

Avaliação Genotípica de Híbridos Simples de Milho em Multi Locais por Meio de Modelos Mistos

Klayton Flávio Milani¹, Acácio Antonio Miotto², Marlon Mathias Dacal Coan³, Lucas Rafael de Souza Camacho⁴, Henrique José Camargo Senhorinho⁵, Vitor Hugo Domenes Tolentino⁶, José Lidércio Matias Junior⁷, Marcos de Araujo Rodovalho⁸.

^{1, 2, 3, 4, 5, 6, 7}Pós Graduandos da Universidade Estadual de Maringá e bolsistas Mestrado CNPq e CAPES, PR. ¹kf_milani@hotmail.com, ²acaciomiotto@hotmail.com, ³marloncoan@gmail.com, ⁴lr_camacho@hotmail.com, ⁵hsenhorinho@hotmail.com, ⁶vitortolentino@hotmail.com, ⁷jr_lidercio@hotmail.com e ⁸Syngenta Seeds do Brasil, Cascavel, PR. marcos.rodvalho@syngenta.com

RESUMO: Um ponto fundamental no processo de seleção são os experimentos que incluem o estudo de interação genótipo ambiente isto é, a resposta diferenciada de cada genótipo em diferentes ambientes. Com base nisto, o objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho, a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples de milho em ensaios de rede, pela metodologia de modelos lineares mistos. Os ensaios foram realizados em oito ambientes no período de dois anos. Todos os tratamentos consistiram de duas linhas de 5 m, espaçamento entre as linhas de 0,80 m e duas repetições em blocos. Para as análises de adaptabilidade e estabilidade, foram utilizados os dados de rendimento de grãos, seguindo o modelo 114 do software SELEGEN-REML/BLUP. De acordo com os valores genotípicos, os dez melhores híbridos foram: 14, 32, 13, 4, 34, 6, 33, 22, 10 e 37.

Palavras-chave: REML, BLUP e MHPRVG

Introdução

A cultura do milho (*Zea mays*) é uma das mais importantes no setor agrícola brasileiro. A vasta utilização dos grãos a coloca como um dos principais cereais, cuja utilização vai desde a produção destinada para alimentação humana e animal a fonte de energia renovável.

Nos programas de melhoramento de milho, as técnicas de avaliação genética exercem papel fundamental, pois permite à predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos a seleção. O maior problema no melhoramento genético vegetal em geral, está na predição dos valores genéticos dos diversos genótipos avaliados (RESENDE, 2004).

Do ponto de vista freqüentista, o estimador de variância REML (*Restricted Maximum Likelihood* - Máxima Verossimilhança Restrita), seguido do preditor de valores genéticos BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction* - Melhor Preditor Linear Não-Viesado) constitui o método mais eficiente para a identificação de indivíduos superiores, o que permite alcançar o máximo ganho genético na avaliação dos genótipos.

Este método é associado a um modelo linear misto, isto é, modelo que contém efeitos fixos, além da média geral, e efeitos aleatórios, além do erro (RESENDE, 2004).

Um ponto fundamental no processo de seleção de cultivares são os experimentos em que são realizados estudos de interação genótipo ambiente. Para identificar o comportamento de cada genótipo em estudo, em diferentes ambientes, devem ser utilizadas técnicas de adaptabilidade e estabilidade.

Recentemente a metodologia mais utilizada para estudo de adaptabilidade e estabilidade é denominada MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa do Valor Genotípico) proposta por Resende (2007), que é capaz de selecionar três atributos simultaneamente: adaptabilidade, estabilidade e produtividade.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar o desempenho, a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples de milho em ensaios de rede, utilizando a metodologia de modelos lineares mistos, via estimador REML, para os componentes de variância, e preditor BLUP, para os valores genéticos.

Materiais e Métodos

O presente trabalho utilizou dados de híbridos simples de milho disponibilizados da rede de ensaios da empresa Syngenta, divisão Seeds, em oito locais em dois anos.

Os materiais avaliados compõem-se de 43 híbridos em estágio avançado de avaliação, obtidos do cruzamento de linhagens endogâmicas.

O modelo de avaliação genética utilizado foi: $y = Xf + Zg + Oa + ti + Wt + e$ em que y é o vetor coluna de observações fenotípicas, f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), o é vetor dos efeitos da interação de genótipos com anos (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipos x locais (aleatórios), t é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), equivalente ao modelo denominado modelo 144 do aplicativo computacional SELEGEN REML-BLUP (Delineamento em Blocos Completos com Interação Tripla e Estabilidade e Adaptabilidade – Método MHPRVG: Modelo 114) (RESENDE, 2002b; 2007b).

Resultados e Discussões

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos via Máxima Verossimilhança Restrita (REML), para o experimento envolvendo híbridos e locais são apresentados na Tabela 1.

Para o caráter rendimento de grãos, a herdabilidade no sentido amplo foi de **0,22 ± 0,0295**.

Os coeficientes de determinação das interações genótipo x ano (c2ga), genótipo x local (c2gl) e genótipo x ano x local (c2gla), indicam quanto cada componente contribuiu para a variação fenotípica total (BORGES et al., 2010). Para os coeficientes de determinação das interações c2ga, c2gl e c2gla, os valores foram 0,04; 0,04 e 0,16, respectivamente.

Os valores de correlações genotípicas por meio do ambiente foram considerados de magnitude alta para todas as interações (rgl(0,86); rga(0,83); rgl_a (0,88); rga_l(0,85) rgl_ma(0,90); rga_ml(0,85); rgl_a(0,48)) exceto para a interação tripla que foi da ordem de 0,48 (baixa magnitude). Esta correlação indica que o desempenho dos genótipos por meio de dois ambientes não foi rigorosamente a mesma.

A correlação genotípica por meio de dois locais, em um dado ano (rgl_a) no valor de 0,88, indica que os genótipos tiveram comportamentos semelhantes nos locais avaliados. Da mesma forma, a correlação genotípica por meio de dois anos, em um dado local (rga_l) no valor de 0,85, indica que o comportamento dos genótipos teve pouca influencia pelo efeito de ano.

Na Tabela 2 são apresentados os valores da Análise de Deviance para as fontes de variação do modelo. Os efeitos de genótipos das interações genótipos x anos; e genótipos x locais x anos, assim como seus componentes de variação e coeficientes de determinação foram significativos.

Para o efeito de interação genótipo x locais, assim como para seus componentes de variação e coeficientes de determinação, a Análise de Deviance não foi significativa ao nível de 5% (Tabela 2).

Com base na predição dos valores genotípicos dos híbridos, foram selecionados os dez melhores híbridos quanto ao valor genético. Tais resultados estão dispostos na Tabela 3, sendo estes valores referentes ao valor genotípico predito ($u + g$) sem efeito de interação genótipo ambiente. O valor genotípico médio ($u + g + ge$) são valores que contabilizam a interação dos genótipos em diferentes ambientes.

O décimo híbrido na classificação foi o genótipo 37. O valor genotípico predito foi de 12052,7 com ganho de 642,5. A nova média foi 12167,8 e seu valor genotípico médio em todos os ambientes foi de 12063,6 (Tabela 3).

O genótipo que obteve a melhor classificação foi o 14. O valor genotípico predito foi de 12353,3 ($u+g$), o ganho deste genótipo foi de 828,1; logo, a nova média foi de 12353,3 e o valor genotípico médio 12370,5.

Na Tabela 4 são apresentados os valores obtidos dos dez melhores genótipos nos oito locais de avaliação. Na mesma, podem-se observar o efeitos genotípicos ($g + ge$) e valores genotípicos preditos para cada local ($u + g + ge$).

Considerando todos os locais avaliados, o genótipo que mais apareceu em primeiro lugar no ranqueamento, foi o genótipo 14, seguido pelo genótipo 32, 4, e 13.

O genótipo 14 apresentou comportamento amplo, ou seja, teve destaque em todos os locais avaliados, outros genótipos que também apareceram entre os dez melhores materiais para os oito locais avaliados foram os genótipos 32, 13, 33, 34 e 6.

A Média Harmônica dos Valores Genotípicos (MHVG) consolida em uma única informação rendimento de grãos e estabilidade. Os genótipos que mais associaram produtividade com estabilidade foram os híbridos 14, 32, 13, 4, 34, 6, 33, 22, 37 e 10, como observado na Tabela 5.

Para o estudo da adaptabilidade, utilizou-se a performance relativa dos valores genotípicos (PRVG). De acordo com os valores de PRVG, os dez genótipos mais adaptados foram: 14, 32, 13, 4, 34, 6, 33, 22, 37 e 10.

Por meio dos valores de performances relativas foi possível obter a média de cada genótipo, capitalizado pela interação. Para isto foi necessário multiplicar o valor de PRVG pela média geral (PRVG * Média Geral) (Tabela 5).

Com base nestas informações são apresentados na Tabela 5 os valores de MHPRVG, referente aos genótipos. Os genótipos mais estáveis, mais adaptados e com maior produtividade foram: 14, 32, 13, 4, 34, 6, 33, 22, 10 e 37.

A seleção simultânea da variável produtividade e os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade apresentaram os mesmos genótipos entre os dez melhores, observados para a seleção individual de estabilidade e adaptabilidade (Tabela 5).

O genótipo 14 foi superior aos demais pela MHPRVG, para estabilidade, adaptabilidade e produtividade, confirmando os resultados observados para MHVG e PRVG. Vale ressaltar que, os dez melhores genótipos ordenados pela MHVG, PRVG e MHPRVG, foram coincidentes com os dez genótipos que mais apareceram na análise dos valores genotípicos. Confirmando que os genótipos mais adaptados e estáveis também são os mais produtivos.

Quanto a Acurácia na seleção de genótipos ($r_{\hat{a}a}$), tal procedimento trata-se da correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aqueles obtidos com base nos experimentos de acurácia expressa em porcentagem; isto tem variação de 0 a 1. Logo, os valores de acurácia e os intervalos de confiança (LIIC e LSIC) dos valores genéticos preditos estão representados na Tabela 6. Desta forma, os genótipos que apresentaram boa performance em estabilidade, adaptabilidade e produtividade, também apresentaram alta acurácia de seleção.

Conclusões

Os valores genotípicos e os valores de MHPRVG classificaram os mesmos híbridos em completa concordância.

Com base em valores genotípicos e de MHPRVG, os genótipos que mais se destacaram foram: 14, 32, 13, 4, 34, 6, 33, 22, 10 e 37.

Literaturas Citadas

BORGES, V.; FERREIRA, V. P.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Scientiarum Agronomy*. vol. 32, n.4, p.643-649, 2010.

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

RESENDE, M. D. V. *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Embrapa Florestas, Colombo, 561p. 2007.

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

RESENDE, M. D. V. *Software Selegen–REML/BLUP*. Embrapa Florestas, Documentos 77, Colombo. 67p. 2002 b.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância (REML) e de parâmetros genéticos para rendimento de grãos kg.ha⁻¹

Estimativas	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_{ga}^2$	$\hat{\sigma}_{gl}^2$	$\hat{\sigma}_{gla}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	\hat{h}_g^2	c_{ea}^2	c_{el}^2	c_{ela}^2	r_{el}	r_{ea}	r_{ela}	r_{eal}	r_{ela}	Média geral
Valores	505251,26	100589,53	83735,26	363310,57	1204386,48	0,22 + ou - 0,0295	0,04	0,04	0,16	0,86	0,83	0,88	0,85	0,48	11525,23

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_{ga}^2$: var. da interação genótipo x ano; $\hat{\sigma}_{gl}^2$: var. da interação genótipo x local; $\hat{\sigma}_{gla}^2$: var. da interação genótipo x local x ano; $\hat{\sigma}_e^2$: var. residual. \hat{h}_g^2 : herdabilidade no sentido amplo; c: são os coeficientes de determinação dos efeitos da interação genótipo x ano, interação genótipo x local, e da interação genótipo x local x ano. r: são as correlações genotípica dos materiais genéticos por meio de dos locais, válida para qualquer ano; cor. genot. dos materiais genéticos por meio de dos anos, válida para qualquer local; cor. genot. dos materiais genéticos por meio de dos locais, em um dado ano; correlação genotípica dos materiais genéticos por meio de dos anos, em um dado local; e cor. Genotípica dos materiais genéticos por meio de dos locais e anos, respectivamente.

Tabela 2. Anadev (Análise de Deviance) componentes de variância, coeficientes de determinação referentes à análise conjunta para todos os genótipos e para as interações genótipo X locais, genótipos X anos e genótipos X locais X anos.

Efeitos	Deviance	LRT (χ^2)	Componente de Variância	Coefficiente de determinação
Genótipos	31212,78	160,6**	$\hat{\sigma}_g^2 = 505251,25$	h^2_g 0,224
Genótipos x Locais	31055,01	2,8*	$\hat{\sigma}_{gl}^2 = 83735,257$	c^2_{gl} 0,037
Genótipos x Anos	31063,34	11,2**	$\hat{\sigma}_{ga}^2 = 100589,53$	c^2_{ga} 0,045
Genótipos x Locais x Ano	31109,64	57,5**	$\hat{\sigma}_{gla}^2 = 363310,56$	c^2_{gla} 0,161
Resíduo			1204386,48	0,757
Modelo Completo	31052,17			$c^2_{total} = 1$

Deviance do modelo ajustado sem os efeitos correspondentes. Significativo pelo teste de qui-quadrado a 10% (2,71)**, 5% (3,84) e a 1% (6,63)*.

Tabela 3. Valores de efeitos genótipos, valores genotípicos preditos (u+g), ganho com a nova média, médias melhoradas, e valores genotípicos médios nos vários ambientes u + g + gem.

Ord.	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova Média	u+g+gem*
1	14	828,1	12353,3	828,1	12353,3	12370,5
2	32	734,6	12259,8	781,3	12306,6	12275,0
3	13	719,7	12244,9	760,8	12286,0	12259,8
4	4	670,4	12195,6	738,2	12263,4	12209,5
5	34	660,4	12185,7	722,6	12247,9	12199,3
6	6	609,1	12134,3	703,7	12228,9	12146,9
7	33	601,4	12126,6	689,1	12214,3	12139,1
8	22	542,3	12067,6	670,7	12196,0	12078,8
9	10	532,0	12057,2	655,3	12180,6	12068,2
10	37	527,5	12052,7	642,5	12167,8	12063,6

* interação genótipo x ambiente para os 5 locais, 32 genótipos e 2 anos. Seleção de Genótipos - Todos Locais.

Tabela 5. Ordenamento dos genótipos avaliados nos locais 1 e 2, onde são apresentados os efeitos genotípicos (g +ge), os valores genotípicos preditos para os respectivos locais(u+g+ge).

Estabilidade de Valores Genéticos (MHVG)			Adaptabilidade de Valores Genéticos (PRVG)				Estabilidade e Adaptabilidade de Valores Genéticos (MHPRVG)			
Ord.	Gen.	MHVG	Ord.	Gen.	PRVG	PRVG*MG	Ord.	Gen.	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	14	12304,8	1	14	1,073	12370,9	1	14	1,073	12370,4
2	32	12202,4	2	32	1,065	12271,9	2	32	1,065	12271,0
3	13	12196,4	3	13	1,064	12261,1	3	13	1,064	12260,7
4	4	12142,2	4	4	1,059	12209,3	4	4	1,059	12207,2
5	34	12140,4	5	34	1,059	12202,6	5	34	1,059	12202,3
6	6	12081,5	6	6	1,054	12146,9	6	6	1,054	12146,0
7	33	12070,6	7	33	1,053	12137,5	7	33	1,053	12136,9
8	22	12022,8	8	22	1,048	12083,6	8	22	1,048	12082,6
9	37	12016,3	9	37	1,048	12074,4	9	10	1,047	12070,5
10	10	12009,7	10	10	1,047	12071,9	10	37	1,047	12070,1

Tabela 6. Valores genéticos e limites para características rendimento de grãos.

Ordem	Genótipo	VG	Acurácia	LIIC	LSIC	Média Fenot.
1	14	12353.3	0.897	11736.5	12970.1	12531.3
2	32	12259.8	0.897	11643.0	12876.6	12417.6
3	13	12244.9	0.897	11628.1	12861.7	12399.5
4	4	12195.6	0.897	11578.8	12812.4	12339.6
5	34	12185.7	0.897	11568.9	12802.5	12327.6
6	6	12134.3	0.897	11517.5	12751.1	12265.2
7	33	12126.6	0.897	11509.8	12743.4	12255.9
8	22	12067.6	0.897	11450.7	12684.4	12184.1
9	10	12057.2	0.897	11440.4	12674.0	12171.5
10	37	12052.7	0.897	11435.9	12669.5	12166.0

Média Fenot. (Média fenotípica)

Tabela 4. Ordenamento dos genótipos avaliados nos locais 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, e 8, onde são apresentados os efeitos genotípicos (g +ge), os valores genotípicos preditos para os respectivos locais (u+g+ge).

Local	Ord.	Genótipo	g+ge	u+g+Ge	Ganho	Nova Média	Local	Ord.	Genótipo	g+ge	u+g+Ge	Ganho	Nova Média
1	1	4	849,0	11720,3	849,0	11720,3	5	1	14	852,0	12694,9	852,0	12694,9
	2	14	795,3	11666,6	822,2	11693,4		2	13	803,6	12646,5	827,8	12670,7
	3	32	780,7	11652,0	808,4	11679,6		3	32	767,6	12610,5	807,8	12650,6
	4	13	681,4	11552,6	776,6	11647,9		4	37	713,3	12556,2	784,1	12627,0
	5	33	674,6	11545,8	756,2	11627,4		5	34	680,8	12523,7	763,5	12606,3
	6	37	668,7	11539,9	741,6	11612,9		6	22	617,5	12460,4	739,1	12582,0
	7	34	655,5	11526,8	729,3	11600,6		7	6	526,0	12368,9	708,7	12551,6
	8	6	653,2	11524,5	719,8	11591,1		8	4	523,9	12366,8	685,6	12528,5
	9	17	599,9	11471,1	706,5	11577,7		9	33	514,0	12356,9	666,5	12509,4
	10	10	596,0	11467,3	695,4	11566,7		10	10	423,7	12266,6	642,2	12485,1
2	1	14	1041,6	13045,2	1041,6	13045,2	6	1	13	792,5	11457,7	792,5	11457,7
	2	13	849,2	12852,8	945,4	12949,0		2	10	755,0	11420,3	773,8	11439,0
	3	32	665,2	12668,8	852,0	12855,6		3	34	726,1	11391,4	757,9	11423,1
	4	10	632,5	12636,1	797,1	12800,7		4	14	711,3	11376,6	746,2	11411,5
	5	37	626,1	12629,7	762,9	12766,5		5	11	610,1	11275,4	719,0	11384,3
	6	34	618,7	12622,3	738,9	12742,5		6	32	574,0	11239,3	694,8	11360,1
	7	33	595,8	12599,4	718,4	12722,0		7	6	569,5	11234,8	676,9	11342,2
	8	19	540,6	12544,2	696,2	12699,8		8	17	559,4	11224,6	662,2	11327,5
	9	6	482,0	12485,6	672,4	12676,0		9	37	558,1	11223,4	650,7	11315,9
	10	11	467,2	12470,8	651,9	12655,5		10	33	550,0	11215,3	640,6	11305,9
3	1	14	856,1	13373,0	856,1	13373,0	7	1	32	865,7	11939,2	865,7	11939,2
	2	4	847,3	13364,2	851,7	13368,6		2	4	805,3	11878,9	835,5	11909,1
	3	32	837,6	13354,5	847,0	13363,9		3	14	766,7	11840,3	812,6	11886,2
	4	6	830,1	13347,0	842,7	13359,7		4	22	765,7	11839,3	800,8	11874,4
	5	13	759,7	13276,6	826,1	13343,1		5	34	746,4	11820,0	790,0	11863,5
	6	17	712,8	13229,7	807,2	13324,2		6	33	664,4	11738,0	769,0	11842,6
	7	34	684,8	13201,7	789,8	13306,7		7	13	650,5	11724,1	752,1	11825,7
	8	33	657,6	13174,5	773,2	13290,2		8	19	558,0	11631,6	727,8	11801,4
	9	37	606,1	13123,0	754,7	13271,6		9	26	533,1	11606,6	706,2	11779,8
	10	22	534,9	13051,8	732,7	13249,6		10	6	520,7	11594,3	687,6	11761,2
4	1	32	966,0	13810,5	966,0	13810,5	8	1	14	834,3	11218,1	834,3	11218,1
	2	14	904,9	13749,4	935,4	13779,9		2	37	646,7	11030,5	740,5	11124,3
	3	4	894,6	13739,1	921,8	13766,3		3	6	635,6	11019,4	705,5	11089,3
	4	33	814,3	13658,8	895,0	13739,5		4	13	620,1	11003,9	684,2	11068,0
	5	6	756,4	13600,9	867,3	13711,8		5	34	596,0	10979,8	666,6	11050,4
	6	13	719,7	13564,2	842,7	13687,2		6	4	571,4	10955,2	650,7	11034,5
	7	34	684,5	13529,0	820,1	13664,6		7	22	551,4	10935,2	636,5	11020,3
	8	10	591,6	13436,2	791,5	13636,0		8	32	541,5	10925,3	624,6	11008,4
	9	22	479,8	13324,3	756,9	13601,4		9	33	440,2	10824,0	604,1	10987,9
	10	26	466,6	13311,1	727,8	13572,4		10	9	433,3	10817,1	587,1	10970,9

