

## **Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho na safrinha da região centro-sul do Brasil via modelos mistos<sup>1</sup>**

Virgínia Alves Lacerda<sup>2</sup>, Roberto dos Santos Trindade<sup>3</sup>, Bruna Lopes Mariz<sup>4</sup>, Nádia Narely Durães Parrella<sup>5</sup>, Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães<sup>3</sup> e Lauro José Moreira Guimarães<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Trabalho financiado pelo CNPq; <sup>2</sup> Discente do Curso de Agronomia da Universidade Federal de São João del-Rei; <sup>3</sup> Pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo; <sup>4</sup> Discente do curso de Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa; <sup>5</sup> Docente da Universidade Federal de São João del-Rei.

### **Introdução**

Por causa da heterogeneidade de condições edafoclimáticas das regiões produtoras, os programas de melhoramento desenvolvem cultivares para superar os limitantes produtivos dessas macrorregiões na safrinha (Artuzo et al., 2019). Para isso, a partir de cruzamentos de genótipos promissores, são realizados estudos de suas progênes e seleção daqueles de melhor desempenho agrônômico. Na fase final do melhoramento genético é realizada a avaliação de genótipos candidatos em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) em diferentes localidades, para onde se deseja recomendar a cultivar a ser melhorada (Bastos et al., 2007).

Quando se considera mais de um ambiente, além dos efeitos genéticos e ambientais, há um efeito adicional pela interação destes, uma vez que o melhor genótipo em um ambiente pode não ser em outro. Essa interação genótipo x ambiente é quantificada em ensaios de campo em diferentes localidades, de acordo com comportamento diferencial dos genótipos na diversidade de ambientes (Bastos et al., 2007).

A complexidade na identificação de genótipos superiores estáveis e adaptados é simplificada com o uso de metodologias baseadas em modelos mistos (Resende; Duarte, 2007). Para se caracterizar um modelo como misto, ele deve possuir um ou mais efeitos fixos, além da média geral, e um ou mais efeitos aleatórios, além do erro experimental. O modelo misto possibilita modelar, simultaneamente, os efeitos fixos e aleatórios (Resende; Alves, 2020).

A predição dos efeitos aleatórios e a estimação dos efeitos fixos dependem da estimação dos componentes de variância. A metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML) estima componentes de variância obtidas por máxima verossimilhança, os quais fornecem dados para fazer a Melhor Predição Linear não viesada (Best Linear Unbiased Predictor - BLUP), cuja função é predição de valores genéticos (Resende; Alves, 2020). O uso de REML/BLUP em análise de dados experimentais constitui uma estratégia que aumenta a acurácia seletiva, minimiza erros de predição e maximiza o ganho genético por ciclo de seleção (Resende; Duarte, 2007). Isso implica comparar indivíduos ao longo do tempo e espaço, em modelos com rede de dados complexa de fenotipagem.

O objetivo do presente trabalho foi estimar a adaptabilidade e a estabilidade produtiva, bem como ganhos genéticos com a seleção de genótipos de milho na safrinha de 2018, via análise por modelos mistos.

### **Material e Métodos**

Foram avaliados 139 híbridos de milho em condições de safrinha, em dois ensaios de competição distintos, cada um com 49 genótipos. Esses ensaios foram semeados na safrinha de 2019, em Londrina-PR e Sete Lagoas-MG. A semeadura do milho safrinha em Londrina ocorre entre os meses de fevereiro a março, após a colheita da primeira safra. O cultivo é caracterizado por uma redução gradativa da precipitação pluvial e aumento da probabilidade de ocorrência de geadas. Já em Sete Lagoas, plantios efetuados no período de janeiro e fevereiro coincidem historicamente com o período de chuvas irregulares.

O delineamento experimental utilizado em todos os ensaios foi o látice 7x7, com três repetições. As parcelas experimentais para cada híbrido foram constituídas por duas linhas de 4,2 m, com espaçamento de 0,7 m entre linhas. Como testemunhas, foram usadas as cultivares comerciais AG8088PRO2, DKB310PRO2, DKB390PRO2 e BRS1055 e o híbrido experimental 1F640PRO2, desenvolvido pela Embrapa.

Para o plantio foram utilizados 350 kg.ha<sup>-1</sup> de adubo 08-28-16 (+1,8% Ca; 1,0% S; 0,3% B), e a adubação de cobertura foi realizada com 200 kg.ha<sup>-1</sup> de ureia, no estágio de desenvolvimento V4. Para tratamento de sementes destinadas ao médio investimento utilizaram-se somente o fungicida Maxim XL®, na dose de 125 mL para 100 kg de sementes, e o inseticida Starion®, na dose de 1,6 mL para 100 kg de sementes. Fungicidas e inseticidas foliares foram aplicados de acordo com a necessidade de infestação. Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura do milho. A colheita foi efetuada com auxílio de colheitadeira de parcelas, com aferição de peso e umidade. Posteriormente, os dados de produção foram convertidos em quilos/parcela, corrigidos para 13% de umidade, e posteriormente foram convertidos em toneladas/hectare.

Na análise de dados, primeiramente os dados de cada um dos dois ensaios foram analisados de forma individual, considerando os dois ambientes (Sete Lagoas e Londrina), com os 49 genótipos de cada ensaio analisados em separado. Posteriormente, foi efetuada uma análise em que os 139 genótipos foram analisados em conjunto, se convertendo os três ensaios em um só.

Os parâmetros genéticos foram estimados via máxima verossimilhança restrita, e a predição dos valores genéticos foi feita por meio da melhor predição não viesada, usando o modelo 52 do software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016). O modelo estatístico usado foi  $y = Xt + Zg + Wb + Ti + e$ , em que  $y$  é o vetor de dados,  $t$  é o vetor dos efeitos de teste ou experimento (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 ambiente (aleatórios) e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O teste de razão de verossimilhança (LRT) foi aplicado para testar os efeitos aleatórios do modelo.

## Resultados e Discussão

O teste de razão de verossimilhança (LRT), em análise individual dos ensaios, indicou significância do efeito aleatório de ambiente nos três ensaios, e nenhuma significância no efeito da interação genótipo x ambiente (Tabela 1). O LRT foi significativo para efeito de genótipo somente no ensaio 1.

Na análise conjunta considerando os três ensaios, o LRT foi significativo para os efeitos de genótipos, ambientes e da interação GxA. Estes efeitos significativos são indicativos da presença de variabilidade genotípica significativa, indicando que a análise conjunta expõe a

diferença entre os ambientes, mas também do ranqueamento dos genótipos entre os ambientes. Além disso, inferem respostas produtivas diferenciais dos genótipos frente a ambientais contrastantes, o que é uma premissa para o estudo de adaptabilidade e estabilidade (Resende; Duarte, 2007).

As estimativas de variância fenotípica, genotípica e ambiental foram mais elevadas no ensaio 1 e na análise conjunta. Por sua vez, a variância de interação genótipo ambiente ( $I_{G \times E}$ ) teve seus valores mais elevados no ensaio conjunto (0,8256). A correlação genotípica entre o desempenho dos híbridos nos vários ambientes foi moderada (0,45), o que infere que a interação GxA seja do tipo complexa (Resende; Alves, 2020). Correlações genotípicas altas como observadas nos ensaios 1 (0,97) e 3 (0,96) contribuem para ganhos com a seleção direta, ou seja, seleção em um local visando ganho em outro (Resende & Alves et al., 2020).

A maior média produtiva foi no ensaio 3 (5,44 ton/ha) e a menor no ensaio 2 (4,57 ton/ha), o que representa diferença de quase 16% entre elas. Essas produtividades médias foram similares à média brasileira nesse mesmo período de safrinha 2019/2020, que alcançou 5,46 ton/ha (Série Histórica das Safras, 2021).

O ensaio 1 foi o que apresentou maiores herdabilidades, sendo 43% de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo e 74% na herdabilidade da média de genótipo assumindo sobrevivência completa. Estas herdabilidades podem ser consideradas altas por se tratar de um carácter quantitativo altamente influenciado pelo ambiente. A herdabilidade representa a proporção da variabilidade existente em uma população que é de natureza genética, ou seja, passível de melhoramento, sendo que através dela é possível estabelecer estratégias de seleção e controle genético (Bastos et al., 2007).

Os coeficientes de variação genética são indicativos de variabilidade genética existente na população, e no presente trabalho variaram de 10,35% (ensaio 3) a 32,72% (ensaio 1). Os coeficientes de variação experimental variaram entre 25,15 e 35,53%. Esses valores de coeficientes de variação genético e experimental estimados nos ensaios individuais e conjuntos corroboram com a ideia de comportamento diferencial dos grupos de híbridos frente a interação com os ambientes contrastantes (Resende; Alves, 2020).

As acurácias seletivas de genótipos ( $A_{cgen}$ ) foram de 0,86 para o ensaio 1, 0,61 no ensaio 2, 0,63 no ensaio 3 e de 0,72 na análise conjunta. As acurácias de seleção via PEV ( $A_c$ ) foram cerca de 15% mais baixas em relação a  $A_{cgen}$ . A acurácia seletiva mede o quanto o valor genético predito é similar ao valor genético real dos genótipos. Esse parâmetro é influenciado pelo número de repetições, pela variância residual e ainda pela proporção entre a variância residual e variância genética (Resende; Duarte, 2007). Maiores acurácias inferem menor risco de erro a partir do uso da informação, denotando maior confiabilidade da predição e do processo de seleção. Dessa forma, as acurácias seletivas podem ser consideradas de moderadas (0,50 - 0,69) a altas (0,70 - 0,89), sendo recomendadas acurácias superiores a 0,70 para seleção e 0,90 para recomendação (Resende; Alves, 2020).

**Tabela 1.** Análises individuais e conjunta de deviance, componentes de variância e coeficientes de correlação genotípica para ensaios de competição de híbridos de milho realizados em Londrina-PR e Sete Lagoas-MG, na safra de 2018.

Efeito	Ensaio 1		Ensaio 2		Ensaio 3		Análise conjunta	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Repetição	541,72	1,69	449,41	0,51	357,97	0,15	1426,34	1,98
Genótipo	547,02	6,99**	449,41	2,08	361,03	3,21	1450,55	21,7**
Ambiente	568,88	28,85**	466,43	17,53**	361,69	3,87**	1495,66	63,58**
Gen x Amb	540,04	0,01	450,86	1,96	357,8	0,00	1424,69	11,94**
Modelo completo	541,73	-	448,90	-	357,82	-	1422,75	-
<b>Componentes de variância</b>								
Variância fenotípica	6,9388		4,0168		2,2434		4,3349	
Variância genotípica	2,9839		0,7852		0,3173		0,6661	
Variância ambiental	3,5190		2,3728		1,8731		2,6970	
Variância $I_{(G \times E)}$	0,0783		0,7422		0,0151		0,8256	
Variância de Bloco	0,3576		0,1166		0,0379		0,1461	
<b>Coefficientes de determinação</b>								
Média Geral	5,28		4,57		5,44		5,07	
Rgenloc	0,97		0,51		0,96		0,45	
h <sup>2</sup> g	0,43		0,20		0,14		0,15	
h <sup>2</sup> mg	0,74		0,37		0,39		0,52	
CVg (%)	32,72		19,32		10,35		16,10	
CV(%)	35,53		33,68		25,15		32,40	
Agen	0,86		0,61		0,63		0,72	
Ac	0,77		0,53		0,50		0,61	

\*\*\* Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de 5% e 1%, respectivamente. LRT = teste de razão de verossimilhança; Gen x Amb e  $I_{(G \times E)}$  = interação genótipo versus ambiente; h<sup>2</sup>g = herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h<sup>2</sup>mg = herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; CVg = coeficiente de variação genotípica; CV(%) = coeficiente de variação experimental; Rgenloc = correlação genotípica entre o desempenho dos híbridos nos vários ambientes; Agen = acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; Ac = Acurácia da seleção calculada via PEV.

## Conclusões

A estimação de parâmetros genéticos por ensaio individual é indispensável para avaliar grupos de genótipos. No entanto, os resultados obtidos nesse trabalho sugerem que a avaliação conjunta pode ser realizada a fim de ponderar melhor as médias e os coeficientes de determinação genotípicos entre grupos de genótipos.

## Agradecimentos

À Embrapa Milho e Sorgo, à Fapemig e ao CNPq pelo apoio para realização dos experimentos e concessão de bolsa.

## Referências

ARTUZO, F. D.; FOGUESATTO, C. R.; MACHADO, J. A. D.; OLIVEIRA, L. de; SOUZA, A. R. L. de. O potencial produtivo brasileiro: uma análise histórica da produção de milho. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v. 12, n. 12, p. 515-540, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.17765/2176-9168.2019v12n2p515-540>.

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**, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

RESENDE, M. D. V. de. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.

RESENDE, M. D. V. de; ALVES, R. S. Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 2, n. 2, article 11, 2020. DOI: <https://doi.org/10.35418/2526-4117/v2n2a1>

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

SÉRIE HISTÓRICA DAS SAFRAS. Brasília, DF: Conab, 2021. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20>. Acesso em: 17 nov. 2021.