

Seleção genotípica de variedades de milho via metodologia de modelos mistos

Vanderley Borges dos Santos^{1*}, Suely Ribeiro Lima², Antônio Gilson Gomes Mesquita¹, Idésio Luis Franke³, Jacson Rondinelli da Silva Negreiros³, Paulo Márcio Beber⁴

¹Professores da Universidade Federal do Acre, Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Rio Branco, Acre, Brasil, ²Doutoranda da Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, Brasil, ³Pesquisadores da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Rio Branco, Acre, Brasil, ⁴Professor do Instituto Federal do Acre, Sena Madureira, Acre, Brasil. *vanderley.santos@ufac.br

Recebido em: 27/01/2021

Aceito em: 02/03/2021

Publicado em: 20/03/2021

RESUMO

Uma das técnicas utilizadas que tem evoluído em programas de melhoramento vegetal trata-se da análise via modelos mistos. A seleção de cultivares utilizando esta metodologia permite inferências mais precisas e realista acerca da avaliação genotípica dos genótipos superiores para de seleção. O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de milho (*Zea mays* L.) de quatro safras do programa de melhoramento da Embrapa Acre, utilizando a metodologia de modelos mistos - REML/BLUP. Os experimentos foram conduzidos no campo Experimental da Embrapa Acre. O delineamento utilizado foi em látice retangular 5x6, com duas repetições. Utilizaram-se dados de produtividade de grãos de 78 variedades testadas no ensaio Nacional de milho nos anos 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016, 2017/2018. Utilizou-se o modelo MHVG para estimar a estabilidade genotípica. Utilizou-se o software Selegem REML/BLUP para as análises estatístico-genéticas. Nos quatro anos verificou-se que as variedades não superaram as médias de produção dos híbridos. O ordenamento dos genótipos coincidiu nos quatro anos de avaliação indicando comportamento amplo das cultivares. A metodologia de modelos mistos foi eficiente na avaliação dos ensaios de valor de cultivo e uso, auxiliando na seleção e descarte de cultivares a cada ano agrícola. Os genótipos BRS 1055 e HTCMS-SP1 são os selecionados.

Palavras-chave: *Zea mays* L. REML/BLUP. Seleção de cultivares.

Genotypic selection of maize varieties via mixed models methodology

ABSTRACT

One of the techniques used that has advanced in breeding programs is the analysis using mixed models. The selection of cultivars using this methodology allows for more accurate and realistic inferences about the genotypic evaluation of the superior genotypes for selection. The objective of this work was to select corn genotypes from four harvests of the Embrapa Acre breeding program, using the mixed model methodology - REML / BLUP. The experiments were conducted in the Experimental field of Embrapa Acre. The design used was in a 5x6 rectangular lattice, with two replications. Grain yield data from 78 varieties tested in the years 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016, 2017/2018 were used. The MHVG model was used to estimate the genotypic stability. The Selegem REML / BLUP software was used for statistical-genetic analysis. In the four years it was found that the varieties did not exceed the average production of the hybrids. The ordering of the genotypes coincided in the four years of evaluation, indicating broad behavior of the cultivars. The mixed model methodology was efficient in evaluating the

cultivation and use value tests, assisting in the selection and disposal of cultivars each agricultural year. The genotypes BRS 1055 and HTCMS-SP1 are selected.

Keywords: *Zea mays* L. REML/BLUP. cultivar selection.

INTRODUÇÃO

A cultura do milho (*Zea mays* L.) desempenha um importante papel socioeconômico no agronegócio brasileiro. Em 2019 o Brasil se tornou o maior exportador mundial de milho com embarque de 44,9 milhões de toneladas (NOTÍCIAS AGRÍCOLAS, 2020). Este desempenho está ligado aos programas de melhoramento genético que tem avançado devido a pesquisas realizadas por setores públicos e privados que disponibilizam, todos os anos, germoplasmas melhorados no mercado nacional.

O setor privado assume papel relevante no melhoramento da cultura no país. Porém, empresas públicas de pesquisas como a Embrapa têm desempenhado um papel fundamental no setor, no que se refere à pesquisa e ao desenvolvimento de novos materiais genéticos, especialmente de variedades de polinização aberta. A empresa, através da Embrapa Milho e Sorgo, testa os genótipos desenvolvidos em várias regiões do país, a fim de verificar adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e recomendar cultivares.

Com o avanço da computação e pesquisas estatístico-genéticas, surgiram novas metodologias para se estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos (BORGES et al., 2010). Nesse aspecto, uma das técnicas aplicadas no melhoramento de plantas nos últimos anos trata-se da metodologia de modelos mistos ou REML/BLUP.

O método REML (Restricted Maximum Likelihood) é responsável por estimar os componentes de variância, a partir dos quais são estimados parâmetros genéticos necessários para predição dos valores genéticos ou genotípicos. Já o BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) prediz os valores genotípicos através do melhor preditor linear não viesado (RODRIGUES et al., 2013).

Um dos problemas no melhoramento genético é o conhecimento do valor genético do indivíduo, para que a seleção genotípica seja realizada com a máxima acurácia. Para uma correta seleção genotípica, os parâmetros genéticos e os componentes de variância devem ser estimados de forma acurada (GOMES JÚNIOR et al., 2015). A metodologia de modelos mistos REML/BLUP tem desempenhado um

papel fundamental no melhoramento genético de plantas, promovendo seleção genética e maior ganho genético em diversas culturas. Trabalhos com milho com uso desta técnica foram realizados por Arnhold et al., (2012), Fritsche-Neto et al., (2012), Mendes et al., (2012) e Oliveira et al., (2017^a).

Em razão da grande diversidade de cultivares disponível no mercado, torna-se interessante que o agricultor tenha a opção de adquirir sementes de variedades de polinização livre ou variedades híbridas de acordo com cada nível tecnológico. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo selecionar genótipos de milho (*Zea mays* L.), em quatro safras do programa de melhoramento da Embrapa Acre, utilizando a metodologia de modelos mistos via REML/BLUP.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no campo Experimental da Embrapa Acre, localizado no município de Rio Branco-AC, com solo tipo Latossolo Vermelho-amarelo. A área está incluída na região fisiográfica do Baixo Acre do Estado, com coordenadas geográficas de 10°01'24"S, longitude 67°42'27"W e altitude de 178 m. O clima predominante da região é do tipo Am conforme Peel et al., (2007). A temperatura média máxima foi de 30,9 °C e a mínima de 20,8 °C, com precipitação anual de 1700 mm e umidade relativa do ar em torno de 83% (AGRITEMPO, 2019).

Os delineamentos estatísticos utilizados foram em látice retangular 5x6 com duas repetições. Em todos os experimentos a unidade experimental foi composta por duas fileiras de 4 m com 22 sementes por parcela, espaçada de 0,80 m entre linhas, sendo uma semente em cada cova, de 20 em 20 cm, e duas sementes apenas na primeira e na última cova.

Em geral, foram aplicados, com base nos resultados da análise de solo adubação de 300 kg ha⁻¹ do formulado N-P-K 10-30-10 e a adubação de cobertura no estágio V4 com 200 kg ha⁻¹ do formulado 20-00-20 e uma segunda parcela de cobertura no estágio V6 com 300 kg ha⁻¹ de sulfato de amônia. A cada ano de cultivo, os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a região e condições de cultivo.

Foram utilizados os dados de produtividade de grãos das variedades utilizadas no ensaio Nacional de milho da Embrapa milho e sorgo, nos anos de 2013-2014 (plantio em 23/11/2013 e colheita em 21/03/2014); 2014-2015 (plantio em 17/12/2014 e colheita em 17/04/2015); 2015-2016 (plantio em 16/12/2015 e colheita em 18/05/2016); 2017-

2018 (plantio em 07/12/2017 e colheita em 27/03/2018) (Tabela 1). Totalizando 138 genótipos nos quatro anos e 78 que permaneceram comuns aos quatro anos.

Tabela 1 – Genótipos de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, referentes aos quatro anos, Rio Branco, Acre, 2020.

Genótipos			
2013/2014	2014/1015	2015/1016	2018/2019
Sint 10795	BRS 1055	BRS 1055	BR2121QPM
Sint 10697	BRS Caimbé	BRS Caimbé	HTC697
Sint 10707	BRS 4103	BRS 4103	Sint10771-BRS4107
Sint 10805	BR 106	BR 106	AL2015
Sint 10731	Sint 10771	Sint 10771	Sint Super Prec1
Sint 10781	Sint 10717	Sint 10717	MC 20
Sint 10723	Sint 10795	Sint 10795	BRS3046
Sint 10699	Sint 10697	Sint 10697	Sint 10717
Sint. Mult. TL	Sint 10707	Sint 10707	MC60
Sintético RxS Spod	MC 20	MC 20	HIV 2564260
BRS4104-Sint. Pro VitA	MC 50	VCREJ 201	98CV02
2E530	Sint 10781	Sint 10781	UFVM200(HS)C1
HIV0908	Sintetico 256 L	Sintetico 256 L	AL AVARÉ
AL2012	Sint 10699	Sint 10699	PC0905
AL2010	VLS BS 42C60	VLS BS 42C60	BRS Gorutuba
HDS NE 4x3 (2K1265)	Sint RxS Spod	Eldorado	HI(771xHTMV1)
BRS Gorutuba	BRS4104-Sint Pro VitA	MC 21	HTC795
Guepa	2E530	2E530	HTC707
Capo	AL2013	AL Paraguaçu	BR5037-Cruzeta-G19
Sint Super-Precoce 1	AL2014	AL 2014	HI(707xHTMV1)
Caatingueiro	AL Avaré	AL Avaré	Sint 10795-BRS4105
MG053xHA	MC 6028	MC 6028	HTCms-CAPO
MS003xHB	BRS Gorutuba	SintPF 104	PC0904
3H842	Guepa	SintPF 7008	HTC771
BRS1055	Capo	SintPF 7021	HIV 473451
BRS Caimbé	Sint Super-Precoce 1	Sint Super-Prec. 1	HTC717
BRS 4103	Sint 10783	SintPF 7031	HTCms15672
BR 106	HTCMS-SP1	HTCMS-SP1	HTC781
Sint 10771	HTCMS771	HTCMS771	CAPO
Sint 10717	HTCMS717	HTCMS717	HTC-SP1
-	HTCMS795	HTCMS795	Potiguar-G13
-	HTCMS697	HTCMS697	HSmsxHTMV1
-	HTCMS707	HTCMS707	MC 50
-	HTCMS781	HTCMS781	BRS 1055
-	HTCMS699	HTCMS699	UFVM 100(HS)C1
-	Sintetico 1X	HTMV-1	Sint10771-BRS4107

A produtividade de grãos foi determinada a partir da pesagem de todos os grãos obtidos na área útil da parcela após a secagem, trilha e limpeza de todas as plantas. O peso originalmente obtido foi submetido a correção de umidade para 13% de acordo com a expressão $P = \frac{PC(100-U)}{87}$, em que P é peso corrigido, PC é peso de grãos de campo debulhados da parcela (em gramas) e U a umidade dos grãos na ocasião da colheita.

Foi utilizada a metodologia de modelos mistos, em que os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood – REML) (RESENDE, 2016) e os valores genotípicos preditos pelo método da melhor predição linear não viesada (Best Linear Unbiased Prediction – BLUP) (HENDERSON, 1975).

Para cada ano foram realizadas análises individuais, para verificar a heterogeneidade de variância, utilizando modelo estatístico $Y=Xb+Zg+e$, em que Y é o vetor de dados, b vetor de dados dos efeitos de bloco (fixos), somados a média geral, g o vetor de dados dos efeitos aleatórios de genótipos, e vetor de erros aleatórios e X e Z representam as matrizes de incidência para os vetores b e g , respectivamente.

Foi realizada a análise conjunta considerando os genótipos e anos, de acordo com o modelo estatístico $Y=Xb+Zg+Qga+e$, em que Y = vetor de dados, b é o vetor de dados dos efeitos de bloco (fixos), somados a média geral, g o vetor de dados dos efeitos aleatórios de genótipos, ga o Vetor dos efeitos da interação genótipo x ano aleatórios e e vetor de erros aleatórios, e X , Z e Q : representam as matrizes de incidência para os vetores b , g e ga respectivamente.

Foram realizadas análises de deviance (ANADEV) afim de se testar a significância dos componentes de variância conforme os efeitos aleatórios do modelo. Para a aplicação REML/BLUP são necessárias estimativas fidedigna de componentes de variâncias (BORGES et al., 2010)

Por meio dos componentes de variância empregou-se o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que a significância do modelo foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um grau de liberdade. Para isso, foram obtidas as deviances com modelo completo e reduzido. Após, foi subtraída da deviance completa a deviance do modelo reduzido de cada efeito e comparado com o valor do qui-quadrado com um grau de liberdade, a 1% e 5% de probabilidade (RESENDE, 2007).

Foi adotado o modelo do caráter quantitativo em dada população panmítica, ignorando a epistasia dado por Resende (2001) $y = \mu + a + d + e$, em que μ : média genotípica, a : efeito genético aditivo, d : efeito de dominância e e : efeito ambiental. Seguindo, ainda conforme Resende (1999), tem-se: $\mu + a$: valor genético aditivo, $\mu + a + d$: valor genotípico e $g = a + d$: efeito genotípico.

Para a avaliação dos genótipos (acessos, cultivares, clones, híbridos, linhagens e famílias) em várias repetições – uma observação por parcela, utilizou o modelo 52 com delineamento em blocos incompletos em vários anos e uma observação por parcela – MHPRVG, com auxílio do software Selegem REML/BLUP (RESENDE, 2007).

Os valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para avaliação da estabilidade, para todos os genótipos foram obtidos conforme a expressão $MHVG = \frac{a}{\sum_{i=1}^j VG_j}$, em que a é o número de anos, VG o valor genotípico e j genótipos.

A acurácia seletiva foi obtida pela seguinte expressão $\hat{r}_{gg} = \sqrt{\frac{1-PEV}{\sigma_g^2}}$, em que PEV equivale a variância do erro de predição dos valores genotípicos e σ_g^2 a variância genotípica (RESENDE, 2002; RESENDE; DUARTE 2007).

A acurácia é medida variando de 0 a 1 considerada como muito alta ($r_{\hat{a}a} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq r_{\hat{a}a} < 0,90$), moderada ($0,50 \leq r_{\hat{a}a} < 0,70$) e baixa ($r_{\hat{a}a} < 0,50$) (RESENDE; DUARTE, 2007).

Para realização das análises genético estatístico utilizou-se o software Selegem REML/BLUP (RESENDE, 2007).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verificou-se que o efeito de genótipo foi significativo ($p < 0,01$) para a variável produtividade, refletindo a existência de variabilidade genética entre os genótipos. A interação genótipos x anos foi significativa ($p < 0,01$) indicando que os genótipos podem apresentar comportamento diferentes em cada ano de produção (Tabela 2).

Tabela 2 – Análise de deviance (ANADE^{++V}) para produtividade, em genótipos de milho em Rio Branco-AC, em diferentes anos, Rio Branco, AC, 2020.

Fonte	Deviance	LRT
Genótipo (G)	4016,34 ⁺	6,19*
Ano (A)	4026,83 ⁺	16,68**
Genótipo x Ano (G x A)	4026,03 ⁺	15,88**
Modelo Completo	4010,15	

⁺ deviance do modelo reduzido, * e **significativo pelo teste qui-quadrado, a 5% (3,84) e a 1% (6,63), respectivamente.

Na Tabela 3 está disposta a seleção genotípica para o caráter rendimento de grãos com base em todos os anos. Os 20 genótipos seguem a mesma ordem pelos valores genotípicos preditos (u+g) e os valores genotípicos médios nos diferentes anos (u+g+gem). Contudo, mesmo os valores preditos (u+g), sendo livre da interação genótipo ambiente, os valores genotípicos médios nos vários anos (u+g+gem) são superiores no estudo por capitalizar a interação média de todos os anos.

Tabela 3 – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes aos quatro anos, Rio Branco, Acre, 2020.

Ordem	Genótipos	Produtividade (kg ha ⁻¹)				
		G	u+g	Ganho	Nova média	u+g+gem
1	HTCMS-SP1	965,232	3500,266	965,232	3500,266	3572,244
2	BRS 1055	954,618	3489,653	959,925	3494,959	3560,839
3	HTCMS 771	872,820	3407,845	930,887	3465,921	3472,932
4	HTMV-1	846,548	3381,582	909,802	3444,836	3444,710
5	HTCMS 697	843,284	3378,318	896,499	3431,533	3441,203
6	HTCMS 707	704,418	3239,452	864,485	3399,519	3291,982
7	HTCMS 699	669,978	3205,012	836,698	3371,733	3254,973
8	2 E530	599,395	3134,430	807,036	3342,070	3179,127
9	3H842	555,397	3090,431	779,076	3314,111	3131,848
10	HTCMS 717	539,527	3074,562	755,121	3290,155	3114,795
11	HTCMS795	498,044	3033,078	731,750	3266,784	3070,218
12	HTCMS781	440,368	2975,402	707,468	3242,503	3008,251
13	HI(771xHTMV1)	370,890	2905,924	681,578	3216,612	2933,582
14	Sint 10699	365,108	2900,142	658,973	3194,007	2927,369
15	AL2013	349,888	2884,922	638,367	3173,401	2911,013
16	AL Avaré	292,610	2827,645	616,757	3151,791	2849,465
17	BRS 3046	292,530	2827,564	597,685	3132,719	2849,379
18	Sint10771-BRS4107	281,948	2816,983	580,144	3115,178	2838,008
19	PC0904	277,087	2812,121	564,194	3099,228	2832,784
20	HI(707xHTMV1)	241,574	2776,608	548,063	3083,097	2794,623
21	HTCms15672	222,033	2757,067	532,538	3067,572	2773,625
22	AL2010	195,308	2730,342	517,209	3052,243	2744,907
23	VLS BS 42C60	186,774	2721,808	502,842	3037,876	2735,736
24	HIV0908	185,161	2720,196	489,606	3024,640	2734,003
25	SintPF 7021	177,863	2712,897	477,136	3012,170	2726,160
26	HTCms-CAPO	164,774	2699,808	465,122	3000,156	2712,095
27	Sint 10697	142,897	2677,931	453,188	2988,222	2688,587

28	98CV02	139,157	2674,192	441,972	2977,006	2684,569
29	Sint 10717	131,948	2666,982	431,282	2966,316	2676,822
30	AL Paraguaçu	112,468	2647,503	420,655	2955,689	2655,889
31	HDS NE 4x3 (2K1265)	87,828	2622,862	409,918	2944,952	2629,412
32	HIV 2564260	63,619	2598,654	399,097	2934,131	2603,398
33	Potiguar-G13	61,195	2596,229	388,857	2923,891	2600,792
34	HSmsxHTMV1	56,893	2591,927	379,093	2914,128	2596,170
35	MC 20	42,345	2577,379	369,472	2904,506	2580,536
36	Sint 10795-BRS4105	35,847	2570,881	360,205	2895,239	2573,554
37	Sint. Mult. TL	27,481	2562,515	351,212	2886,246	2564,564
38	Sintético 1X	-17,203	2517,831	341,517	2876,551	2516,548
39	Sint 10771	-28,431	2506,603	332,031	2867,065	2504,483
40	Sint 10795	-32,473	2502,561	322,919	2857,953	2500,139
41	Sint 10781	-42,265	2492,770	314,012	2849,046	2489,618
42	Guepa	-56,114	2478,921	305,199	2840,233	2474,736
43	Sint Super-Precoce 1	-75,189	2459,846	296,353	2831,387	2454,239
44	MC60	-84,421	2450,613	287,699	2822,733	2444,318
45	BR2121QPM	-98,306	2436,729	279,121	2814,155	2429,398
46	UFVM 100(HS)C1	-114,600	2420,435	270,562	2805,596	2411,889
47	SintPF 104	-115,034	2420,001	262,358	2797,392	2411,422
48	MC 6028	-126,805	2408,229	254,250	2789,284	2398,773
49	HIV 473451	-132,485	2402,549	246,358	2781,392	2392,669
50	AL2015	-155,941	2379,093	238,312	2773,346	2367,464
51	BRS 4104 - Sint. Pro	-163,517	2371,518	230,433	2765,467	2359,324
	Vit A					
52	MC 50	-176,475	2358,559	222,608	2757,642	2345,399
53	Eldorado	-192,628	2342,406	214,773	2749,807	2328,042
54	MS003xHB	-200,879	2334,155	207,076	2742,110	2319,176
55	SintPF 7008	-217,745	2317,289	199,352	2734,386	2301,052
56	AL2012	-251,154	2283,880	191,307	2726,341	2265,151
57	Sint 10707	-267,582	2267,452	183,256	2718,290	2247,498
58	Sint 10805	-277,431	2257,604	175,313	2710,347	2236,915
59	PC0905	-292,757	2242,277	167,380	2702,414	2220,446
60	Sintético RxS Spod	-301,926	2233,108	159,558	2694,592	2210,593
61	UFVM200(HS)C1	-338,102	2196,932	151,400	2686,434	2171,719
62	Sint 10723	-375,037	2159,997	142,909	2677,943	2132,030
63	Capo	-402,443	2132,591	134,253	2669,287	2102,580
64	BR 106	-431,632	2103,402	125,411	2660,445	2071,215
65	MG053xHA	-458,162	2076,872	116,433	2651,467	2042,706

66	MC 21	-478,711	2056,323	107,415	2642,449	2020,625
67	AL2014	-494,441	2040,593	98,432	2633,466	2003,722
68	BR5037-Cruzeta-G19	-510,598	2024,436	89,476	2624,510	1986,360
69	BRS 4104 - Sint Pro	-537,125	1997,910	80,395	2615,429	1957,855
Vit A						
70	Caatingueiro	-544,303	1990,731	71,471	2606,505	1950,142
71	Sint 10731	-565,889	1969,145	62,494	2597,528	1926,946
72	SintPF 7031	-571,056	1963,978	53,694	2588,728	1921,394
73	VCREJ 201	-572,647	1962,388	45,114	2580,148	1919,685
74	Sintetico 256 L	-588,110	1946,924	36,557	2571,591	1903,068
75	BRS Gorutuba	-656,126	1878,909	27,321	2562,356	1829,980
76	Sint 10783	-659,526	1875,508	18,284	2553,318	1826,326
77	BRS Caimbé	-662,968	1872,066	9,437	2544,471	1822,628
78	BRS 4103	726,613	1808,421	0,000	2535,034	1754,237

Ao selecionar os dez genótipos em destaque, observa-se um ganho de 22,95%. Caso selecione-se apenas as duas primeiras HTCMS-SP1 e BRS 1055, o ganho seria de 27,47%. De acordo com Santos (2009) é possível se recomendar cultivares para outras regiões que não participaram da rede de ensaios, pois os valores genotípicos (u+g) são valores livres da interação genótipo x ambiente, já os valores genotípicos médios u+g+gem limitam-se aos locais de ensaios por capitalizar a interação média dos anos em que os genótipos foram avaliados. Nesse sentido pela metodologia de modelos mistos é possível ranquear os valores genotípicos identificando os materiais superiores.

Nos quatros anos de ensaio deste programa verificou-se que as variedades não superaram as médias de produção dos híbridos. Os dez primeiros genótipos selecionados são híbridos, sendo oito híbridos top-cross (obtido de cruzamento entre HS e variedade), um híbrido simples e um duplo (Tabela 3). As variedades que se destacaram na seleção foram AL avaré, AL 2013, PC 0904 e duas variedades sintéticas Sint 10699 e Sint 10771-BRS 4107 (Tabela 3).

Segundo Araújo et al., (2013) o desempenho agrônomo das variedades e híbridos é maximizado pelos diferentes níveis tecnológicos de manejo adotados. No entanto, em comparação às variedades, as sementes híbridas irão expressar seu potencial produtivo, desde que sejam submetidas a boas condições de cultivo em que eles foram obtidos (OLIVEIRA et al., 2017b). Dessa forma, muitas vezes, a recomendação de um híbrido top-cross e mesmo uma variedade, com produtividade média comparável à dos

híbridos simples podem ser mais viáveis dependendo do nível tecnológico adotado pelo produtor.

A cultivar HTCMS-SP1 foi superior a todos os demais genótipos no quesito produtividade de grãos, possibilitando um ganho de 965.232 kg ha⁻¹ (Tabela 3). Segundo Krug et al., (1943) os híbridos top-cross são pouco utilizados para cultura em grande escala, sendo, entretanto, muito utilizado para determinar a capacidade geral de combinação de linhagens.

No rank dos 20 genótipos superiores, foram selecionados apenas dois híbridos simples BRS 1055 com ganho de 959.925 kg ha⁻¹, sendo um dos destaques do trabalho, e o BRS 3046 com ganho de 597.685 kg ha⁻¹, o qual apresentou resultados inferiores a duas variedades AL 2013 e AL avaré (Tabela 3). Os híbridos simples são obtidos pela polinização induzida entre dois genitores de linhagem pura, por isso torna-se mais onerosa a produção de sementes (OLIVEIRA et al., 2017b). Segundo Emygdio et al., (2007) o potencial produtivo a cada combinação híbrida depende da qualidade dos germoplasmas utilizados e não do tipo de híbridos gerado.

Outro destaque do estudo foi a cultivar BRS 1055 que apresentou médias de produtividade altas nos quatro anos de avaliação, sugerindo sua adoção em plantios comerciais, possibilitando um ganho de 27,47% (Tabela 3). O híbrido superou as variedades e a produtividade média estadual que na safra de 2017-2018 foi de 2.042 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019). Segundo Oliveira et al., (2017b) a cultivar BRS 1055 tratar-se de um híbrido simples, com boa relação custo-benefício de sementes quando comparado a outros encontrados no mercado, além de permitir o reaproveitamento de sementes sem tantas perdas.

As variedades que se destacaram no estudo possuem base genética ampla. A variedade AL Avaré apresentou ganho genético de 616.757 kg ha⁻¹ (Tabela 3). Trata-se, portanto, de uma variedade comercial utilizada para silagem, lançada no ano de 2010, obtida do cruzamento ao acaso de cultivares de ciclo semiprecoce e normal, após diversas gerações de recombinações, seleção massal e seleção entre famílias de meio-irmãos. Possuem baixa inserção de suas espigas, estabilidade produtiva e potencial de produção de grãos superior (CATI, 2010).

Outras variedades que se destacaram foram AL 2013 e PC 0904 com ganho genético de 638.367 kg ha⁻¹ e 564.194 kg ha⁻¹ respectivamente. A variedade PC 0904 trata-se de uma variedade precoce com grãos amarelos semiduros, podendo ser uma

alternativa para a alimentação animal e produção de farinha que são atividades fortes no Estado.

Apesar da maior produção dos híbridos, as variedades sintéticas que são provenientes da recombinação de linhagens selecionadas e multiplicadas por polinização aberta, também se destacaram no ranqueamento dos 20 melhores genótipos. As variedades de destaque foram Sint 10699 e Sint10771-BRS4107 que apresentaram ganho de 658.973 kg ha⁻¹ e 580.144 kg ha⁻¹ respectivamente (Tabela 3). Uma das vantagens do uso de variedades sintéticas e a reutilização das sementes de um ano para o outro pelos produtores. No presente trabalho a variedade se mostrou superior geneticamente a duas variedades de polinização aberta AL2013 e AL Avaré, isso ocorre porque uma das exigências para obter um sintético é a utilização de linhagens com alta capacidade combinatória.

Com a finalidade de simplificar a apresentação dos resultados, constitui-se a Tabela 4, contento apenas os 20 genótipos superiores referentes à estabilidade (MHVG – média harmônica dos valores genotípicos) que foram comuns aos quatro anos de ensaios.

Tabela 4 – Média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para os 20 genótipos superiores para estabilidade e produtividade, simultaneamente, avaliado no Estado do Acre, entre as safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020.

Ordem	Genótipos	MHVG
1	HTMV-1	4034,54
2	HTCMS699	3584,37
3	HTCMS-SP1	3583,21
4	BRS 1055	3485,68
5	HTCMS771	3477,98
6	HTCMS697	3466,10
7	2E530	3343,37
8	HTCMS707	3307,38
9	SintPF 7021	3166,42
10	AL2013	3158,08
11	3H842	3142,83
12	HTCMS717	3113,49
13	AL Paraguaçu	3081,52
14	HTCMS795	3080,20
15	Sint 10699	3073,77
16	HTCMS781	3001,14
17	VLS BS 42C60	3000,03
18	AL Avaré	2844,94
19	Sint 10697	2814,96
20	SintPF 104	2786,17
...
78	BR5037-Cruzeta-G19	1416,12

Através da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) é possível se calcular a estabilidade e produtividade dos genótipos de forma simultânea. De acordo com Resende (2002), um genótipo é considerado estável quando em diferentes condições ambientais apresenta comportamento geral previsível com pequenas variações. Dessa forma, os cinco genótipos que apresentaram melhor desempenho produtivo e estabilidade foram HTMV-1, HTCMS699, HTCMS-SP1, BRS 1055 e HTCMS771 demonstrando baixa sensibilidade a fatores ambientais de um ano para o outro (Tabela 4). Os híbridos HTCMS-SP1 e BRS 1055 além de apresentarem superioridade produtiva como foi verificada no estudo, apresentam estabilidade, sendo uma importante característica na recomendação de cultivares comerciais.

Os ensaios genéticos estatísticos devem ser avaliados por meio do uso da acurácia seletiva, que considera as variações de natureza genética e residual associada ao caráter testado. Todos os valores da acurácia ficaram situados nas classes de moderada ($0,50 \leq r_{aa} < 0,70$) a alta ($0,70 \leq r_{aa} < 0,90$) inferindo que o processo de seleção foi efetivo, uma vez que todos os genótipos apresentaram valores para acurácia maior ou igual 0,57 (Tabela 5). Segundo Resende e Duarte (2007), os valores de acurácia em ensaios de VCU devem ficar acima de 0,70 ou 70%. Os 20 primeiros genótipos selecionados encontram-se próximo ou superior aos valores recomendados.

Tabela 5 – Ordem, genótipo, limite inferior e superior do intervalo de confiança (LIIC e LSIC, respectivamente) e acurácia, para produtividade de grãos (Kg ha^{-1}), dos 20 melhores genótipos de milho avaliado no Estado do Acre, entre as safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020.

Ordem	Genótipos	LIIC	LSIC	Acurácia
1	HTCMS-SP1	2888,79	4111,73	0,8319
2	BRS 1055	2947,60	4031,71	0,8706
3	HTCMS771	280,97	4009,72	0,8376
4	HTMV-1	2562,12	4201,04	0,6685
5	HTCMS697	2775,96	3980,68	0,8374
6	HTCMS707	2637,09	3841,81	0,8374
7	HTCMS699	2514,75	3895,28	0,7795
8	2E530	2526,21	3742,65	0,8339
9	3H842	2269,27	3911,59	0,6668
10	HTCMS717	2486,80	3662,32	0,8459
11	HTCMS795	2430,89	3635,26	0,8375
12	HTCMS781	2372,91	3577,89	0,8373
13	HI(771xHTMV1)	2086,41	3725,44	0,6685
14	Sint 10699	2296,49	3503,79	0,8366
15	AL2013	2065,57	3704,28	0,6687
16	AL Avaré	2225,88	3429,41	0,8377

17	BRS3046	2007,89	3647,24	0,6683
18	Sint10771-BRS4107	1997,49	3636,48	0,6685
19	PC0904	1992,29	3631,95	0,6682
20	HI(707xHTMV1)	1956,43	3596,78	0,6678
...				
78	BRS 4103	1204,35	2412,50	0,8363

Os genótipos que mais se destacaram nos quesitos estabilidade (MHVG) e que apresentaram acurácia alta foram: HTCMS-SP1, BRS1055, HTCMS771, HTCMS697, HTCMS707, HTCMS699, 2E842, HTCMS795, HTCMS795, HTCMS781, Sint 10699, AL Avaré (Tabela 5). Portanto, pode-se inferir que esses materiais apresentam alto valor em cultivos comerciais. A acurácia seletiva corrobora com excelente desempenho verificado nos parâmetros anteriores para os genótipos HTCMS-SP1 e BRS1055, cuja seleção, ao longo dos anos, foi realizada com alta precisão.

CONCLUSÃO

A acurácia seletiva, que variou de moderada a alta, evidencia que o processo de seleção dos genótipos realizados no período de 2013 a 2018 foi efetivo.

As variedades testadas nas quatro safras não superaram as médias de produção dos híbridos.

Os genótipos BRS 1055 e HTCMS-SP1 apresentam ótima estabilidade e performance produtiva, podendo ser uma alternativa de cultivo para os produtores de milho do Estado.

AGRADECIMENTOS

A Capes e a Ufac por concessão de recursos financeiros.

REFERÊNCIAS

AGRITEMPO. Sistema de monitoramento agrometeorológico. Disponível em: <https://www.agritempo.gov.br/agritempo/index.jsp>. Acesso em: 05 abr. 2019.

ARAÚJO, A. V. de; BRANDÃO JUNIOR, D. da S.; FERREIRA, I. C. P. V.; COSTA, C. A. da; PORTO, B. B. A. Desempenho agrônomo de variedades crioulas e híbridos de milho cultivados em diferentes sistemas de manejo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, n. 4, p. 885-892, 2013.

ARNHOLD, E.; MORA, F.; PACHECO, C. A. P.; CARVALHO, H. W. L. de. Prediction of genotypic values of maize for the agricultural frontier region in northeastern Maranhão, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 2, p. 151-155, 2012.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; REIS, M. S.; RESENDE, M. D. V.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantina**, v. 69, n. 4, p. 833-841, 2010.

CATI – DSMM. **Evolução das cultivares de milho variedades “AL” produzidos pela CATI**. 2010. Disponível em: http://www.infobibos.com/Artigos/2010_4/MilhoCati/Index.htm. Acesso em: 09 dez. 2019.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra 2018/2019: 3º levantamento de dezembro de 2019**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/>. Acesso em: 03 mar. 2019.

EMYGDIO, B. M.; IGNACZAK, J. C.; CARGNELUTTI FILHO, A. Potencial de rendimentos de grãos de híbridos comerciais simples, triplos, e duplos de milho. **Revista Brasileira de Milho de Sorgo**, v. 6, n. 1, p. 95-103, 2007.

FRITSCHÉ-NETO, R.; RESENDE, M. D. V.; MIRANDA, G. V.; DOVALE, J. C. Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. **Revista Ceres**, v. 59, n. 6, p. 794-802, 2012.

GOMES JUNIOR, R. A.; LOPES, R.; CUNHA, R. N. V.; PINA, A. J. A.; SILVA, M. P.; RESENDE, M. D. V. Características vegetativas na fase juvenil de híbridos interespecíficos de caiaué com dendezeiro. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 58, n. 1, p. 27-35, 2015.

HENDERSON, C. R. Beste linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, n. 2, p. 423-447, 1975.

KRUG, C. A.; VIÉGAS, G. P.; PAOLIÉRI, L. Híbridos comerciais de milho. **Bragantina**, v. 3, n. 11, p. 367-552, 1943.

MENDES, F. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; SOUZA, J. C.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; MACHADO, J. R. de A.; MEIRELLES, W. F.; SILVA, A. R. da; PARETONI, S. N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 2, p. 111-117, 2012.

NOTÍCIAS AGRÍCOLAS. **Brasil se torna o maior exportador de milho e escassez do produto em 2020 vai atrapalhar o agronegócio de SC**. 2020. Disponível em: <https://www.noticiasagricolas.com.br/noticias/milho/249604-brasil-se-torna-omaiorexportador-de-milho-e-escassez-do-produto-em-2020-vai-atrapalharoagronegocio.html#.Xl5oBahKjIU>. Acesso em: 03 mar. 2020.

OLIVEIRA, I. J. de; ATROCH, A. L.; DIAS, M.C.; GUIMARÃES, L. J.; GUIMARÃES, P. E. de O. Seleção de cultivares de milho quanto à produtividade, estabilidade e adaptabilidade no Amazonas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 6, p. 455-463, 2017a.

OLIVEIRA, I. J.; FONTES, J. R. A.; BARRETO, J. F. **BRS 1055 – Híbrido simples de milho para o Amazonas**. Manaus, AM: Embrapa Amazônia Ocidental, 2017b. (Comunicado Técnico, 126).

RESENDE, D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

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

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de espécies perenes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. M.; VALADARES-INGLIS, M. C. (eds.). **Recursos genéticos e Melhoramento - Plantas**. Fundação MT. 2001. Cap. p. 357-421.

RESENDE, M. D. V. Seleção genômica Ampla (GWS) e modelos lineares mistos. In: RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos**. Colombo: Embrapa Florestas, p. 517-533. 2007.

RESENDE, M. D. V. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamento de cruzamento e estruturas de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 1999.

RESENDE, M. D. V.; 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.

RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H.; SOUZA FILHO, G. R.; CANDIDO, L. S. Adaptability and genotypic stability of coffee arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p. 2391-2399, 2013.

SANTOS, V. B. dos. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos**. 164 f. 2009. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.