



Universidade Federal  
de São João del-Rei

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO JOÃO DEL REI  
PRÓ-REITORIA DE ENSINO  
ENGENHARIA AGRONÔMICA**

**VIRGÍNIA ALVES LACERDA**

**AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS DE MILHO NA  
SAFRINHA DA REGIÃO CENTRO-SUL DO BRASIL VIA MODELOS MISTOS**

**SETE LAGOAS – MG**

**2021**

**VIRGÍNIA ALVES LACERDA**

**AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS DE MILHO NA  
SAFRINHA DA REGIÃO CENTRO-SUL DO BRASIL VIA MODELOS MISTOS**

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado ao Departamento de Ciências  
Agrárias para obtenção do título de  
Engenheira Agrônoma.

**Orientadora: Nádia Nardely Lacerda  
Durães Parrella**

**SETE LAGOAS – MG**

**2021**

**VIRGÍNIA ALVES LACERDA**

**AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS DE MILHO NA  
SAFRINHA DA REGIÃO CENTRO-SUL DO BRASIL VIA MODELOS MISTOS**

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado ao Departamento de Ciências  
Agrárias para obtenção do título de  
Engenheira Agrônoma.

---

**Dr. Roberto dos Santos Trindade (Embrapa)**

---

**Doutoranda Bruna Lopes Mariz (UFV)**

---

**Dra. Nádya Nardely Lacerda Durães Parrella (UFSJ)**

**Orientadora**

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus gratidão por tudo!

Aos meus pais Cassia e Fausto, e minha irmã Carolina e toda minha família por estarem sempre me apoiando e incentivando o meu desenvolvimento, pela confiança e ensinamentos.

À Universidade Federal de São João Del Rei pelo ensino de excelência, pelos profissionais que contribuem ativamente para a formação profissional.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Embrapa Milho e Sorgo pela oportunidade de estágio que acrescentou ainda mais no meu desenvolvimento para formação profissional.

Ao Núcleo de Melhoramento de Milho pelo grande acolhimento e a oportunidade de aprender com vocês a forma de excelente condução de experimentos. Aos amigos lá feitos e pelos ensinamentos passados. Ao orientador Roberto Trindade, oportunidade de aprender e desenvolver os projetos do programa de melhoramento.

Aos meus amigos da Universidade, que sempre estavam presente nos momentos difíceis, dando força e me incentivando sempre fazer o meu melhor.

A Bruna Lopes, por todo companheirismo durante a faculdade, e no meu desenvolvimento pessoal e profissional.

## RESUMO

Os programas de melhoramento genético de milho visam maximizar constantemente a produtividade em distintas condições edafoclimáticas. A partir da capitalização das interações entre genótipos e o ambiente, é possível identificar cultivares superiores, estáveis e adaptadas à macrorregiões de interesse. Para isso, os genótipos candidatos são submetidos a vários ciclos de análise em rede de ensaios de valor de cultivo e uso, sendo que a seleção e o avanço de gerações são baseados em seus desempenhos agrônômicos, até detectar as melhores cultivares para o lançamento comercial. Baseado nisso, foram realizados ensaios com o objetivo de avaliar a estabilidade, adaptabilidade e ganhos seletivos em híbridos de milho na safrinha de 2019, nas regiões de Londrina-PR e Sete Lagoas-MG. Foi avaliado a produtividade 139 híbridos cultivados em delineamento de látice 7x7. Como testemunhas foi usado as cultivares AG8088, D310, D390, BRS1055 e 1F640. As análises foram feitas via modelos mistos, cujos parâmetros genéticos foram estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos valores genéticos foi feita por meio da melhor predição não viesada (BLUP). A adaptabilidade e estabilidade foi estimada pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). Os híbridos experimentais que se destacaram em termos de rendimento de grãos com base em valores genotípicos, estabilidade e adaptabilidade foram HIPEXP3, 9-1759, 9-0408, 9-0956, 9-0748 e 9-1406. O HIPEXP3 obteve o quarto maior valor genotípico capitalizando a interação GxA (6,79 ton/ha), entretanto foi o híbrido de maior média fenotípica predita (8,50 ton/ha). A acurácia seletiva dos híbridos comerciais foram de 0,80. Todos os híbridos selecionados apresentaram estimativas de novas médias genotípicas e fenotípicas muitos superiores (até acima de 50%) as previsões da safrinha 2020/2021 em relação à média nacional.

**Palavras Chave:** *Zea mays* L.; Adaptabilidade; Estabilidade; Modelos Lineares Mistos; Melhoramento genético.

## ABSTRACT

Maize breeding programs aim to constantly maximize productivity under different edaphoclimatic conditions. By capitalizing on the interactions between genotypes and the environment, it is possible to identify superior, stable cultivars adapted to the macro-regions of interest. For this, the candidate genotypes are submitted to several cycles of analysis in a network of tests of cultivation value and use, and the selection and advancement of generations are based on their agronomic performance, until the best cultivars for commercial release are detected. Based on this, tests were carried out with the objective of evaluating the stability, adaptability and selective gains in corn hybrids in the 2019 off-season, in the regions of Londrina-PR and Sete Lagoas-MG. The productivity of 139 hybrids cultivated in a 7x7 lattice design was evaluated. As controls, the cultivars AG8088, D310, D390, BRS1055 and 1F640 were used. The analyzes were performed using mixed models, whose genetic parameters were estimated by restricted maximum likelihood (REML) and the prediction of breeding values was made by means of the best unbiased prediction (BLUP). Adaptability and stability were estimated by the harmonic mean of the relative performance of genotypic values (MHPRVG) method. The experimental hybrids that stood out in terms of grain yield based on genotypic values, stability and adaptability were HIPEXP3, 9-1759, 9-0408, 9-0956, 9-0748 and 9-1406. HIPEXP3 had the fourth highest genotypic value capitalizing on the GxA interaction (6.79 ton/ha), however it was the hybrid with the highest predicted phenotypic average (8.50 ton/ha). The selective accuracy of commercial hybrids was 0.80. All selected hybrids presented estimates of new genotypic and phenotypic averages much higher (up to 50%) than the 2020/2021 off-season forecasts in relation to the national average.

**Keywords:** *Zea mays* L.; Adaptability; Stability; Mixed Linear Models; Genetical enhancement.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO .....</b>	<b>8</b>
<b>2. MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>10</b>
<b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>11</b>
<b>4. CONCLUSÃO .....</b>	<b>21</b>
<b>5. REFERÊNCIAS .....</b>	<b>21</b>

## 1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays L.*) é um dos cereais mais cultivados do mundo, devido sua extrema importância cultural e nutricional ao longo dos anos na alimentação humana e animal (Buckler e Stevens, 2005). Sua versatilidade de usos não fica restrita somente a indústria alimentícia, também ocorre devido ser fonte de matéria-prima na fabricação de subprodutos em grandes indústrias químicas, farmacêuticas, de bebidas e combustível (Borém et al., 2015; Buckler e Stevens, 2005; Cruz et al., 2008). Por isso, o milho é tratado como commodity, movimentando uma extensa cadeia produtiva (Brasil, 2009).

Dentre as commodities produzidas no Brasil o milho tem grande destaque. Nas últimas duas décadas a produção cresceu 193,55%, enquanto a área produtiva cresceu 45,79% (Artuzo, 2019). O Brasil em 2021 foi o terceiro maior produtor mundial (109 milhões de toneladas), terceiro maior país em área plantada (19,8 milhões de hectares) e o segundo maior exportador de grãos de milho (Abilho, 2021; Conab, 2021<sup>b</sup>).

A produção do milho no Brasil é dividida em primeira e segunda safras, característica essa que contribui para alta produção brasileira em relação a outros países (Filho, 2015). Na primeira safra, o semeio é concentrado na primavera/verão, na época em que as condições climáticas são mais favoráveis a cultura. Na segunda safra que é também conhecida como safrinha, o semeio ocorre no verão/outono, normalmente em sucessão a soja precoce ou superprecoce ou outro cultivo implantado no verão, em uma época menos favorável para o cultivo devido a risco de períodos de seca (Cruz et al., 2011; Galvão e Miranda, 2004; Sans et al., 2001). Além da seca, algumas regiões tornam-se muito susceptíveis à eventos climáticos extremos, como calor, geada e ventos (Borém et al., 2015). Estes eventos afetam diretamente o desenvolvimento do milho conforme o estágio fenológico em que a planta se encontra, e em consequência, acarreta prejuízos na qualidade e no rendimento dos grãos. As fases de germinação, florescimento e enchimento de grãos são as mais críticas para ocorrer eventos climáticos extremos, uma vez que a produtividade pode ser totalmente comprometida caso as cultivares sofram algum limitante ambiental (Sans et al., 2001).

Como resultado do incremento tecnológico nas cultivares e investimentos no manejo, a segunda safra de milho se tornou a principal época produtiva no Brasil, e atualmente corresponde a 70% da produção (Abimilho, 2021). Segundo a Conab (2021<sup>a</sup>), na safrinha de 2019 o Brasil alcançou produtividade média de 5,68 toneladas por hectare em uma área plantada



de 12.878 mil hectares, do qual os maiores produtores foram os estados do Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Paraná, Goiás, e Minas Gerais.

Devido a heterogeneidade de condições edafoclimáticas das regiões produtoras, os programas de melhoramento desenvolvem cultivares para superar os limitantes produtivos dessas macrorregiões na safrinha (Artuzo, 2019; Cruz et al., 2011). 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 as quais 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. Existindo uma interação significativa é possível fazer estudos para caracterizar a estabilidade e adaptabilidade pormenorizadas desses genótipos (Bastos et al., 2007). Segundo Cruz et al. (2004), programas de melhoramento de plantas devem procurar desenvolver cultivares que apresentam ampla adaptabilidade e boa estabilidade, sendo o termo adaptabilidade definido como a capacidade dos genótipos de responder à melhoria do ambiente e o termo estabilidade definido como a previsibilidade do comportamento em diferentes ambientes.

A complexidade na identificação de genótipos superiores estáveis e adaptados, é simplificada com o uso de metodologias baseadas em modelos mistos (Resende, 2006). Para se caracterizar um modelo como misto, o mesmo 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 et al., 2012).

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 fornece dados para fazer a Melhor Predição Linear não-viesada (Best Linear Unbiased Predictor - BLUP), cuja função é predição de valores genéticos (Resende et al., 2012). 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, 2006; Resende, 2007). Isso implica em comparar indivíduos ao longo do tempo e espaço, em modelos com rede de dados complexa de fenotipagem.

A Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), preconizada por Resende (2006) é um modelo que permite estimar adaptabilidade e estabilidade com base em REML/BLUP. O método MHPRVG consegue predizer em concomitância a estabilidade, adaptabilidade e o desempenho produtivo do genótipo, em uma mesma medida e escala do caráter avaliado. Essa metodologia consegue estimar a nível de indivíduo o quão adaptado e estável este se apresenta na população, de modo preciso e informativo (Yamamoto et al., 2021).

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

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

Foram avaliados 139 híbridos de milho em condições de safrinha, em três 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 (Tabela 1).

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 utilizou 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, corrigidas para 13% de umidade, e posteriormente convertidas em toneladas/hectare.

Na análise de dados, primeiramente os dados de cada um dos três ensaios foram analisados de forma conjunta, 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. A acurácia seletiva da predição dos valores genéticos foi estimada via herdabilidade ( $Ac_{gen} = \sqrt{h^2}$ ) e via variância do erro de predição dos valores genotípicos – PEV ( $Ac = \sqrt{1 - PEV / \sigma_g^2}$ ) em que  $PEV = (1 - Ac_{gen}^2) \sigma_g^2$ ). A adaptabilidade e estabilidade foi estimada pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG).

### **3. 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, 2006).

**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 safrinha de 2018.

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

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  $G \times A$  seja do tipo complexa (Alves e Resende, 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 (Alves e Resende, 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 a média brasileira nesse mesmo período de safrinha 2019/2020, que alcançou 5,46 ton/ha (Conab, 2021<sup>a</sup>).

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%, enquanto que o coeficiente de variação genotípico variou entre 10,35 e 32,72%. 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 (Alves e Resende, 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, 2006; Resende e 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 recomendado acurácias superior a 0,70 para seleção e 0,90 para recomendação (Alves e Resende, 2020).

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 seja realizada a fim de ponderar melhor as médias e os coeficientes de determinação genotípicos entre grupos de genótipos.

O ensaio 3 apresentou a maior média de estabilidade e adaptabilidade dentre os ensaios (5,44 ton/ha), seguida do ensaio 1 (5,28 ton/ha) (Figura 1). No ensaio 1 o híbrido com maior valor MHPRVG\*MG, ou seja, mais adaptado e estável para os municípios de Sete Lagoas e Londrina foi o convencional 1F640 (9,56 ton/ha), seguido do experimental 9-0408 (7,92 ton/ha) (Figura 1 - A). Os híbridos experimentais 9-0859, 9-0956, 9-1759, 9-0748, 9-1406, 9-0289, 9-0926, 9-0680, 9-0802, 9-0949, 9-1526, 9-0645, 9-0210, 9-0779, 9-0683 e 9-1438, no ensaio 1 tiveram desempenho médio 6% superior em relação ao híbrido transgênico D390, que ficou na 22ª posição segundo valor de MHPRVG\*MG.

No ensaio 2 os híbridos HIPEXP3, 9-1466 e 9-1179 foram os mais adaptados e estáveis dentre os experimentais, com valores de MHPRVG\*MG de 8,71, 6,53 e 6,20 ton/ha, respectivamente (Figura 1 - B). Os transgênicos D310 e D390 foram os mais estáveis e adaptados no ensaio 3, seguido o 9-0824 que superou o AG8088 (Figura 1 - C).

Na análise conjunta o HIPEXP3 foi o híbrido mais adaptado e estável, superando todas as testemunhas (Figura 2). A testemunha BRS1055 ficou como 15ª no ranque de valores de MHPRVG\*MG, sendo que 10 híbridos experimentais foram superiores a esse híbrido convencional. Alguns híbridos submetidos a dois ensaios individuais tiveram discrepância acentuada em adaptabilidade e estabilidade, o que refletiu em suas posições na análise conjunta, como é o caso dos híbridos: 9-0408, 9-0956, 9-1179, 9-1466, 9-0289, 9-0747 e 9-0680.

As testemunhas tanto em análise individual quanto conjunta ocuparam altos valores de MHPRVG, esse fato pode ser explicado não só por serem cultivares já melhoradas e consagradas no mercado sementeiro, mas também por usarem tecnologia transgênica, exceto o BRS1055 e 1F640. Comparando o desempenho das testemunhas com os híbridos experimentais avaliados, é possível afirmar que: os experimentais por não terem proteínas transgênicas inseticidas e herbicidas ficaram expostos a competição com agentes biológicos, e ainda assim mais da metade destes conseguiram alcançar

produtividade relativamente semelhante às testemunhas; aproximadamente 40% dos experimentais apresentam valores de estabilidade e adaptabilidade próximos as testemunhas; a superioridade de alguns híbridos neste primeiro ano de ensaio VCU, demonstra a possibilidade de seleção de genótipos promissores, estáveis e adaptados, para compor os próximos ensaios VCU em mais localidades.

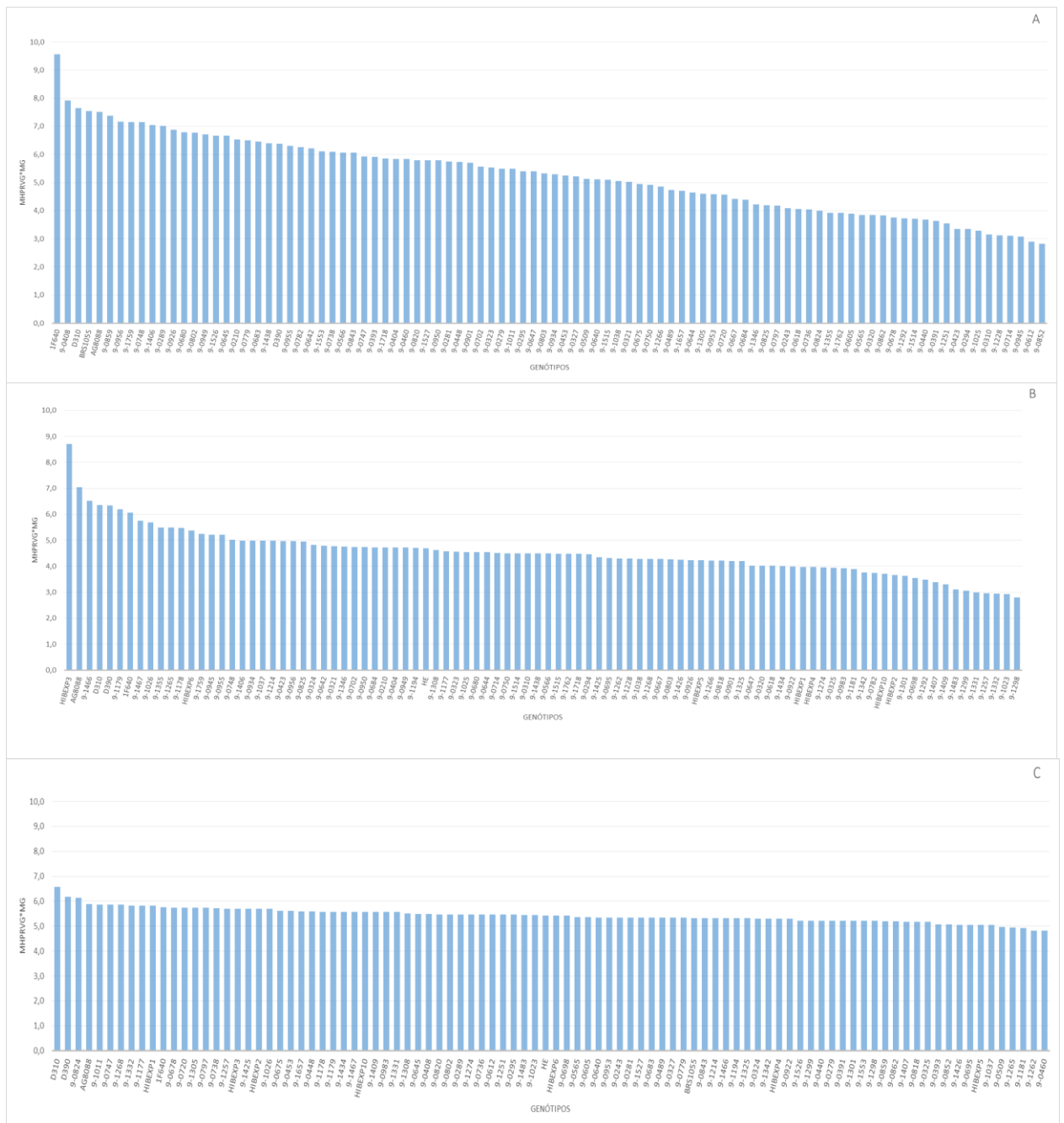
Apesar de ser o primeiro ano de reavaliação em ensaio VCU, mais da metade dos híbridos experimentais mostraram estabilidade e adaptabilidade para continuarem em ensaios de rede em mais localidades do Paraná e Minas Gerais, em condição de safrinha.

A estabilidade genotípica obtida pelo método da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) e adaptabilidade genotípica pelo método da performance relativa dos valores genotípicos preditos (PRVG), são capazes de ordenar os genótipos simultaneamente por seus valores genéticos ligados a produtividade (Bastos et al., 2007, Resende, 2006). O MHPRVG fornece, portanto, o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade. Selecionar genótipos simultaneamente por estes atributos apresenta as vantagens de: considerar os efeitos genotípicos como aleatórios, e portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; permite lidar com heterogeneidade de variâncias; considera erros correlacionados dentro de locais; fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (Resende, 2006)

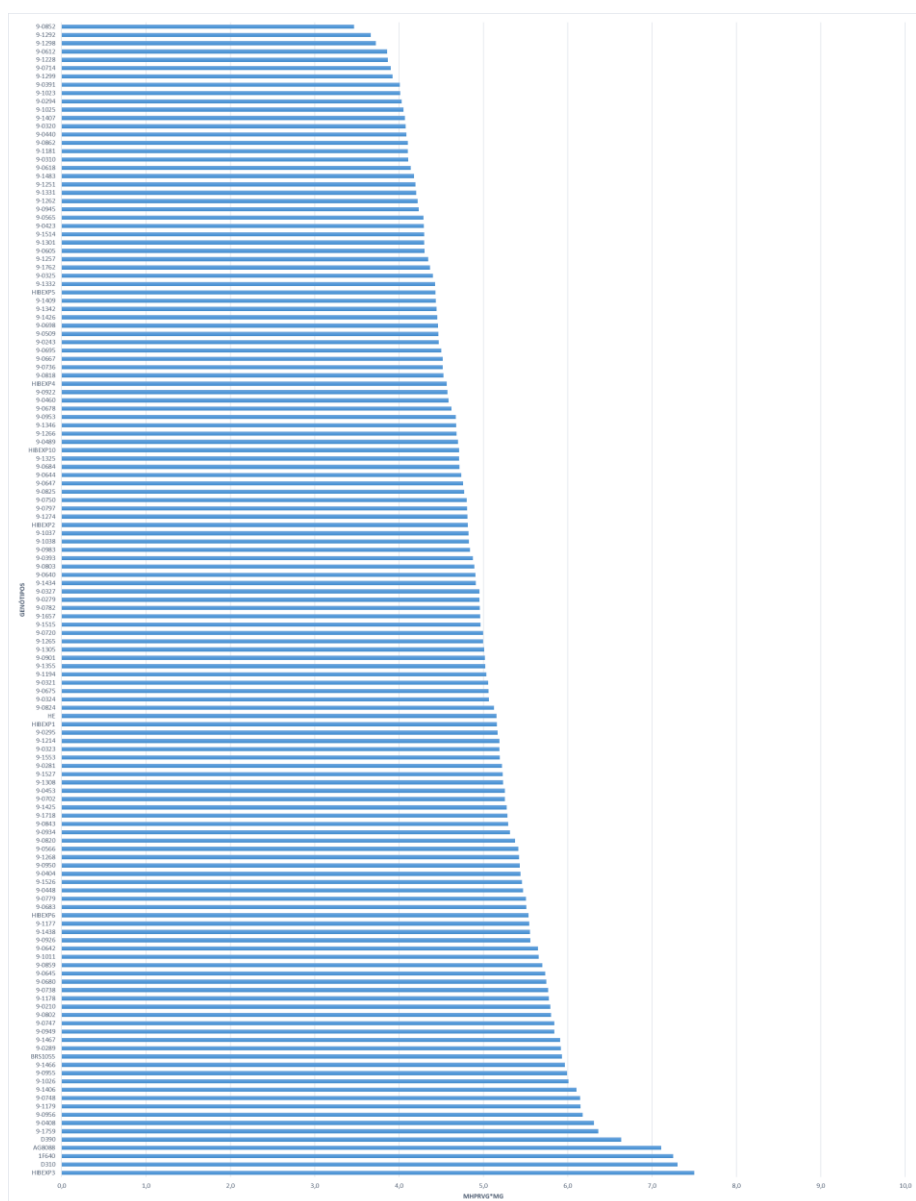
Bastos et al. (2007), recomenda que para plantios em vários ambientes com variados padrões de interação GxA, a inferência sobre produtividade esperada deve considerar valores genotípicos preditos penalizados pela instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade (MHPRVG).

Yamamoto et al. (2021) comparando metodologias que estimam a interação genótipo x ambiente, bem como a estabilidade e a adaptabilidade, reforça a superioridade do MHPRVG pela precisão, praticidade e ser mais informativa em relação a outras (métodos AMMI, GGE Biplot, Lin & Binns).





**Figura 1:** Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos multiplicada pela média produtiva geral (MHPRVG\*MG) de 139 híbridos distribuídos nos ensaios 1, 2 e 3, conduzidos em Londrina-PR e Sete Lagoas-MG, na safrinha de 2018.



**Figura 2:** Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos multiplicada pela média produtiva geral (MHPRVG\*MG) de 139 híbridos, conduzidos em Londrina-PR e Sete Lagoas-MG, na safrinha de 2018.

A seleção dos 40 híbridos mais produtivos, considerando também a estabilidade e a adaptabilidade, proporcionou ganho médio de seleção na ordem de 0,60 ton/ ha nos dois ambientes (Tabela 2). Os maiores valores de BLUPs foram dos híbridos 1F640, D310, AG8088 e HIPEXP3, que refletiram nos maiores valores genótipos, e conseqüentemente maiores ganhos preditos. Os valores genotípicos dos híbridos experimentais selecionados, indicam a possibilidade de cultivo destes em outras localidades de VCU, uma vez que esta estimativa livre da interação genótipo x ambiente contribui para média genotípica predita 15% superior à média experimental conjunta de 5,07 (Tabela 1).

O HIPEXP3 obteve o quarto maior valor genotípico capitalizando a interação GxA (6,79 ton/ha), entretanto foi o híbrido de maior média fenotípica predita (8,50 ton/ha). A acurácia seletiva dos híbridos comerciais foram de 0,80 e dos experimentais próximos a 0,61, valores semelhantes ao ensaio VCU de primeira safra realizado por Santos et al. (2021). O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outro índice de seleção combinada, exceto aquele que usa todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (índice multiefeitos), o qual é o próprio BLUP para o caso de dados balanceados (Resende, 2006).

Os valores genotípicos preditos, em conjunto com a estimativa SEP (desvio padrão do valor genotípico predito), podem ser usados para a obtenção de intervalos de confiança dos valores genotípicos por meio da expressão  $(u + g) \pm t \text{ SEP}$ , que  $t = 1.96$  é o valor tabelado da distribuição t de Student. Verificando-se a sobreposição desses intervalos de confiança pode-se inferir sobre comparações múltiplas entre genótipos baseando-se em seus valores genotípicos preditos (Resende, 2006).

Os híbridos convencionais 1F640 e o BRS1055 utilizados como testemunhas apresentaram ganhos produtivos próximos aos transgênicos, com ganhos de 1,88 e 1,14 ton/ha, respectivamente. Experimentos realizados por Santos et al. (2021) em VCU de primeira safra em quatro regiões do Acre, obtiveram ganho de 0,96 toneladas por hectare para o BRS1055.

Todos os híbridos selecionados apresentaram estimativas de novas médias genotípicas e fenotípicas muitos superiores (até acima de 50%) as previsões da safrinha 2020/2021 em relação à média nacional (4,5 ton/ha) e da região centro-sul (4,73 ton/ha).

**Tabela 2** – Seleção dos maiores valores genéticos (BLUPs) do ensaio de competição de híbridos de milho realizados em Londrina – PR e Sete Lagoas – MG, na safrinha de 2018.

Ordem	Genótipo	g	$\mu + g$	Ganho	Nova Média Genotípica	$\mu+g+gem$	Acurácia	LIIC	LSIC	Nova Média Fenotípica
1	1F640	1,88	6,95	1,88	6,95	7,33	0,80	5,98	7,91	8,00
2	D310	1,85	6,92	1,86	6,93	7,31	0,80	5,96	7,89	7,92
3	AG8088	1,69	6,76	1,81	6,88	7,11	0,80	5,80	7,73	7,67
4	HIBEXP3	1,42	6,49	1,71	6,78	6,79	0,61	5,22	7,77	8,50
5	D390	1,30	6,37	1,63	6,70	6,64	0,80	5,40	7,33	7,08
6	9-0408	0,88	5,95	1,50	6,57	6,13	0,61	4,67	7,22	7,75
7	9-1759	0,81	5,88	1,40	6,47	6,05	0,61	4,61	7,15	7,25
8	9-0956	0,70	5,77	1,32	6,39	5,92	0,61	4,50	7,04	7,00
9	9-0748	0,68	5,75	1,25	6,31	5,89	0,61	4,48	7,02	6,75
10	9-1406	0,65	5,72	1,19	6,26	5,86	0,61	4,45	6,99	6,75
11	BRS1055	0,63	5,70	1,14	6,21	5,83	0,61	4,43	6,98	7,25
12	9-1179	0,60	5,67	1,09	6,16	5,79	0,61	4,39	6,94	6,25
13	9-0289	0,59	5,66	1,05	6,12	5,78	0,61	4,38	6,93	7,00
14	9-0955	0,57	5,64	1,02	6,09	5,76	0,61	4,37	6,91	6,75
15	9-1026	0,52	5,59	0,98	6,05	5,69	0,61	4,32	6,86	6,25
16	9-0747	0,51	5,58	0,96	6,02	5,68	0,61	4,30	6,85	6,75
17	9-1466	0,51	5,57	0,93	6,00	5,68	0,61	4,30	6,85	6,00
18	9-0802	0,50	5,57	0,91	5,97	5,68	0,61	4,30	6,85	6,75
19	9-0949	0,49	5,56	0,88	5,95	5,66	0,61	4,29	6,83	6,50
20	9-0859	0,49	5,56	0,86	5,93	5,66	0,61	4,28	6,83	6,75
21	9-0738	0,46	5,53	0,84	5,91	5,63	0,61	4,26	6,80	6,75
22	9-0210	0,46	5,53	0,83	5,90	5,63	0,61	4,26	6,80	6,50
23	9-1467	0,46	5,53	0,81	5,88	5,62	0,61	4,26	6,80	6,00
24	9-0645	0,45	5,52	0,80	5,87	5,62	0,61	4,25	6,79	6,50
25	9-0680	0,44	5,51	0,78	5,85	5,60	0,61	4,24	6,78	6,25
26	9-1011	0,39	5,46	0,77	5,84	5,54	0,61	4,19	6,73	6,50
27	9-1178	0,39	5,46	0,75	5,82	5,54	0,61	4,18	6,73	5,75
28	9-0642	0,36	5,43	0,74	5,81	5,51	0,61	4,16	6,70	6,00
29	9-0926	0,34	5,41	0,72	5,79	5,48	0,61	4,13	6,68	6,00
30	9-0683	0,31	5,38	0,71	5,78	5,45	0,61	4,11	6,65	6,25
31	9-1438	0,31	5,38	0,70	5,77	5,45	0,61	4,11	6,65	6,00
32	9-0779	0,31	5,38	0,69	5,76	5,44	0,61	4,11	6,65	6,25
33	9-1526	0,29	5,36	0,67	5,74	5,43	0,61	4,09	6,64	6,25
34	9-1177	0,29	5,36	0,66	5,73	5,42	0,61	4,09	6,64	5,50
35	9-0448	0,27	5,33	0,65	5,72	5,39	0,61	4,06	6,61	6,25
36	9-1268	0,25	5,32	0,64	5,71	5,37	0,61	4,05	6,59	5,25
37	HIBEXP6	0,25	5,32	0,63	5,70	5,37	0,61	4,04	6,59	5,50
38	9-0404	0,23	5,30	0,62	5,69	5,35	0,56	3,98	6,62	6,00
39	9-0950	0,23	5,29	0,61	5,68	5,34	0,61	4,02	6,57	5,75
40	9-0566	0,22	5,29	0,60	5,67	5,34	0,61	4,02	6,56	5,75

g: Efeito Genotípico Predito;  $\mu + g$ : Valor genotípico predito;  $\mu+g+gem$ : valores genotípicos capitalizando a interação com os ambientes; LIIC/LSIC: limites inferior e superior do intervalo de confiança, respectivamente.

#### 4. CONCLUSÕES

Os híbridos experimentais que se destacaram em termos de rendimento de grãos com base em valores genotípicos, estabilidade e adaptabilidade foram HIPEXP3, 9-1759, 9-0408, 9-0956, 9-0748 e 9-1406.

#### 5. REFERÊNCIAS

- ABIMILHO - Associação Brasileira das Indústrias do Milho. **Oferta e Demanda do Milho do Brasil**. Disponível em: < <http://www.abimilho.com.br/estatisticas>>. Acesso em: ago. 2016.
- 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: 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.
- BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita**. 1ª ed. Minas Gerais: UFV, 2015. 51 p.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Cadeia produtiva do milho. MAPA, SPA, IICA. Brasília – DF. 2009.
- BUCKLER, E. S.; STEVENS, N. M. Maize origins, domestication, and selection. In: MOTLEY, T. J.; ZEREGA, N.; CROSS, H. (Ed.). Darwin's harvest. New York: Columbia University Press, 2005. p. 67- 90.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Série histórica das safras: Milho Safrinha 2020/21**. Brasília – DF. 2018. Disponível em: <

<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20>>.

Acesso em: Ago. 2021.<sup>a</sup>

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Série histórica das safras: Milho Total 2020/21.** Brasília – DF. 2018. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20>>.  
Acesso em: Ago. 2021.<sup>b</sup>

CRUZ, J. C.; KARAM, D. MONTEIRO, M. A. R.; MAGALHÃES, P. C. **A cultura do milho.** Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas – MG. 517p. 2008.

CRUZ, J. C.; MAGALHÃES, P. C.; FILHO, I. A. P.; MOREIRA, J. A. A. **Milho: O produtor pergunta, a Embrapa responde – Coleção 500 perguntas 500 respostas.** Embrapa Milho e Sorgo. Brasília – DF. 2011.

CRUZ CD, REGAZZI AJ & CARNEIRO PCS (2004) **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.** Editora Viçosa, Viçosa. 480p.

FILHO, I. A. P. **Cultivo do Milho.** Sistema de produção. Embrapa Milho e Sorgo. 9<sup>a</sup> ed. 2015. Disponível em: <[https://www.spo.cnptia.embrapa.br/conteudo?p\\_p\\_id=conteudoportlet\\_WAR\\_sistemasdeproducao](https://www.spo.cnptia.embrapa.br/conteudo?p_p_id=conteudoportlet_WAR_sistemasdeproducao)>. Acesso em: Ago. 2021.

GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de Produção do Milho.** Viçosa. 1<sup>a</sup> ed. Universidade Federal de Viçosa – UFV. Viçosa – MG. 2004.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; CARNEIRO, N. P.; PAIVA, E. **Fisiologia do milho.** Circular Técnica 22. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas - MG. 2002. Disponível em: < <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/486995>>.  
Acesso em: Ago. 2021.

RESENDE, M. D. V. O software Selegen-Reml/Blup. **Documentos Embrapa,** Campo Grande. 2006.

RESENDE, M. D. V. de, SILVA, F. F.; Lopes, P. S. Fundamentos estatísticos da seleção genética. In: RESENDE, M. D. V. de, SILVA, F. F.; Lopes, P. S. (Eds.), **Seleção Genômica Ampla (GWS) via Modelos Mistos (REML/BLUP), Inferência**

**Baysiana (MCMC), Regressão Aleatória Multivariada (RRM) e Estatística espacial.** UFV, ed. 1, pp. 7–79. 2012.

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

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, 2020. DOI: 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.

SANS, L. M. A.; ASSAD, E. D.; GUIMARÃES, D. P.; AVELLAR, G. Zoneamento de riscos climáticos para a cultura de milho na Região Centro-Oeste do Brasil e para o Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, v. 9, n. 3, p. 527-535, 2001. Disponível em: < <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/485595> >. Acesso em: ago. 2021.

SANTOS, V. B. dos.; LIMA, S. R.; MESQUITA, A. G. G.; FRANKE, I. L.; NEGREIROS, J. R. da S.; BEBER, P. M. Seleção genotípica de variedades de milho via metodologia de modelos mistos. **Scientia Naturalis**, v. 3, n.1, p. 133-147, 2021.

YAMAMOTO, E. L. M.; GONÇALVES, M. C.; DAVIDE, L. M. C.; SANTOS, A. dos; CANDIDO, L. S. Adaptability and stability of maize genotypes in growing regions of central Brazil. **Revista Ceres**, v. 68, n.3, p. 201-211. 2021. DOI: 10.1590/0034-737X202168030006