/98	98/99	99/00	00/01	Média
FMT-95-743											5109		5109
FMT-97-1067												4080	4080
FMT-97-1075												4066	4066
FMT-97-2391												3997	3997
FMT-97-2729												4115	4115
FMT-97-650												4154	4154
FMTBULK99-01												4336	4336
FMTBULK99-02												4617	4617
FMTBULK99-03												4571	4571
FMTBULK99-04												4419	4419
FMTBULK99-05												4111	4111
FMTBULK99-06												4346	4346
FMTBULK99-07												4299	4299
GIZA-70	1059	662											821
H-10	1944	837											1280
H-182	761												761
HIPER-546			1419	1515									1476
HIPER-546-RV1					2018								2018
IAC 20-632		789	1552										1388
IAC-19-521		655											655
IAC-20	2628	772	1711	1584	1923	1645	2200						1805
IAC-20-312								2638	3009				2890
IAC-22							2028	2511	2886				2693
IAC-87-544		598											598
IAPAR-425-85		516											516
ITA-89-193			1297	1587									1469
ITA-89-32			1070	1643									1410
ITA-89-458			1349	1455									1411
ITA-89-66			642	1436									1131
ITA-90				1625	2256	1861	1897	2396	2720	3032	5102	3365	3491
ITA-90-01			1075										1075
ITA-90-01-RV1					2254								2254
ITA-90-02B		502											502
ITA-90-42-RV1					1904								1904
ITA-90-81-RV1					1998								1998
ITA-90-RV1						1743							1743
ITA-90-RV2								2476					2476
ITA-91												3353	3353
ITA-91-132						1748	2283	2631					2411
ITA-91-18						1791	2470	2578	2984	3175	3450		3014
ITA-91-322						1536	2309	2315					2185
ITA-92				1085								5256	1606
ITA-92-255							2357	2413					2399
ITA-92-335						1536							1536

ANEXO A - Médias de produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) para genótipos e anos agrícolas.

Genótipo	89/90	90/91	91/92	92/93	93/94	94/95	95/96	96/97	97/98	98/99	99/00	00/01	Média
ITA-92-63							2408						2408
ITA-92-663							2521	2632					2603
ITA-93												5571	5571
ITA-93-16								2417					2417
ITA-93-23								2337					2337
ITA-93-459								2176					2176
ITA-94												3155	3155
ITA-94-151										3222			3222
ITA-94-773										3151			3151
ITA-95												2985	2985
ITA-95-122										3276	5107	4075	3857
ITA-95-743										3220			3220
ITA-96												5108	5108
ITA-97												2823	2823
ITA-98												2657	2657
MT-96-1202												5337	5337
MT-96-148												5000	5000
MT-96-212												5433	5433
MT-96-227												4605	4605
MT-96-268												5058	5058
MT-96-283												5801	5801
PAN-575	2271	482											1197
PAY-HS-26			1274										1274
PIMA-S4	1331												1331
PIMA-S5	1307	412											770
PIMA-S6	1413	283											735
SEA-542	1291	617	845	1243									997
SIC-34				1799	2309	1560	1901						1894
SIC-VI				1681	2041	1547							1759
SIOK-1-4				1246									1246
SIOK-L-22				1382	1836								1654
SOK-S-324				1316	1560								1463
ST-825N			1011										1011
ST-907				1045									1045
ST-907-RV1					2034								2034
Média	1870	644	1264	1469	2042	1689	2165	2411	2908	3185	5085	4178	3247

ANEXO B - Cultivares desenvolvidas pela Embrapa Algodão e ano de liberação no mercado.

Algodão Arbóreo		Algodão Herbáceo Nordeste		Algodão Herbáceo Centro-Oeste	
Cultivar	Ano	Cultivar	Ano	Cultivar	Ano
CNPA 2M	1984	BR 1	1978	CNPA ITA 90	1990
CNPA 3M	1986	CNPA 2H	1983	CNPA ITA 92	1992
CNPA 4M	1989	PRECOCE 1	1984	CNPA ITA 96	1997
CNPA 5M	1991	CNPA 3H	1986	CNPA ITA 97	1998
ALGODÃO 6M	1997	ACALA 1	1986	BRS ANTARES	1999
ALGODÃO 7MH	1997	CNPA 6H	1998	BRS FACUAL	1999
BRS 200	2000	CNPA GIORGI	1990	BRS AROEIRA	2001
		CNPA 7H	1993	BRS IPÊ	2001
		PRECOCE 2	1994	BRS SUCUPIRA	2001
		PRECOCE 3	1999	BRS ITAÚBA	2001
		CNPA 8H	1999	BRS CEDRO	2002
		BRS 201	2000		

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; MARTINS, L.A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Parnaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.1, p.105-112, 1994.
- ALLEN, F.L.; COMSTOCK, R.E.; RASMUSSEN, D.C. Optimal environments for yield testing. **Crop Science**, v.18, p.747-751, 1978.
- ARIAS, E.R.A.; RAMALHO, M.A.P. Progresso genético em milho no Estado de Mato Grosso do Sul, no período de 1986/87 a 1993/94. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, n.9, p.1549-1554, 1998.
- ARIAS, E.R.A. Adaptabilidade e estabilidade das cultivares de milho avaliadas no Estado de Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 e 1993/94. Lavras, 1996. 118p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras.
- ASSOCIAÇÃO MATO-GROSSENSE DE PRODUTORES DE ALGODÃO. AMPA. **Estatísticas**. http://www.mtcotton.org.br/estatisticas/estatisticas_1.asp (20 jan. 2003)
- ATROCH, A.L.; NUNES, G.H.S. Progresso genético em arroz de várzea úmida no Estado do Amapá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.4, p.767-771, 2000.

- AUSTIN, R.B.; BINGHAM, J.; BLACKWELL, R.D.; EVANS, L.T.; FORD, M.A.; MORGAN, C.L.; TAYLOR, M. Genetic improvements in winter wheat yields since 1900 and associated to physiological changes. **Journal of Agricultural Sciences**, v.94, p.675-689, 1980.
- BARBOSA NETO, J.F.; MATIELLO, R.R.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, J.M.S.; PEGORADO, D.G.; SCHNEIDER, F.; SORDI, M.E.B.; VACARO, E. Progresso genético no melhoramento da aveia-branca no Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.8, p.1605-1612, 2000.
- BASSET, D.M.; HYER, A.H. Acala cotton in California: 60 years of varietal improvement. In: BELTWIDE COTTON PRODUCTION RESEARCH CONFERENCES, New Orleans, 1985. **Proceedings**. Memphis: Cotton Council of America, 1985. p.76.
- BOWMAN, D.T. Common use of the CV: a statistical aberration in crop performance trials. **The Journal of Cotton Science**, v.5, p.137-141, 2001.
- BOWMAN, D.T. Public cotton breeders: do we need them ? **The Journal of Cotton Science**, v.3, n.139-152, 1999.
- BOWMAN, D.T.; RAWLINGS, J.O. Establishing a rejection procedure for crop performance data. **Agronomy Journal**, v.87, p.147-151, 1995.
- BRESEGHELLO, F. Ganhos para produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. Goiânia, 1995. 93p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Goiás.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P.; RANGEL, P.H.N. A new method to estimate genetic gain in annual crops. **Genetics and Molecular Biology**, v.21, n.4, p.551-555, 1998.

BRIDGE, R.R.; MEREDITH, W.R.Jr. Comparative performance of obsolete and current cotton cultivares II. **Crop Science**, v.23, p.949-952, 1983.

BRIDGE, R.R.; MEREDITH, W.R.Jr.; CHISM, J.F. Comparative performance of obsolete varieties and current varieties of upland cotton. **Crop Science**, v.11, p.29-32, 1971.

CARVALHO, L.P.; BARBOSA, M.H.P.; COSTA, J.N. da; FARIAS, F.J.C.F.; SANTANA, J.C.F. de; ANDRADE, F.P. de. Progreso genético do algodoeiro herbáceo no Nordeste. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.3, p.283-291, 1997.

CASLER, M.D.; FALES, S.L.; McELROY, A.R.; HALL, M.H.; HOFFMAN, L.D.; LEATH, K.T. Genetic progress from 40 years of orchardgrass breeding in North America measured under hay management. **Crop Science**, v.40, p.1019-1025, 2000.

CAVALERI, P.A.; GRIDI-PAPP, I.L. Algodão. In: FURLANI, A.M.C.; VIÉGAS, G.P. **O melhoramento de plantas no Instituto Agrônômico**. Campinas: IAC, 1993. 542p.

CIA, E; FREIRE, E.C.; SANTOS, W.J. **Cultura do algodoeiro**. Piracicaba: Potafós, 1999. 286p.

COCHRAN, W.G.; COX, G.M. **Experimental designs**. New York: John Wiley & Sons, 1957. 479p.

CONSTABLE, G.A.; REID, P.E.; THOMSON, N.J. Approaches utilized in breeding and development of cotton cultivars in Australia. In: JENKIS, J.N.; SAHA, S. **Genetic Improvement of cotton: emerging technologies**. Plymouth: Science Publishers Inc., 2001. 344p.

- CÓRDOVA, H.S.; BARRETO, H.J.; CROSSA, J. Hybrid development in Central America: reliability of yield gains against a regional check. **Maydica**, v.41, n.4, p.349-353, 1996.
- COSTA, J.G. da; CRUZ, C.D.; SCAPIM, C.A.; BRACCINI, A. de L. Progreso genético e efeito ambiental na cultura do milho no Estado do Acre. **Revista Ceres**, v.46, n.267, p.513-522, 1999.
- CULP, T.W. Public breeding in the Southeast. In: BELTWIDE COTTON CONFERENCE, San Diego, 1998. **Proceedings**. Memphis: Cotton Council of America, 1998. p.493-519.
- CULP, T.W.; GREEN, C.C. Comparative performance of obsolete and current cultivars and PD germplasm lines of cotton with extra fiber strength. **Crop Science**, v.32, p.35-41, 1992.
- EL-ROUBY, M.M.; MORAYEN, Y.S.; NAWAR, A.A. Estimation of genetic variance and its components in maize under stress and non-stress environments. I Planting date. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.2, p.10-19, 1973.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Melhoramento do algodoeiro na Embrapa - Algodão**. <http://www.cnpa.embrapa.br/algodao/melhora2001.html> (23 fev. 2003)
- EYHÉRABIDE, G.H.; DAMILANO, A.L.; COLAZO, J.C. Genetic gain for grain yield of maize in Argentina. **Maydica**, v.39, n.3, p.207-211, 1994.
- FARIAS, F.J.C.; FREIRE, E.C.; CARVALHO, L.P. de; ARANTES, E.M.; OLIVEIRA, L.C. de. **Estabilidade e adaptabilidade de cultivares de algodoeiro herbáceo no estado do Mato Grosso**. Campina Grande: Embrapa Algodão, 1996. p.1-4. (Pesquisa em andamento, 29)

FERNANDES, J.S.C. Estabilidade ambiental de cultivares de milho (*Zea mays* L.) na região Centro Sul do Brasil. Piracicaba, 1998. 94p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

FERNANDES, J.S.C.; FRAZON, J.F. Thirty years of genetic progress in maize (*Zea mays* L.) in a tropical environment. **Maydica**, v.42, p.21-27, 1997.

FONSECA JÚNIOR, N.S. da. Progresso genético na cultura do feijão no Estado do Paraná para o período de 1977 a 1995. Piracicaba, 1997. 160p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

FOTIADIS, N.A.; MILLER, P.A. Effects of recurrent seed irradiation on genetic variability and recombination in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Crop Science**, v.13, p.40-44, 1973.

FRYXEL, P.A.; KOHEL, R.J.; LEWIS, C.F. Cotton as a world crop. In: **Cotton**. Wisconsin: American Society of Agronomy, 1984. 605p.

GOTOH, J.; OSANAI, S. Efficiency of selection for yield under different fertilizer levels in a wheat cross. **Japanese Journal of Breeding**, v.9, p.173–178, 1959.

HARVILLE, D.A. Mixed model methodology: theoretical justifications and future directions. In: STATISTICAL COMPUTING SECTION, New Orleans, 1988. **Proceedings**. New Orleans: American Statistical Association, 1988. p.41-49.

- HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; KROSIGK, C.M. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, v.15, n.2, p.192-218, 1959.
- HOFFMANN, R.; VIEIRA, S. **Análise de regressão**: uma introdução à economia. 2.ed. São Paulo: Hucitec, 1987. 234p.
- HOSKINSON, P.E.; STUART, J.M. Field performance of two obsolete cotton cultivars. In: BELTWIDE COTTON PRODUCTION AND RESEARCH CONFERENCES, Memphis, 1977. **Proceedings**. Memphis: Cotton Council of America, 1977. p.78-79.
- JOHNSON, V.A.; SHAFER, S.L.; SCHIMIDT, J.W. Regression analysis of general adaptation in hard red winter wheat (*Triticum aestivum* L.). **Crop Science**, v.8, p.187-191, 1968.
- KEIM, D.L.; BURDETT, L.; JONES, K.R. Yield progress in Deltapine conventional varieties grown in the Mid-South. In: BELTWIDE COTTON CONFERENCE, San Antonio, 2000. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council, 2000. p.545-547.
- KEIM, K.R.; QUISENBERRY, J.E. Inheritance of fiber quality in a semi-dwarf composite population of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). In: BELTWIDE COTTON PRODUCTIONS RESEARCH CONFERENCE, San Antonio, 1983. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council, 1983. p.108.
- LEE, J.A. Cotton breeding and genetics. In: FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. v.2, p.126-160.
- LEWIS, H.; MAY, O.L.; BOURLAND, F. Cotton yield components and yield stability. In: BELTWIDE COTTON CONFERENCE, San Antonio, 2000. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council of America, 2000. p.113-117.

- MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; SILVA, M.A.; REGAZZI, A.J. **Modelo linear misto**. Viçosa: UFV, 1993. 46p.
- MCCARTY, J.C.; TANG, B.; JENKIS, J.N. Genetic diversity of primitive cotton germplasm accessions. In: BELTWIDE COTTON CONFERENCE, San Diego, 1994. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council of America, 1994. p.707.
- MEREDITH, W.R.Jr. Factors that contribute to lack of genetic progress. In: BELTWIDE COTTON CONFERENCE, Atlanta, 2002. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council of America, 2002. p.1-9.
- MEREDITH, W.R.Jr.; BRIDGE, R.R. Genetic contributions to yield changes in upland cotton. In: FEHR, W.R. **Genetic contributions to yield gains of five major crop plants**. Madison: Crop Science Society of Agronomy, 1984. p.75-87.
- MEREDITH, W.R.Jr.; HEITHOLT, J.J.; PETTIGREW, W.T.; RAYBUM, S.T.Jr. Comparasion of obsolete and modern cotton cultivars at two nitrogen levels. **Crop Science**, v.37, p.1453-1457, 1997.
- MEREDITH, R.W.Jr.; BRIDGE, R.R. Heterosis and gene action in cotton *Gossypium hirsutum*. **Crop Science**, v.12, p.304-310, 1972.
- MILLER, P.A.; RAWLINGS, J.O. Selection for increased lint yield and correlated responses in upland cotton *Gossypium hirsutum* L. **Crop Science**, v.7, p.441-444, 1963.
- MILLER, P.A.; LEE, J.A. Heterosis and combining ability in varietal top crosses of upland cotton, *Gossypium hirsutum* L. **Crop Science**, v.4, p.646-649, 1964.

- MORAIS, O.P.; ABBUD, N.S. **Subsídios para avaliação do progresso genético dos programas estaduais de melhoramento de arroz no Brasil**. Goiânia: EMBRAPA, CNPAF, 1993. 26p.
- MORESCO, E.R. Taxa de cruzamento do algodoeiro herbáceo no Estado de Mato Grosso. Piracicaba, 1999. 76p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- MOSER, H.S.; PERCY, R.G. Genetic improvement of yield, yield components, and agronomic characteristics of Pima cotton: 1949-1991. In: BELTWIDE COTTON CONFERENCE, Orlando, 1999. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council of America, 1999. p.488-489.
- MYERS, G.O. Cotton improvement's future: a cooperative research proposal. In: BELTWIDE COTTON CONFERENCE, Anaheim, 2001. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council of America, 2001. p.393-400.
- NILES, G.A.; GODOY, S. Genetic analysis of earliness in upland cotton II. Yield and fiber properties: In: BELTWIDE COTTON PRODUCTION RESEARCH CONFERENCES, New Orleans, 1985. **Proceedings**. Memphis: National Cotton Council of America, 1985. p.61-63.
- PENG, S.; LAZA, R.C.; VISPERAS, R.M.; SANICO, A.L.; CASSMAN, K.G.; KHUSH. Grain yield of rice cultivars and lines developed in the Philippines since 1966. **Crop Science**, v.40, p.307-314, 2000.
- PENNA, J.C.V. Melhoramento do algodão. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2001. 817p.

- RANGEL, P.H.N.; PEREIRA, J.A.; MORAIS, O.P. de; GUIMARÃES, E.P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.8, p.1595-1604, 2000.
- RODRIGUES, J.A.S. Progresso genético e potencial de risco da cultura do sorgo granífero (*Sorghum bicolor* L. Moench) no Brasil. Piracicaba, 1990. 171p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- RUSSEL, W.A. Comparative performance for maize hybrids representing different eras of maize breeding. In: ANNUAL CORN & SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 29., Chicago, 1977. **Proceedings**. Washington: American Seed Trade Association, 1977. p.81-101.
- SALADO-NAVARRO, L.R.; SINCLAIR, T.R.; HINSON, K. Changes in yield and seed growth traits in soybean cultivars released in the Southern USA from 1945 to 1983. **Crop Science**, v.33, n.6, p.1204-1209, 1993.
- SAS INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide for personal computers**, version 8. Cary: Nashville University, 1999.
- SCHOLL, R.L.; MILLER, P.A. Genetic associations between yield and fiber strength in upland cotton. **Crop Science**, v.16, p.780-783, 1976.
- SEARLE, S.R. Mixed models and unbalanced data: wherefrom, whereat, and whereto ? **Communications in statistics: theory and methods**, v.17, n.4, p.365-398, 1988.
- SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Wiley & Sons, 1971. 260p.
- SEARLE, S.R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C.E. **Variance components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 357p.

- SEARLE, S.R. Mixed models: a thumbnail survey. In: SEARLE, S.R. **Linear models for unbalanced data**. New York: John Wiley & Sons, 1987. cap.13, p.412-519.
- SILVA, A.F. Contribuição do melhoramento genético do arroz irrigado por inundação para rendimento de grãos, no período de 1983/84 a 1994/95, no Estado do Espírito Santo. Lavras, 1996. 108p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras.
- SOARES, A.A.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, A.F. de; Estimativa do progresso genético obtido pelo programa de melhoramento de arroz irrigado da EPAMIG, na época de oitenta. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.29, n.1, p.97-104, 1994.
- SPECHT, J.E.; WILLIAMS, J.H. Contribution of genetic technology to soybean productivity: retrospect and prospect. In: FEHR, W.R. **Genetic contributions to yield gains of five major crop plants**. Madison: Crop Science Society of America, 1984. p.49-74.
- TAVARES, L.C.V. Avaliação do progresso genético do trigo (*Triticum aestivum* L.) no Estado do Paraná. Jaboticabal, 1998. 78p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista.
- TOLEDO, J.F.F.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S.; MENOSSO, O.G. Ganho genético em soja no Estado do Paraná via melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.25, n.1, p.89-94, 1990.
- ULSTUN, A.; ALLEN, F.L.; BURTON, C. Genetic progress in soybean of the U.S. Mid-South. **Crop Science**, v.41, p.993-998, 2001.
- VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In:

CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., Sete Lagoas, 1986.

Anais. Sete Lagoas: Embrapa, CNPMS, 1986. p.300-307.

WYCH, R.D.; RASMUSSEN, D.C. Genetic improvement in malting barley cultivars since 1920. **Crop Science**, v.23, p.879-881, 1983.

WYCH, R.D.; STUTHMAN, D.D. Genetic improvement in Minnesota-adapted oat cultivars since 1923. **Crop Science**, v.23, p.882-885, 1983.