

USO DE MODELOS MISTOS PARA AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM ANÁLISE CONJUNTA DE ENSAIOS DE MILHO (*)

Roberto dos Santos Trindade⁽¹⁾, **Virgínia Alves Lacerda**⁽²⁾, **Bruna Lopes Mariz**⁽³⁾, **Nádia Narely Durães Parrella**⁽⁴⁾, **Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães**⁽¹⁾ e **Lauro José Moreira Guimarães**⁽¹⁾

Palavras-chave: *Zea mays L.*; Interação Genótipos x ambientes; Modelos Lineares Mistos; Melhoramento genético.

Quando se considera mais de um ambiente, além dos efeitos genéticos e ambientais, há um efeito adicional de interação genótipo x ambiente, quantificado em ensaios de campo em diferentes localidades, de acordo com comportamento diferencial dos genótipos na diversidade de ambientes. (Bastos et al., 2007 - <https://revistas.ufg.br/pat/article/view/3077>). A complexidade na identificação de genótipos superiores é simplificada com o uso de metodologias baseadas em modelos mistos, que permitem modelar, simultaneamente, os efeitos fixos e aleatórios (Resende & Alves et al., 2020 - DOI: 10.35418/2526-4117/v2n2a1). A metodologia de Máxima Verossimilhança Restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML) estima componentes de variância, os quais fornecem dados para fazer a Melhor Predição Linear não-viesada (Best Linear Unbiased Predictor - BLUP), para predição de valores genéticos (Resende et al., 2020 - DOI: 10.35418/2526-4117/v2n2a1). O objetivo deste trabalho foi avaliar a interação genótipo x ambiente e estimar componentes genéticos de variância via análise por modelos mistos em ensaios com híbridos de milho.

Foram avaliados 147 híbridos de milho, em ensaios semeados em Londrina – PR (10/03/2019) e Sete Lagoas – MG (16/01/2019). O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com duas repetições e parcelas experimentais de duas linhas de 4,2 m, com espaçamento de 0,7 m. Em todos os ensaios, foram utilizadas as testemunhas AG8088PRO2, DKB310PRO2, DKB390PRO2, BRS1055 e o híbrido experimental 1F640PRO2 (Embrapa). Para o plantio foram utilizados 350 kg/ha de adubo 08-28-16 e a adubação de cobertura foi realizada com 200 kg/ha de ureia, no estádio V4. Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura do milho.

Nos dois locais, a colheita foi efetuada com auxílio de colheitadeira de parcelas, com sistema de aferição de peso e umidade. Posteriormente, os dados de produção obtidos em quilos/parcela foram corrigidos para 13% de umidade e convertidos em toneladas/hectare. Para análise, foi efetuada uma análise em que todos os ensaios foram analisados em conjunto. Os parâmetros genéticos foram estimados via máxima verossimilhança restrita e a predição dos valores genéticos foi feita por meio da melhor predição não viesada, com auxílio do software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016 - <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>).

O teste de razão de verossimilhança (LRT), considerando os dois locais (Sete Lagoas, MG e Londrina, PR), o LRT foi significativo para os efeitos de genótipos, ambientes e da interação GxA (Tabela 1). 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 desempenho dos genótipos entre os ambientes (Resende & Duarte, 2007 - <https://revistas.ufg.br/pat/article/view/1867>). A estimativa de variância de interação genótipo ambiente ($I_{G \times E}$) foi de 0,8256 (Tabela 1). A correlação genotípica entre o desempenho dos híbridos

* Fonte financiadora: CNPq e FAPEMIG.

⁽¹⁾Engenheiro Agrônomo, Pesquisadores em Melhoramento Genético Vegetal da Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, km 45, Sete Lagoas-MG. E-mail: roberto.trindade@embrapa.br, paulo.guimaraes@embrapa.br, lauro.guimaraes@embrapa.br

⁽²⁾Discente do Curso de Agronomia da Universidade Federal de São João del Rei (UFSJ), Sete Lagoas – MG. E-mail: vivlacerda@hotmail.com

⁽³⁾Discente do Curso de Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa – MG. E-mail: bruna.mariz@hotmail.com

⁽⁴⁾Engenheira Agrônoma, Dra., Docente da Universidade Federal de São João del Rei (UFSJ), Sete Lagoas – MG. E-mail: nadia@ufsj.edu.br

nos dois ambientes foi moderada (0,45), o que infere que a interação GxA seja do tipo complexa (Resende & Alves et al., 2020 - DOI: 10.35418/2526-4117/v2n2a1).

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, sendo recomendado acurácia superior a 0,70 para seleção (Resende & Alves et al., 2020 - DOI: 10.35418/2526-4117/v2n2a1). A acurácia seletiva (Acgen) foi de 0,72 na análise conjunta dos dois locais (Tabela 1), demonstrando que este tipo de abordagem possibilita a recomendação de genótipos superiores dentro de um programa de melhoramento com segurança suficiente sobre a manutenção de seu desempenho nas próximas etapas de seleção.

Tabela 1 – Análise 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	Análise conjunta	
	Deviance	LRT
Repetição	1426,34	1,98
Genótipo	1450,55	21,7**
Ambiente	1495,66	63,58**
Gen x Amb	1424,69	11,94**
Modelo completo	1422,75	-
Componentes de variância		
Variância fenotípica	4,3349	
Variância genotípica	0,6661	
Variância ambiental	2,6970	
Variância $I_{(G \times E)}$	0,8256	
Variância de Bloco	0,1461	
Coeficientes de determinação		
Média Geral	5,07	
Rgenloc	0,45	
h^2g	0,15	
h^2mg	0,52	
CVg (%)	16,10	
CV(%)	32,40	
Acgen	0,72	

*** 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^2g = herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h^2mg = 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.

Conclui-se que os resultados da análise conjunta dos experimentos indicam que esta estratégia permite a seleção de híbridos que poderiam ser descartados em ensaios individuais e estimar melhor os efeitos genéticos, resultando em maior precisão na estimação de variâncias, da herdabilidade, acurácia e outros parâmetros genéticos.