

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

Trindade, R.S. ( ), Lacerda, V.A. ( ), Mariz, B.L. (3), Parrella, N.N.D. (4), Guimarães, P.E.O. (1), Guimarães, L.J.M. (1)

Pesquisador em Melhoramento Genético Vegetal da Embrapa Milho e Sorgo, Rodovia MG 424, km 45, Sete Lagoas-MG. E-mail: roberto.trindade@embrapa.br



## OBJETIVOS

Avaliar a interação genótipo x ambiente e estimar componentes genéticos de variância via análise por modelos mistos em ensaios com híbridos de milho.

## MATERIAL E MÉTODOS

Local/Ano: Sete Lagoas - MG e Londrina - PR, 2019

Delineamento: DBC com duas repetições

Tratamentos: 147 híbridos experimentais de milho, com 5 testemunhas

População Inicial: 66.666 pl.ha<sup>-1</sup>;

Semeadura: 10/03/2019 (Sete Lagoas) e 16/01/2019 (Londrina)

Adubação: 350 kg/ha de 08-28-16 e 200 kg/ha de ureia, no estádio V4.

Avaliações: produção de grãos em quilos/parcela, corrigidos para 13% de umidade e convertidos em ton/ha.

## RESULTADOS

**Tabela 1.** Análise conjunta de deviance, componentes de variância e coeficientes de correlação genotípica para ensaio de competição de híbridos de milho em Londrina, PR e Sete Lagoas, MG

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 <sub>(GxE)</sub>	0,8256	
Variância de Bloco	0,1461	
Coeficientes de determinação		
Média Geral	5,07	
Rgenloc	0,45	
h <sup>2</sup> g	0,15	
h <sup>2</sup> mg	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<sub>(GxE)</sub> = interação genótipo versus ambiente; Rgenloc = correlação genotípica entre o desempenho dos híbridos nos vários ambientes; Acgen = acurácia seletiva

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.

## CONCLUSÃO

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.

