

Avaliação de híbridos de milho em múltiplos ensaios utilizando modelos mistos

Lauro J. M. Guimarães¹, Paulo E. O. Guimarães¹, Cleso A. P. Pacheco¹, Jane R. A. Machado¹, Walter F. Meirelles¹, Sidney N. Parentoni¹, Adelmo R. Silva¹ e Flávia F. Mendes¹

¹Embrapa Milho e Sorgo, MG 424, Km 45, CEP.: 35701-970, Sete Lagoas-MG.
E-mail: lauro@cnpms.embrapa.br

Palavras-chave: REML/BLUP, seleção genética, valores genotípicos.

Introdução

A agricultura brasileira vem passando por mudanças que proporcionaram grandes ganhos em termos de produção e de produtividade. Para a cultura do milho verificam-se aumentos expressivos na produtividade e um aumento da área de plantio em menor proporção. Outro aspecto interessante é a distribuição da produção nacional em duas safras. Nos anos agrícolas de 2007/08 e 2008/09, considerando-se as duas safras, a produtividade média superou 3.500 kg.ha⁻¹ (CONAB, 2009).

Diversos são os tipos de cultivares disponibilizadas no mercado brasileiro. Cruz e Pereira Filho (2009) citam que cerca de 73% são híbridos simples e triplos, 18% são híbridos duplos, enquanto que as variedades representam apenas cerca de 9% do total de 320 cultivares de milho disponíveis no ano de 2009. Toda essa gama de cultivares de milho proporciona alternativas aos agricultores para alocação de cultivares adaptadas às diferentes regiões, níveis de investimento e níveis tecnológicos de cultivo.

Os programas de melhoramento de milho também têm aumentado a dinâmica de desenvolvimento de cultivares, sendo que grande parte dos esforços são alocados no desenvolvimento de híbridos simples e triplos. Estes tipos de cultivares apresentam maiores potenciais produtivos que os híbridos duplos e as variedades.

Para atender à demanda do mercado, na maioria dos programas de melhoramento de milho no Brasil, são gerados e testados milhares de novos híbridos, desenvolvidos a partir de linhagens em gerações precoces de endogamia (S₂ ou S₃). As populações de extração de linhagens são melhoradas, em termos de introgressão de alelos superiores, para produtividade e para outras características agrônômicas importantes e são mantidas em grupos heteróticos bem definidos. Desta forma, as novas linhagens são cruzadas com testadores de grupos heteróticos complementares para identificação de híbridos com potencial comercial. A seleção de híbridos superiores é uma questão probabilística, de modo que quanto maior o número de genótipos avaliados maior será a chance de seleção de materiais com produtividades comparáveis aos bons híbridos do mercado e que se apresentem com características agrônômicas adequadas para cultivo em escala comercial.

Entretanto, quando se avalia grande número de cultivares, uma dificuldade é a comparação entre materiais alocados em diferentes ensaios, principalmente quando existem desbalanceamentos por perdas de parcelas ou mesmo por existirem ensaios com diferentes números de tratamentos e/ou repetições. O tratamento dos dados experimentais por metodologias de modelos mistos proporciona grande flexibilidade de análises e permite contornar essa dificuldade. Além disso, a análise dos dados nesta abordagem, considerando que tratamentos genéticos sejam de efeitos aleatórios, permite a recuperação de valores genotípicos, via melhor preditor linear não viesado (BLUP – *Best Linear Unbiased Predictor*).



Resende (2004) cita que para o melhoramento genético, quando os efeitos de tratamentos são considerados aleatórios e efeitos ambientais (de repetições ou locais) são considerados fixos em procedimentos REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/BLUP), existe maior acurácia preditiva. Isso se deve ao fato de que as predições dos efeitos aleatórios são forçadas em direção à média geral, pelo efeito de *shrinkage*, penalizando predições baseadas em pequenas amostras. Isso não ocorre quando os efeitos de tratamentos são considerados fixos, o que pode superestimar as médias de tratamentos. Além disso, esse é considerado um procedimento ótimo, pois os BLUP de valores genotípicos são preditores de mínimos quadrados do erro e não viesados (RESENDE, 2007a).

Para ensaios balanceados em blocos casualizados completos, onde não se realizam ajustamentos de médias pela recuperação da informação interblocos, os valores genotípicos obtidos via BLUP podem diferir das médias fenotípicas pelo efeito de *shrinkage*, mas o ordenamento dos tratamentos será o mesmo quando se compara as classificações via BLUP ou médias fenotípicas (DUARTE; VENCOVSKY, 2001). O efeito de *shrinkage* que, do inglês pode ser traduzido como efeito de redução, tende a reduzir a magnitude das estimativas dos efeitos considerados fixos até zero.

Com a utilização de modelos lineares mistos para análise de dados experimentais em programas de melhoramento vegetal, o que realmente interessa é a ordenação dos tratamentos genéticos. A predição/estimação dos valores genotípicos via BLUP depende da estimação de componentes de variâncias associados aos efeitos aleatórios do modelo e, para tanto, uma das metodologias mais utilizadas é a estimação por meio de máxima verossimilhança restrita (REML). Através das equações de modelo misto, simultaneamente são estimados os BLUE (*Best Linear Unbiased Estimator*) dos efeitos fixos por quadrados mínimos generalizados (GLS), que considera heterogeneidade de variâncias residuais e predição dos efeitos aleatórios (REML/BLUP). Resende (2002) cita que esta metodologia é a mais adequada para análise de dados desbalanceados e quando os dados são balanceados é tão eficiente quanto outros métodos para fins de classificação de tratamentos genéticos.

Para a cultura do milho, Fritsche Neto (2008) cita que a metodologia REML/BLUP pode ser considerada uma ferramenta muito útil ao melhorista permitindo a predição de valores genotípicos de híbridos com alta acurácia sob condições de desbalanceamento dos dados. Diversos outros autores utilizaram metodologias de modelos lineares mistos para análises de dados em diferentes situações de desbalanceamento para várias culturas perenes e anuais e concluíram que esta abordagem é vantajosa por possibilitar lidar facilmente com desbalanceamentos e por permitir ordenação de tratamentos de maneira acurada. Além disso, em várias situações são aplicadas metodologias de modelos mistos que retornam medidas de adaptabilidade e estabilidade relativas aos efeitos genotípicos (RESENDE et al., 1996; FARIAS NETO; RESENDE, 2001; PINTO JÚNIOR, 2004; BASTOS et al., 2007; CARBONELL et al., 2007; ARNHOLD et al. 2009; VERARDI et al., 2009).

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de 453 híbridos *top-crosses* de milho e 10 testemunhas comerciais em análise agrupada pela metodologia de modelos mistos.



Materiais e Métodos

No ano agrícola de 2008/09 foram instalados 10 ensaios para comparação de novos híbridos simples de milho em área experimental pertencente à Embrapa milho e Sorgo em Sete Lagoas-MG. Os híbridos experimentais foram obtidos pela Embrapa Milho e Sorgo por cruzamento entre novas linhagens S₂ e uma linhagem elite do grupo heterótico Flint.

O delineamento estatístico básico foi látice 7x7, com duas repetições, totalizando 49 tratamentos em cada ensaio. As parcelas foram compostas por uma linha de 4 m de comprimento, espaçadas de 0,80 m. Foi avaliada a característica produtividade de grãos (PG), que foi corrigida para 13% de umidade.

Em cada experimento foram utilizados como testemunhas três híbridos simples de alto potencial produtivo (P30F35, Dow2B707 e AS1567). No ensaio 10 foram acrescentadas outras sete testemunhas comerciais: cinco híbridos simples (DKB390, Dow2A106, AG9040, BRS1010, BRS1040), um híbrido duplo (BRS2020) e uma variedade de polinização aberta (BRS Caimbé). Todas as testemunhas são adaptadas à região do Brasil Central, representando cultivares de alto potencial produtivo, diferentes ciclos e recomendados para diferentes níveis tecnológicos de plantio.

As análises estatísticas foram processadas utilizando-se o programa SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007b), com a metodologia de modelos mistos via REML para obtenção de valores genotípicos via BLUP. Para a predição de valores genéticos foi considerado o modelo 26, proposto para análises de delineamentos de blocos incompletos em vários locais, com uma observação por parcela. Neste trabalho, esse modelo foi empregado para a análise de grupo de experimentos instalados em delineamentos de blocos incompletos (látice), utilizando-se o código de ensaios na coluna destinada a locais, conforme apresentado a seguir:

$$y = Xr + Zg + Wb + Ti + e, \quad \text{em que:}$$

y é o vetor de observações da característica avaliada;

r é o vetor dos efeitos de repetições (assumidos como fixos) somados à média geral;

g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);

i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ensaios (considerados aleatórios); e ,

e é o vetor de erros ou resíduos (também considerados aleatórios).

X , Z , W e T representam as matrizes de incidência para os efeitos de r , g , b e i , respectivamente.

Neste caso, o vetor r organiza as repetições de forma sequencial de um ensaio para o outro, possibilitando o ajuste dos dados, com recuperação da informação interblocos, considerando todas as combinações entre repetições e ensaios. Além disso, esse vetor contempla os efeitos de ensaios (aleatórios) e de repetições (fixos) dentro de ensaios, proporcionando o ajuste dos valores genotípicos livres dos efeitos de repetições.

Resultados e Discussão

A média geral de valores genotípicos ($u+g$) da produtividade de grãos, considerando todas as cultivares avaliadas, foi de 7.097 kg ha⁻¹ (Tabela 1). O coeficiente de variação experimental foi da ordem de 14,79%, e a estimativa de acurácia do ensaio, que mede a correlação entre valores genéticos preditos e valores verdadeiros, foi de 96,7%. Segundo



Resende (2007a), ensaios que apresentem valores de acurácia acima de 90% podem ser considerados de excelente precisão experimental.

Na Tabela 1 também é apresentada a estimativa do componente de variância fenotípica e sua decomposição nos componentes de variância genotípica, variância ambiental entre blocos, variância da interação genótipos x ensaios e variância residual. A variância do efeito de genótipos foi altamente significativa ($p < 0,01$) pelo teste de Qui-quadrado para a razão de verossimilhança (LTR), demonstrando a existência de grande variabilidade entre as cultivares testadas. Houve significância para o efeito de blocos ($p < 0,05$) e, desta forma, a recuperação da informação interblocos para ajuste dos valores genotípicos, foi vantajosa em relação à análise de blocos casualizados completos. O efeito da interação genótipos x ensaios foi não significativa para LTR, indicando que os ensaios podem ser considerados homogêneos.

Verifica-se que a herdabilidade ajustada na média dos genótipos foi de alta magnitude, equivalendo a 93,5%, considerando a análise agrupada dos dez ensaios conduzidos na safra 2008/09. Entretanto, como os tratamentos são desbalanceados pelo maior número de observações de três testemunhas (20 observações) e apenas duas observações para os híbridos experimentais e para as demais testemunhas, além de perda de seis parcelas experimentais, a análise dos dados retornou diferentes estimativas de acurácia seletiva para cada grupo de tratamentos.

Tabela 1. Componentes de variâncias, acurácias e coeficientes de variação genotípico e residual obtidos via REML individual, considerando a análise agrupada de 463 cultivares de milho conduzidos em dez ensaios em látice na safra 2008/09 em Sete Lagoas-MG.

Efeito	Deviance	LTR (Qui-Quadrado)	Componentes de Variâncias
Modelo Completo	14746,24	-	-
Fenotípico	-	-	1675367
Genotípico (G)	14789,83	43,59**	522300**
Blocos	14750,11	3,87*	26709*
Interação G x Ensaios (G x E)	14746,28	0,04 ^{ns}	23807 ^{ns}
Resíduo			1102550
h^2_{mg} (Herdabilidade ajustada da média de genótipos)			0,935
Ac_{gen} (Acurácia da seleção de genótipos)			0,967
$CV_g\%$ (Coeficiente de variação genotípico)			10,18
$CV_e\%$ (Coeficiente de variação residual)			14,79
Média Geral ($kg\ ha^{-1}$)			7097

Qui-Quadrado Tabelado, com 1 grau de liberdade: 2,71; 3,84 e 6,63.

** , * : significância a 1% e 5%, respectivamente, pelo teste Qui-Quadrado com 1 grau de liberdade. ^{ns} é não significativo.

Para que sejam realizadas comparações adequadas entre genótipos com diferentes números de observações, devido a desbalanceamentos nos ensaios, é desejável que se tenha um ponderador que possibilite maior confiabilidade aos tratamentos com maior número de observações. Em modelos mistos, a herdabilidade estimada na média de parcelas é usada como um ponderador que atende a esta premissa, pois o número de repetições de cada genótipo é levado em consideração.

Foram observadas estimativas de herdabilidade diferentes, ao nível de médias de parcelas, pois existiram tratamentos genéticos com diferentes números de observações.



Isso levou a ponderadores diferentes para obtenção dos valores genotípicos de tratamentos com diferentes números de observações, assim, quanto mais vezes o tratamento foi repetido maior foi a acurácia do preditor do valor genotípico.

Para o grupo das três testemunhas regulares, com 20 observações, a herdabilidade, ao nível de médias de parcelas, foi de 89,7% com acurácia seletiva estimada em 94,7%. Para os híbridos experimentais e para as outras sete testemunhas, onde as estimativas levaram em conta duas observações, a herdabilidade média foi de 46,6% e a acurácia para seleção destas cultivares foi de 68,3%. Já para os tratamentos que tiveram parcelas perdidas e, portanto, suas médias foram advindas de apenas uma observação, a herdabilidade média foi estimada em 31,1% com acurácia seletiva da ordem de 55,8%.

Na Tabela 2 são apresentados os valores genotípicos e as médias fenotípicas para produtividade de grãos das 30 cultivares selecionadas dentre as 463 avaliadas. A seleção foi realizada considerando a análise agrupada dos 10 ensaios. Verifica-se que os valores preditos para as médias genotípicas (u+g) foram de menores magnitudes que os valores fenotípicos, pois no processo de predição via RMEL/BLUP são descontadas as estimativas dos efeitos fixos e, como as herdabilidades dos grupos de tratamentos foram menores que 1, os valores genotípicos foram aproximados à média geral.

Os híbridos P30F35 e 2B707, utilizados como testemunhas comuns em todos os dez ensaios, foram os primeiros classificados pelo ordenamento dos valores genotípicos (u+g) da produtividade de grãos. Observa-se que alguns híbridos experimentais (identificados pela série 3730...) apresentaram médias fenotípicas superiores a estas duas testemunhas, entretanto seus valores genotípicos foram preditos com base em apenas duas observações, enquanto que para as testemunhas campeãs existiram 20 observações. Desta forma, a herdabilidade destas testemunhas foi maior que para os híbridos experimentais, fazendo com que seus preditores de u+g apresentassem maior acurácia e, por consequência, menor efeito de *shrinkage* em relação aos híbridos experimentais.

Entretanto, outra testemunha comercial, o híbrido AS1567, que também estava repetido 20 vezes nos dez ensaios, foi classificado na quinquagésima nona posição pelo mesmo critério, demonstrando que existem novos híbridos experimentais que podem superar boas testemunhas comerciais, mesmo sendo penalizados pela menor herdabilidade.

Observa-se ainda na Tabela 2 que houve mudança na ordenação das cultivares quando se comparam as médias fenotípicas e os valores genotípicos obtidos via BLUP. A correlação de Pearson, estimada entre valores destas duas observações, foi da ordem de 0,89, enquanto que para a correlação de Spearman, que é relativa à classificação das observações de cada variável, a estimativa foi de 0,86. Deste modo, pode-se afirmar que a utilização da análise de modelos mistos foi mais eficiente que a comparação de médias fenotípicas, pois houve mudança na classificação dos genótipos e as médias genotípicas foram obtidas por um procedimento ótimo em relação a dados desbalanceados.

No presente trabalho a maioria dos tratamentos foi avaliada em apenas um ensaio, com duas repetições, mas o uso de testemunhas comuns em todos os ensaios permitiu uma conexão entre os diferentes experimentos. Assim, as informações de cada experimento foram usadas para uma estimação mais precisa dos efeitos fixos referentes à média geral, que é somada aos desvios dos efeitos genotípicos para compor o valor genotípico de cada tratamento. Desta forma, a análise dos dados pela metodologia de modelos mistos, com predição de BLUP de tratamentos genéticos e BLUE dos efeitos fixos de blocos, possibilitou maior eficiência na seleção de cultivares.

Quando houve perda de parcelas, alguns tratamentos foram avaliados com apenas uma observação experimental. Nesta situação, a utilização de modelos mistos foi ainda mais desejável, pois permitiu a comparação destes tratamentos com os demais sem



superestimação de seu verdadeiro valor genotípico. Assim, tratamentos com menor número de repetições foram penalizados pelo preditor BLUP.

Fritsche Neto (2008) estudou o efeito de desbalanceamentos de tratamentos e de ensaios sob o poder de predição de efeitos genotípicos via REML/BLUP para híbridos de milho avaliados em ensaios no delineamento de látice, com duas repetições, instalados em 13 ambientes. Para tanto foram provocados desbalanceamentos de forma aleatória e concluiu-se que a metodologia de modelos mistos permitiu a predição de valores genotípicos dos cultivares com alta acurácia até níveis de desbalanceamentos de 20% para tratamentos e 23% para ambientes. Observou-se ainda que mesmo sob interação genótipos x ambientes significativa e complexa a predição de BLUP de tratamentos foi feita com alta acurácia.

Tabela 2. Valores genotípicos preditos (u+g) e médias fenotípicas para produtividade de grãos (PG), em kg.ha⁻¹, para as 30 cultivares selecionadas dentre as 463 avaliadas nos ensaios instalados na safra 2008/09, em Sete Lagoas – MG.

Classificação	Cultivar	PG	
		u+g	Média fenotípica
1	P30F35	8655	8827
2	2B707	8630	8799
3	3730365	8565	10600
4	3730479	8349	9166
5	3730208	8306	8879
6	3730368	8285	10013
7	3730227	8233	8725
8	3730439	8227	9778
9	3730333	8211	9855
10	3730362	8079	9579
11	3730404	8065	10152
12	3730207	8061	8365
13	3730307	8049	8903
14	3730492	8048	8535
15	3730233	8024	9008
16	3730181	7988	8210
17	3730080	7977	8752
18	3730167	7973	8531
19	3730424	7944	9184
20	3730420	7943	9182
21	3730105	7941	9272
22	3730038	7937	8668
23	3730150	7928	8436
24	3730232	7925	8801
25	3730432	7917	9126
26	3730205	7904	8035
27	3730039	7875	8538
28	3730363	7875	9150
29	3730122	7873	9129
30	3730366	7862	9123
Média geral no ensaio		7097	7097



Os resultados deste trabalho estão de acordo com os encontrados por Arnhold et al. (2009), que utilizaram procedimentos de modelos mistos para análise de dados de ensaios de milho pipoca instalados em três localidades com tratamentos diferentes entre os ensaios, mas com testemunhas comuns. Os autores concluíram que a análise dos dados pela metodologia de modelo linear misto, sob heterogeneidade de variâncias residuais, permitiu adequado ajustamento dos valores genotípicos na análise agrupada dos ensaios. O procedimento de análise permitiu a identificação de genótipos com alta produtividade e valores de capacidade de expansão adequados, apesar da correlação negativa entre estas características.

Estes resultados demonstram que a utilização de modelos mistos para classificação de cultivares de milho, sob situações de desbalanceamentos, permite maior segurança na seleção dos genótipos superiores. Desta forma, a análise agrupada de ensaios de testes de híbridos iniciais nos programas de melhoramento de milho, sob a ótica de modelos mistos, é vantajosa em relação à comparação de médias de tratamentos somente dentro dos ensaios em que foram avaliados, sem conexão entre ensaios e desconsiderando o ajuste dos dados em relação a uma média comum.

No Gráfico 1 podem ser visualizadas as amplitudes de produtividade de grãos quando são consideradas as médias fenotípicas e os valores genotípicos (u+g). Observa-se que houve uma redução dos efeitos genotípicos (u+g) em direção à média geral, causada pelo efeito de *shrinkage*, que toma as herdabilidades dos tratamentos como ponderados dos desvios genéticos.

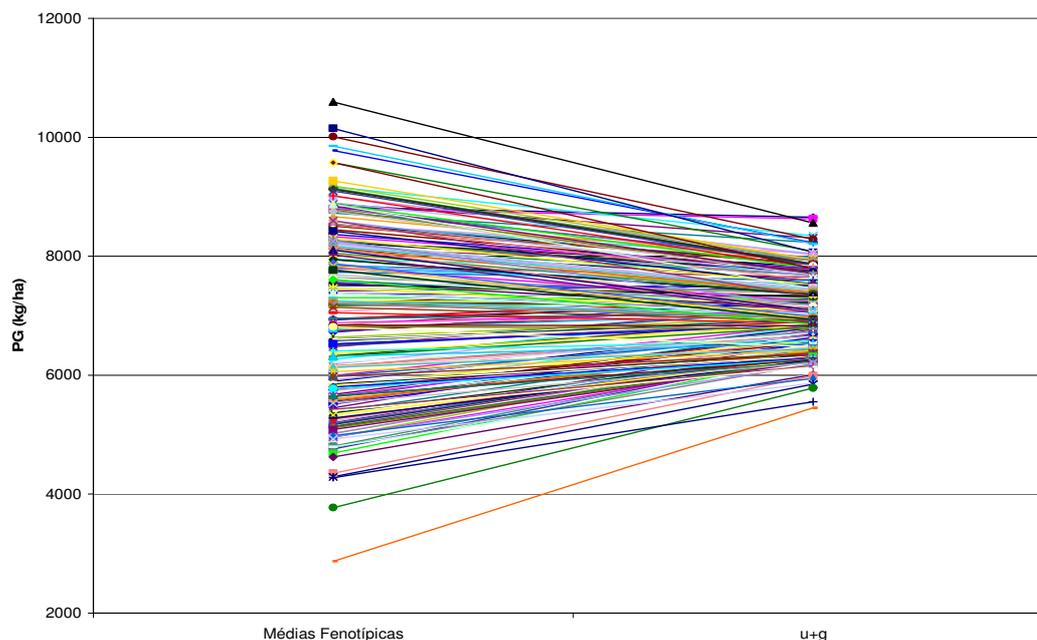


Gráfico 1 – Amplitudes da produtividade de grãos, demonstrando o efeito de *shrinkage* dos BLUP de efeitos genotípicos (u+g) em relação às médias fenotípicas.

Neste trabalho, os efeitos de repetições foram considerados fixos e, assim, os valores genotípicos preditos foram obtidos livres das influências dos efeitos ambientais de repetições. Além disso, a herdabilidade de médias de parcelas representa um peso aplicado ao preditor do valor genotípico de cada tratamento, o que levou à aproximação dos valores genotípicos à média geral do ensaio, pelo efeito de *shrinkage*. Por outro lado, para os tratamentos com herdabilidade alta observou-se que os valores genotípicos se aproximaram das médias fenotípicas, que foi o caso das testemunhas comuns.



Conclusões

A metodologia de modelos mistos proporciona alternativas viáveis e de maior acurácia para comparação de genótipos avaliados em vários ensaios instalados em delineamentos de blocos incompletos, mesmo com desbalanceamentos.

Existem híbridos *top-crosses* com desempenho produtivo semelhantes às melhores testemunhas.

Referências

ARNHOLD, E.; MORA, F.; SILVA, R. G.; GOOD-GOD, P. I. V.; RODOVALHO, M. A. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean Journal of Agricultural Research**, Santiago, v. 69, n. 1, p. 46-53, Jan./Mar. 2009.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V. de; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I. da; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. de A.; FIGUEIREDO, I. C. R. de. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BERALDO, A. L. A.; PERINA, E. F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 2, p.193-201, 2007.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos: safra 2008/2009: oitavo levantamento, maio 2009**. Brasília, 2009. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/7graos_08.09.pdf>. Acesso em: 21 maio 2010.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Milho: cultivares para 2008/2009**. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 20 dez. 2009.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimção e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.

FRITSCH NETO, R. **Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes**. 2008. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

FARIAS NETO, J. T. de; RESENDE, M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimção de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Cruz das Almas, v. 23, n. 2, p. 320-324, ago. 2001.



PINTO JÚNIOR, J. E. **REML / BLUP para a análise de múltiplos experimentos, no melhoramento genético de eucalyptus grandis w. hill ex maiden.** 2004. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2004.

RESENDE, M. D. V. de; PRATES, D. F.; JESUS, A. de; YAMADA, C. K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 32/33, p. 3-22, 1996.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, Brasília. 2002. 975 p.

REZENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo.** Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

REZENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético.** Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 362 p.

REZENDE, M. D. V. de. **Software Selegem – REML/BLUP:** sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 350 p.

VERARDI, C. K.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B.; GONÇALVES, P. S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1277-1282, out. 2009.

Apoio: FAPEMIG

