

**AVALIAÇÃO GENOTÍPICA DE LINHAGENS
DE ARROZ DE TERRAS ALTAS VIA
METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS**

VANDERLEY BORGES DOS SANTOS

2009

VANDERLEY BORGES DOS SANTOS

**AVALIAÇÃO GENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS
ALTAS VIA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras,
como parte das exigências do Curso de Doutorado em
Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal,
para a obtenção do título de “Doutor”.

Orientador
Prof. Dr. Antônio Alves Soares

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Santos, Vanderley Borges dos.

Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos / Vanderley Borges dos Santos. – Lavras : UFLA, 2009.

153 p. : il.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2009.

Orientador: Antonio Alves Soares.

Bibliografia.

1. Oryza sativa. 2. RML/BLUP. 3. Modelo misto. 4. Adaptabilidade. 5. Estabilidade. 6. Análise deviance. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.183

VANDERLEY BORGES DOS SANTOS

**AVALIAÇÃO GENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS
ALTAS VIA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras
como parte das exigências do programa de pós-
graduação em Fitotecnia, para a obtenção do título de
“Doutor”.

APROVADA em 10 de julho de 2009

Dr. Orlando Peixoto de Morais Embrapa Arroz e Feijão

Dr. Marcos Deon Vilela de Resende Embrapa Floresta/UFV

Prof. Dr. Samuel Pereira de Carvalho UFLA

Prof. Dr. Wagner Pereira Reis UFLA

Prof. Dr. Antônio Alves Soares
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL

Mensagem

...O que procura no homem a significância da vida procura uma desilusão, pois os homens nada são exceto em sua relação com DEUS. Não centralizes teu coração na humanidade, pois que ela é quimera, miragem. Houve os que glorificaram o homem, os que elevaram a humanidade como um absoluto em si própria; eles declaram com veemência que o homem só tem valor em suas manifestações externas. Este ensinamento alcançou quase todos os países civilizados, para mal deles, pois a lei de justiça e misericórdia não tem raízes nos homens, mas em DEUS, e sem ELE os homens realmente não podem existir, sem ELE que os fez. O homem é apenas um receptáculo da graça; não é a própria graça...

Do livro Médico de homens e de almas de Taylor Caldwell (Editora Record)

A meus pais, José Borges e Rosiete dos Santos Borges.

A meus irmãos, Wellington, Silvania e Suzy e a minha sobrinha Natália,

DEDICO

A Paulo Vanderlei Ferreira, professor, amigo e eterno mestre.

A Joel Borges, tio e amigo.

A todos os familiares.

Aos amigos que encontrei nessa longa trajetória

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A DEUS, fonte de minha vida.

Aos meus pais, pelo apoio e confiança

Ao CNPq, pelo financiamento do curso e à Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade de realização do doutorado, especialmente ao Departamento de Agricultura (DAG).

As parceiras Embrapa Arroz e Feijão, Epamig e UFLA, pelos dados objeto desse trabalho.

Ao orientador Antonio Alves Soares, pela orientação, amizade e confiança.

A Marcos Deon Vilela de Resende, pela coorientação, simplicidade e amizade.

Aos professores Samuel Pereira de Carvalho (DAG), João Cândido e Magno Antonio Ramalho (DBI), Telde Natel Custódio (DAG), Júlio Silva Bueno Filho e Daniel Furtado Ferreira (DEX/UFLA), pela amizade.

Aos colegas do DEX-UFLA, Altemir e Edcarlos (do Acre), Denise e Ricardo (da Paraíba); do curso de Melhoramento Genético de Plantas e da Fitotecnia, pela amizade e confiança.

Aos amigos e companheiros alagoanos Jessé Marques, Edvânia Pontes, José Wilson, Jessé Valentin e Willian José.

Aos funcionários da Biblioteca da UFLA, especialmente Tião e Ana, pela paciência e ajuda nas horárias em que necessitei de periódicos.

Às secretárias da pós-graduação em Fitotecnia, Marli e Nelzi

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	i
ABSTRACT	iii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	5
2.1 Interação genótipos x ambientes (IGA).....	5
2.2 Estudos de adaptabilidade e estabilidade em ensaios multilocais.....	9
2.3 Teoria dos modelos mistos.....	15
2.3.1 Considerações gerais.....	15
2.3.2 Algumas considerações sobre BLUP.....	22
2.3.3 Algumas considerações sobre REML.....	28
2.4 Avaliação de adaptabilidade e estabilidade genotípica usando modelos mistos.....	36
2.4.1 Detalhes sobre MHVR, PRVG e MHPRVG.....	39
2.5 Estimativas da significância dos efeitos do modelo.....	41
2.6 Acurácia de seleção.....	42
2.7 Progresso genético.....	44
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	50
3.1 Locais de condução dos experimentos.....	50
3.2 Cultivares e linhagens avaliadas.....	52
3.3 Condução dos experimentos no campo.....	55
3.4 Modelo estatístico e análises.....	55
3.5 Estimativas da significância dos efeitos do modelo.....	58
3.6 Estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância.....	58
3.7 Estimativas dos valores de MHVG, PRVG e MHPRVG.....	60
3.8 Acurácia de seleção.....	61
3.9 Progresso genético.....	61
4 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	63
4.1 Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos.....	63
4.2 Análise de deviance para a significância dos efeitos do modelo.....	67
4.3 Interação genótipos x locais.....	69
4.4 Seleção genotípica – Todos os locais.....	71
4.5 Seleção genotípica por local.....	74
4.6 Estabilidade dos valores genotípicos / MHVG.....	81
4.7 Adaptabilidade de valores genotípicos / PRVG.....	83

4.8 Estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos / MHPRVG	85
4.9 Acurácia de seleção	89
4.10 Progresso genético.....	93
5 CONCLUSÕES.....	98
6 REFERÊNCIAS	100
ANEXOS.....	112

RESUMO

SANTOS, Vanderley Borges dos. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos**. 2009. 153 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.*

Em programas de melhoramento genético de plantas, linhagens são constantemente avaliadas em diversos ambientes, com o propósito de verificar o comportamento diferencial em resposta às diversas variações ambientais. Para tanto, a seleção deve ser baseada em modelos estatísticos e biométricos, o mais acurados possível, para que os programas sejam eficientes. Uma alternativa é o método dos modelos mistos, denominado *restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction*, ou REML/BLUP, que estima valores genotípicos e não fenotípicos. Utilizando valores genotípicos, é possível realizar seleção genética e estimar a acurácia seletiva, o progresso genético e estudos de estabilidade e adaptabilidade associados à produtividade numa única medida e na mesma escala do caráter avaliado. Dessa forma, este trabalho foi realizado com o objetivo de realizar estudos de avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas, testadas nos ensaios de VCU de Minas Gerais, no período 1997 a 2008, empregando-se metodologia de modelos mistos. Foram utilizados dados de 107 cultivares e linhagens, de 11 locais e 11 anos agrícolas, obtidos do programa de melhoramento desenvolvido em parceria pela UFLA, Epamig e Embrapa Arroz e Feijão. Utilizou-se a análise de deviance para verificar a significância dos efeitos de genótipos e suas interações com locais e anos. Para a avaliação da estabilidade e da adaptabilidade, empregaram-se os métodos da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) e da performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), respectivamente. Para estimar estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente, utilizou-se o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). O progresso genético foi estimado utilizando-se os valores genotípicos médios das cultivares e linhagens testadas em cada ano agrícola. A precisão dos valores genotípicos foi verificada utilizando-se a acurácia de seleção. Constatou-se, pela análise de deviance, que os efeitos de genótipos, genótipos x locais e genótipos x anos foram estatisticamente significativos, evidenciando diferenças entre os genótipos e no comportamento deles nos diversos ambientes. As correlações genotípicas por meio dos ambientes, estimadas por r_{gl} , r_{ga} , r_{gl_a} , r_{ga_l} , r_{gl_ma} , r_{ga_ml} e r_{gla} , apresentaram magnitudes que oscilaram de média a alta,

* Comitê Orientador: Dr. Antonio Alves Soares – UFLA (Orientador), Dr. Marcos Deon Vilela de Resende – Embrapa/UFV.

sugerindo a predominância da interação simples, porém, com algum ordenamento diferenciado dos genótipos nos vários locais. Destacaram-se como mais estáveis as linhagens e cultivares Curinga-3, CNA 8983, Guarani, BRSMG Caravera e CNA 8824. Com relação às linhagens mais adaptadas e de maior estabilidade e produtividade de grãos, simultaneamente, destacaram-se a BRSMG Caravera, Curinga-3, MG 1089, MG 1097 e CNA 8436. O ganho genético total acumulado no período foi de $-42,87 \text{ kg ha}^{-1}$, resultando em ganho anual médio de $-0,12\%$. Conclui-se que: (i) o uso da metodologia de modelos mistos, por meio das estatísticas de MHVG, PRVG e MHPRVG, mostrou ser de fácil aplicação e de grande utilidade na avaliação de ensaios de VCU, sobretudo na seleção e no descarte de linhagens; (ii) a acurácia seletiva é a principal estatística de avaliação da precisão experimental em ensaios de VCUs; (iii) o progresso genotípico médio ao longo dos anos para produtividade de grãos, ocorrido de 1997 a 2008, foi praticamente nulo, contudo, as cultivares lançadas nesse período se mostraram superiores àquelas que as precederam e (iv) a cultivar BRSMG Caravera foi o grande destaque, tendo sido a que apresentou maior estabilidade, adaptabilidade e produtividade de grãos simultaneamente, indicando que seu cultivo em Minas Gerais é seguro numa ampla diversidade de ambientes.

ABSTRACT

SANTOS, Vanderley Borges dos. **Evaluation genotypic of the lines dryland rice using mixed models methodology**. 2009. 153 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.*

In crop breeding for plants, lines are constantly evaluated in different environments in order to verify the differential in response to various environmental changes. Thus, the selection should be based on statistical models and biometrics, the most accurate possible so that programs are effective. An alternative is the method of mixed models, known as Restricted Maximum Likelihood / Best Linear Unbiased Prediction, or REML / BLUP, which estimates values genotypic and phenotypic no. Using genotypic values, it is possible to estimate the selection and accuracy selection, genetic progress and studies of stability and adaptability associated with productivity in a single measure on the same scale and character assessed. Thus, this work was carried out to study the evaluation of genetic lines of upland rice, tested in the trials of VCU in Minas Gerais in the period 1997 to 2008, using methodology of mixed models. We used data of 107 cultivars and lines of 11 local and 11 years farming, from the breeding program developed by UFLA, Epamig and Embrapa Arroz e Feijão. Was used the analysis of deviance to verify the significance of the effects of genotypes and their interactions with sites and years. For the evaluation of stability and adaptability, was used the methods of the harmonic mean of genotypic values (HMGV) and performance on the genotypic values (PRGV), respectively. To estimate stability, adaptability and productivity while using the method of harmonic means performance on the genotypic values (HMPRGV). The genetic gain was estimated using the genotypic mean values of cultivars and breeding lines tested in each season. The accuracy of genotypic values was verified using the accuracy of selection. It was found by analysis of deviance, that the effects of genotypes, genotype x sites and genotypes x years were statistically significant, indicating differences between the genotypes and their behavior in different environments. The genotypic correlations through environments, estimated by r_{gl} , r_{ga} , r_{gl_a} ,

* Guidance Committee: Dr. Antonio Alves Soares – UFLA (Major Professor), Dr. Marcos Deon Vilela de Resende – Embrapa/UFV.

rga_l, rgl_ma, rga_ml and rgl_a showed magnitudes that ranged from medium to high, suggesting the predominance of simple interaction, but with a different ranking of genotypes across locations. Stood out as the most stable cultivars and lines Curinga-3, CNA 8983, Guarani, BRSMG Caravera and CNA 8824. Regarding lines upgraded and more and more stable grain yield, while it highlighted the BRSMG Caravera, Curinga-3, MG 1089, MG 1097 and CNA 8436. The cumulative total genetic gain in the period was - 42.87 kg ha⁻¹, resulting in average annual gain of - 0.12%. It is concluded that: (i) the use of the methodology of mixed models, using statistics from HMGV, PRGV and HMPRGV, proved to be easily applied and useful in the evaluation of testing for VCU, especially in the selection and disposal of strains (ii) the accuracy is the primary selective assessment of statistical precision of experimental tests of VCUs, (iii) the average genotypic progress over the years for yield, which occurred from 1997 to 2008, was practically null, however, the cultivars released in this period were higher than those that preceded them, and (iv) the cultivated BRSMG Caravera was high and was presented the highest stability, adaptability and grain yield simultaneously, indicating that its cultivation in Brazil is a large insurance diversity of environments.

1 INTRODUÇÃO

O sucesso de qualquer programa de melhoramento é medido pela velocidade com que as características da espécie de trabalho caminham rumo às metas desejadas e são alteradas. Esse sucesso é dependente, essencialmente, das técnicas de seleção adotadas, pois são elas que determinam a velocidade, dentro dos limites inerentes à espécie vegetal. Além disso, no melhoramento de plantas, as técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental, pois permitem a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando seleção mais acurada.

Sendo assim, para tais métodos, modelos devem ser estruturados de modo que cada vez mais o programa de melhoramento seja eficiente e acurado, desde a seleção de genitores para cruzamentos até o lançamento de cultivares, fase mais crucial do programa. É, portanto, vital, que os métodos estatísticos, utilizados para delinear e analisar dados e para a avaliação do programa, sejam acurados, eficientes e informativos o quanto possível (Smith et al., 2005).

As técnicas de análises estatístico-genéticas, ao longo do tempo em programas de melhoramento (especialmente vegetal), têm sido realizadas com base nos pressupostos de Fisher (método Anova), desenvolvidos, como se sabe, no início do século XX. Mesmo que, de lá para cá, graças aos avanços da ciência computacional, muitas outras técnicas de modelar e analisar tenham surgido, ainda se considera-se que sejam poucos os trabalhos que utilizam tais técnicas na prática. Uma das técnicas de melhoramento de plantas que tem evoluído bastante nas últimas décadas é a análise realizada por meio de modelos mistos, também chamada método REML/BLUP (Mrode, 2005).

REML, do inglês *restricted maximum likelihood* (ou máxima verossimilhança restrita ou residual), estima componentes de variância

necessários nesse modelo e BLUP, sigla para *linear unbiased prediction* (melhor preditor linear não viesado), estima o valor genotípico. Por meio dessa técnica, os valores genotípicos, considerados como de efeitos aleatórios, são preditos por meio do BLUP e os efeitos de blocos, ambientes e outros, quando considerados como fixos, são estimados por meio do *best linear unbiased estimator* (melhor estimador linear não viesado) ou BLUE.

As técnicas de avaliação genética envolvem, simultaneamente, predição de valores genéticos e estimação de componentes de variância. A seleção genética é realizada com base nos parâmetros genéticos, daí a importância em conhecê-los. Por sua vez, os componentes de variância são importantes para a predição dos valores genéticos e nos métodos de seleção. Para que a seleção seja eficiente e acurada, os parâmetros genéticos e os componentes de variância devem ser estimados com a maior precisão e acurácia possíveis, sendo o método REML/BLUP o procedimento mais indicado e já amplamente utilizado. A estimação de parâmetros genéticos associados à seleção no contexto da ANOVA, em melhoramento de plantas anuais, é descrita em várias obras publicadas no Brasil (Vencovsky & BARRIGA, 1992; Ramalho et al., 1993; Ramalho et al., 2000; Cruz et al., 2004). Entretanto, no contexto de modelos mistos ainda é pouco citada e, sobretudo, pouco utilizada (Resende, 2002, 2007a).

Outra forma de avaliar a eficácia da seleção genética é por meio da acurácia seletiva, que avalia a proximidade entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos (Vleck et al., 1987) que, de modo geral, não são iguais. Quanto maior a acurácia na avaliação de um indivíduo, uma progênie, uma linhagem e outros, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito destes. Como é uma medida que está associada à precisão na seleção, a acurácia é o principal elemento do progresso

genético, em que o melhorista pode atuar visando maximizar o ganho genético (Resende, 2002a).

Com relação ao progresso, este tem sido avaliado com base em valores fenotípicos obtidos pelo método da Anova. Utilizando modelos mistos, com a obtenção dos valores genotípicos, podem-se obter os ganhos genéticos e as novas médias de todos os genótipos avaliados, permitindo que os melhoristas simulem os ganhos genotípicos com a seleção de uma determinada quantidade de genótipos. Outra contribuição do uso de modelos mistos, especialmente em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), é a estimativa dos valores genotípicos médios para cada genótipo, possibilitando a avaliação do progresso genético ao longo dos anos. Isso permite ao melhorista avaliar a eficiência de seu programa de melhoramento e efetuar os ajustes necessários. Estimando-se o progresso a partir de valores genotípicos e não fenotípicos, obtém-se uma medida mais real do ganho genético e é possível saber se o programa está sendo eficiente no desenvolvimento de novas linhagens, além da recomendação de cultivares melhoradas.

No caso de estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, diversos métodos têm sido desenvolvidos ao longo dos anos, a fim de esclarecer de forma simples e fácil os efeitos da interação genótipos x ambientes, para facilitar os trabalhos dos melhoristas e fitotecnistas durante o lançamento de novas cultivares. Nesses estudos sempre se utilizaram modelos baseados no método dos quadrados mínimos (ANOVA de Fisher), os quais, dentro de certos limites, atendem bem aos propósitos dessas análises.

Métodos de estudos de adaptabilidade e estabilidade com base em modelos mistos ainda são raros. No entanto, alguns trabalhos baseados em predição de valores genotípicos por BLUP e no seu uso a fim de melhor recomendar cultivares têm sido realizados (Purba et al., 2001; Yan & Rajcan, 2003; Piepho & Möhring, 2005; Mora et al., 2006). Um modelo alternativo, que

usa REML e BLUP em estudos de adaptabilidade e estabilidade, é a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), preconizado por Resende (2004). Esse método fornece, simultaneamente, a adaptabilidade, a estabilidade e a produtividade numa mesma medida e na mesma escala do caráter avaliado. Como utiliza REML/BLUP, trabalha com os valores genotípicos e não fenotípicos, o que o torna promissor para estudos dessa natureza (Bastos et al., 2007).

O objetivo deste trabalho foi a avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas, testadas nos ensaios de VCU de Minas Gerais, no período 1997 a 2008, empregando-se metodologia de modelos mistos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Interação genótipos x ambientes (IGA)

Fatores ambientais exercem maior influência sobre características quantitativas do que em características qualitativas. Isto sugere que, nos programas de melhoramento genético de plantas, sejam realizados testes de cultivares em múltiplos locais e anos, a fim de se avaliar o comportamento dessas cultivares frente às diferenças entre e dentro de ambientes, caracterizando-se num estudo da interação de genótipos com ambientes.

Vencovsky & Barriga (1992) salientam que é importante o conhecimento do fenômeno da IGA, seja do tipo genótipos x locais, genótipos x anos ou mesmo outros, pois este orienta o planejamento e a adoção de estratégias do melhoramento na recomendação de cultivares, além de ser determinante na questão da estabilidade fenotípica das cultivares para uma região. Assim, o perfeito conhecimento da interação GA é de extrema importância nos programas de melhoramento, pois é graças a esse conhecimento que se tornam possíveis a seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, a escolha de locais de seleção e a determinação do número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados durante a seleção (Fox et al., 1997).

A interação de genótipos com ambientes é considerada um fenômeno natural e que faz parte da evolução das espécies, estando associada a fatores fisiológicos e bioquímicos de cada cultivar. Segundo Vencovsky & Barriga (1992), a IGA é de natureza genética, mas não no sentido usual e sim da decorrência de instabilidades das manifestações genotípicas entre ambientes. Diante disso, o comportamento dos genótipos em relação ao ambiente deve merecer especial atenção, devido à sua interferência nos processos de seleção. Por esta razão, torna-se importante o conhecimento dessas interações,

especialmente na aplicação dos estudos de estabilidade fenotípica ou genotípicas das espécies.

No melhoramento, a ocorrência de interação GA significativa não é desejável, pois a presença dessa interação aumenta o desvio padrão fenotípico e reduz a herdabilidade ao longo dos ambientes, diminuindo assim os ganhos genéticos potenciais. Como o propósito de um programa de melhoramento genético de plantas é selecionar genótipos estáveis e de elevada produtividade em diversos ambientes, de diferentes condições edafoclimáticas e de manejo cultural, a interação representa um problema, exigindo eficiência na análise e que comparações de metodologias sejam realizadas para se escolher a mais apropriada, a fim de tornar a recomendação de materiais mais adequada. Mesmo assim, Vencovsky & Barriga (1992) ressaltam que, havendo interação GA, pode-se capitalizar ou tirar proveito dela, selecionando ou recomendando genótipos em função do seu grau de adaptação aos ambientes.

A interação de genótipos com ambientes, segundo Vencovsky & Barriga (1992), Ramalho et al. (1993) e Cruz et al. (2004), ocorre quando respostas diferentes para um dado caráter são observadas entre os genótipos com as variações ambientais, sendo essa interação composta de uma parte simples e outra complexa. A parte simples deve-se às diferenças na variabilidade genética dentro dos ambientes (representada por $[0,5(\sigma_{G1} - \sigma_{G2})^2]$) e a complexa é devido à falta de correlação linear entre o comportamento dos genótipos de um ambiente para outro (representada por $[\sigma_{G1}\sigma_{G2}(1-r_{12})]$) (Cruz & Castoldi, 1991).

É fácil notar que a segunda parte é a mais problemática para trabalhos de melhoramento vegetal, pois, de acordo com Vencovsky & Barriga (1992), uma baixa correlação entre um mesmo genótipo, testado em pelo menos dois ambientes, significa que o mesmo pode ser superior em um, mas pode não sê-lo

no outro. Isto é, a interação complexa indica inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental (Cruz et al., 2004) que torna, evidentemente, mais difícil a seleção e/ou a recomendação destes.

Cruz et al. (2004) descrevem com detalhes a partição do quadrado médio da interação de genótipos x pares de ambientes, sob o aspecto genético, considerando os efeitos de ambientes como sendo aleatórios e como sendo fixos. Utilizando estudos de simulação, Cruz & Castoldi (1991) sugerem uma decomposição para essa mesma interação, na qual, além de uma ponderação mais eficiente para a contribuição da correlação e da diferença de variabilidade genotípica nos ambientes, é possível obter a percentagem da parte complexa em relação ao total da interação. De acordo com esse procedimento, há predominância da parte simples quando $r_{12} > 0,8$ e complexa quando $r_{12} < 0,2$, sendo r_{12} a correlação linear entre o ambiente 1 e o ambiente 2, para um dado caráter. Vale salientar que neste trabalho utilizaram-se valores fenotípicos.

Apesar de ser de grande importância para o melhoramento, uma simples análise da interação GA não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Portanto, devem ser realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2004). Como ressaltam Fox et al. (1997), é importante escolher locais para seleção, verificar o nível de estresses nos ambientes, tão importantes nas fases iniciais de seleção e determinar o número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados em cada fase.

Vencovsky & BARRIGA (1992) destacam que, em estudos de interação, não somente a grandeza da variabilidade de determinado caráter entre os ambientes é o que importa, mas também o padrão ou organização dessa variabilidade. Assim, a simples análise conjunta da variância não esclarece tais

pontos e, pelas metodologias de análises de adaptabilidade e estabilidade, cada tratamento é classificado não só pelo seu desempenho médio nos ensaios, mas também pela sua estabilidade e/ou adaptabilidade.

Existem várias opções para atenuar os efeitos dessa interação e assegurar a recomendação de cultivares, tais como: (i) identificar genótipos específicos para cada ambiente; (ii) promover subdivisões de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes (realização do zoneamento ecológico), de modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes e (iii) identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica (Vencovsky & Barriga, 1992; Ferreira, 2006).

Dentre as opções citadas acima, a opção (iii) é a mais importante e ao mesmo tempo mais plausível, pois requer somente estudos sobre o desempenho genotípico com base em parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, pelos quais, como já afirmado, é possível identificar genótipos de comportamento previsível frente às variações ambientais em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2004). Nesse sentido, a preferência deve recair sobre a utilização de métodos acurados, como REML/BLUP, pois o que se obtém com o seu emprego são os valores genotípicos preditos livres de todos os efeitos ambientais identificáveis.

2.2 Estudos de adaptabilidade e estabilidade em ensaios multilocais

É vasta a literatura ressaltando estudos das interações GxE em diversas culturas, como também muitos são os modos de análises. As metodologias de estudo da interação GxE passaram pela mais tradicional (método da ANAVA conjunta), pelos métodos baseados em regressão (linear simples, bilinear e não-linear), pelos métodos não-paramétricos, pelos métodos multiplicativos e pelos métodos multivariados, os quais podem ser vistos com detalhes em Cruz & Carneiro (2003), Cruz et al. (2004), Kang & Gauch (1996) e Kang (2002), até os mais atuais, baseados em modelos mistos (Resende, 2007a) e os bayesianos (Mora et al, 2006; Molina, 2007).

O método tradicional tem sido pouco utilizado e isso se deve ao fato de ele não fornecer uma indicação adequada da resposta dos genótipos aos diferentes ambientes nos quais são cultivados. Além disso, o conceito de estabilidade nesse método não é apropriado para se avaliar o padrão de comportamento dos genótipos frente às variações ambientais. Além disso, conforme Cruz et al. (2004), não há estimativa da adaptabilidade dos materiais e nem informações de direcionamento das respostas dos genótipos aos diferentes tipos de ambiente. O método tem, no entanto, a grande vantagem de poder ser utilizado em uma pequena quantidade de ambientes (no mínimo três). Outros métodos baseados na ANAVA foram desenvolvidos, os quais apresentam grande praticidade, como, por exemplo, o de Lin & Bins (1988) e o de Annicchiarico (1992).

A regressão linear tem sido também bastante utilizada, pelo fato de identificar genótipos mais adaptados e estáveis, e poder ser aplicado com sucesso a um número suficientemente grande de ambientes, proporcionando comparações estatísticas válidas. Porém, sendo a regressão linear simples um modelo aditivo, há riscos de não se descrever satisfatoriamente o comportamento dos genótipos nos ambientes, além de ser dependente do grau de

influência dos efeitos ambientais sobre os genótipos (Yau, 1995; Rocha, 2002; Molina, 2007). Outro inconveniente, no caso do método de regressão linear de Eberhart & Russel (1966), é sua limitação a um número de ambientes de máximo sete (Cruz et al., 2004).

Crossa (1990) ressalta que o modelo de Eberhart & Russel (1966) explica muito pouco a heterogeneidade da regressão e pode falhar nos casos em que ocorrem grandes diversidades ambientais, sendo fortemente dependente do grupo de genótipos e ambientes incluídos. Tende, ainda, a simplificar modelos de resposta por explicar a variação devida à interação em uma única dimensão, quando, na realidade, ela pode ser bastante complexa, alertando para o risco de sacrificar informações relevantes, para facilitar interpretações estatísticas e biológicas.

Diante das limitações da regressão linear simples, correções e ampliações nesse modelo têm surgido. A primeira deve-se a Verma et al. (1978), que propuseram um modelo de regressão bissegmentado (ou bilinear) (Cruz et al., 2004). O método mede a sensibilidade dos genótipos em duas faixas de ambientes, uma favorável e outra desfavorável, sendo o genótipo ideal aquele que apresenta alta produtividade associada com alta estabilidade em ambientes desfavoráveis e capaz de responder satisfatoriamente às condições favoráveis de ambiente. O defeito dessa metodologia, apesar de muito contundente, é a limitação de não ser aplicada em pequeno número de ambientes.

Visando melhorar o modelo bissegmentado, Silva & Barreto (1985) e Cruz et al. (1989) fizeram alguns aprimoramentos, do ponto de vista estatístico. Detalhes a esse respeito podem ser encontrados em Cruz et al. (2004) e Cruz et al. (1989).

No campo da estatística não-paramétrica, algumas metodologias têm surgido e também têm sido utilizadas com frequência no melhoramento genético de plantas. Os métodos não-paramétricos possuem certas vantagens em relação

aos paramétricos, como (Hühn, 1990): eliminação ou redução da tendenciosidade causada por pontos que ficam fora da equação de regressão ajustada; dispensar hipóteses sobre a distribuição dos valores fenotípicos; ser de fácil uso e interpretação e poder ser utilizados em poucos ou muitos genótipos. Apesar de simples e práticas, algumas metodologias dessa classe são criticadas exatamente pela não consideração de algumas propriedades estatísticas que são consideradas pelos métodos paramétricos.

Métodos multivariados também vêm sendo desenvolvidos a fim de melhor explicar os efeitos da IGA, havendo tendência atual na adoção de tais métodos. Os métodos multivariados são comumente associados a modelos ditos multiplicativos, como *Additive main effects and multiplicative interaction* (AMMI), *Sites regression model* (SREG), *Genotypes regression model* (GREG), *Shifted multiplicative model* (SHMM), *Completely multiplicative model* (COMM) (Crossa & Cornelius, 2002) e *Factor analytic multiplicative mixed* (FAMM) (Resende & Thompson, 2004) e, muitas vezes, integram modelos uni e multivariados. O modelo FAMM é análogo ao AMMI, mas difere por considerar os efeitos genotípicos como aleatórios (Resende & Thompson, 2004), e é chamado de modelo parcimonioso (Resende, 2007a), por ser multivariado e, ao mesmo tempo, simples, do ponto de vista de abrangência e análise. Além disso, é considerado um modelo completo.

Dois grupos de técnicas multivariadas têm sido utilizados para elucidar a estrutura interna da interação GA, quais sejam: 1) técnicas de ordenação, compreendendo a análise de componentes principais e análise de fatores e 2) técnicas de classificação, tais como análise de agrupamento e análise discriminante (Molina, 2007). Flores et al. (1998) relatam que a análise de componentes principais é a de uso mais frequente.

As maiores dificuldades dos métodos multivariados estão reservadas aos conhecimentos dessas técnicas. Flores et al. (1998) destacam que as técnicas

multivariadas são estatisticamente mais complexas e a falta de aplicativos computacionais tem limitado seu uso embora, hoje em dia, avanços importantes venham ocorrendo. Esses autores compararam 22 métodos de análises de IGA, divididos em paramétrico, não-paramétrico e multivariado, e eles foram organizados em três grupos, quais sejam: 1) aqueles que são associados, na maior parte, com o nível do rendimento e mostram quase nenhuma correlação com parâmetros da estabilidade; (2) aqueles em que o nível do rendimento e a estabilidade do desempenho são considerados simultaneamente para reduzir o efeito da interação de GA e (3) aqueles que medem somente a estabilidade. Ainda conforme esses autores, a análise igualmente separou os métodos baseados em um conceito agrônômico da estabilidade daqueles que são baseados em estabilidade biológica, assim como a distinção entre métodos baseados em estabilidade “dinâmica” e “estática”.

Nos modelos multiplicativos, Molina (2007) destaca que o mais comumente utilizado é o conhecido como AMMI. Nesse modelo, vários modelos multiplicativos são gerados, formando-se, então: SREG – quando se retira o efeito principal do genótipo no modelo de regressão para locais; GREG – quando se retira o efeito principal do ambiente, como no modelo de regressão para os genótipos e COMM – quando ambos os efeitos são retirados, sendo o modelo completamente multiplicativo. Uma grande vantagem dos métodos multiplicativos é a possibilidade do agrupamento de ambientes e genótipos semelhantes, permitindo também identificar graficamente o genótipo com maior potencial em cada subgrupo de ambiente, mediante o uso do gráfico Biplot, o qual é altamente descritivo (Molina, 2007). Detalhes específicos sobre uso de gráficos Biplot podem ser vistos em Yan & Hunt (2002). Essa técnica foi utilizada em arroz (*Oryza sativa* L.), por Molina (2007).

Como já ressaltado, há uma série de metodologias que podem ser empregadas para a avaliação da adaptabilidade e da estabilidade. A escolha de

qual método utilizar baseia-se na natureza dos dados experimentais, no número de ambientes, na precisão requerida e no tipo de informação desejada (Cruz et al., 2004). Além disso, muitas dessas metodologias são complementares e outras são alternativas, mas podem ser utilizadas conjuntamente.

Deve ser considerado também que alguns métodos permitem estratificar os ambientes em sub-regiões, dentro das quais a interação não se mostre significativa, permitindo, assim, recomendações regionalizadas. Outros métodos procuram identificar os genótipos que menos contribuem para a interação (genótipos estáveis) e que poderiam ser recomendados para todo grupo de ambientes, desde que apresentem também alta produtividade (Molina, 2007).

Vencovsky & Barriga (1992) afirmam que a diferença entre os métodos origina-se nos conceitos da estabilidade e nos procedimentos biométricos empregados para medi-la. Contudo, na aplicação de qualquer metodologia, com base no fenótipo, o primeiro problema que surge é a conceituação da estabilidade e da adaptabilidade, nas quais os métodos de avaliação são baseados.

Kang (2002) destaca os conceitos de estabilidade dinâmica e estática. O conceito de estática significa que um genótipo tem um desempenho estável através dos ambientes e não entre a variação do ambiente. Este tipo de estabilidade não seria benéfico para os produtores, pois os mesmos não responderiam a melhorias do ambiente, como, por exemplo, à fertilização. Nesse conceito, está incluído o conceito biológico de estabilidade de Beker (1981), o qual é equivalente à estabilidade tipo 1, de Linn et al. (1986).

O conceito dinâmico significa que um genótipo tem um desempenho estável, mas, para cada ambiente, seu desempenho corresponde ao nível estimado ou previsto. Este conceito é igual ao conceito agrônomico de Becker (1981), o qual é equivalente à estabilidade do tipo 2, de Linn et al. (1986), ou

seja, um genótipo é considerado como estável se sua resposta aos ambientes for paralela à resposta média de todos os genótipos em teste.

Cruz et al. (2004) fazem uma abordagem sobre os conceitos atuais de adaptabilidade e estabilidade, recomendando o uso geral do termo performance genotípica para designar o desempenho, o comportamento e as flutuações de um genótipo, quando desenvolvido em vários ambientes. Os autores acrescentam, ainda, que se deve utilizar o termo performance quando relacionado a caracteres como produtividade de grãos e comportamento, quando se refere a caracteres como resistência a doenças.

Uma das descrições mais aceitas e que melhor refletem os termos adaptabilidade e estabilidade no sentido agronômico é a de Mariott et al. (1976). Esses autores comentam que são muitas as dificuldades para se esclarecer o significado desses termos, haja vista suas diversas definições. Então, sugerem que adaptabilidade é a capacidade de os genótipos responderem de forma vantajosa às melhorias no ambiente, e estabilidade à capacidade de os genótipos apresentarem comportamento altamente previsível frente às variações ambientais. Em outras palavras, um material é adaptado quando responde de forma satisfatória às melhorias do ambiente e estável quando varia pouco ao ser avaliado em diversas condições de ambiente.

Grande parte das metodologias tem sido realizada tendo como base as observações fenotípicas dos materiais. Mais recentemente, devido a implementações computacionais da junção REML/BLUP ou somente do BLUP, avaliações com base em valores genotípicos têm surgido (Purba et al., 2001; Yan & Rajcan, 2003; Oliveira et al., 2005; Piepho & Möhring, 2005; Carbonell et al., 2007; Mora et al., 2007 e Bastos et al., 2007).

2.3 Teoria dos modelos mistos

2.3.1 Considerações gerais

Conforme Searle et al. (1992), a primeira referência na literatura sobre modelos mistos é atribuída a Jackson, em 1939, num estudo de testes mentais, no qual ele apresenta um modelo misto de classificação dupla, porém, sem interação. No entanto, Marcelino (2000) informa que Fisher, em 1918, estudou amplamente a teoria dos modelos mistos, então chamados de Modelos de Componentes de Variância, tendo grande repercussão na área de genética quantitativa.

Um modelo estatístico é denominado misto – ou linear misto – quando nele existirem efeitos fixos e aleatórios, além da média (sempre considerada de efeito fixo) e do erro experimental (sempre considerado aleatório). No entanto, o enquadramento de efeitos como fixos ou aleatórios está relacionado ao objetivo da pesquisa.

Para White & Hodge (1989), a definição de um modelo como fixo, aleatório ou misto está associada à possibilidade de estimar ou de prever o comportamento de efeitos fixos ou variáveis aleatórias para um conjunto de observações. Isso porque se diz que os parâmetros populacionais (esperança de efeitos fixos e variâncias populacionais de variáveis aleatórias) são estimáveis enquanto as variáveis aleatórias podem ser preditas, pois não possuem valor fixo *per se*. Mas, numa amostra dos seus possíveis valores, podem-se obter indicadores de sua esperança, conhecendo-se a sua distribuição e na suposição de o efeito aleatório estar correlacionado ao caráter observado. Os autores ainda ressaltam que, no geral, as predições obtidas, quando os valores genéticos são assumidos como aleatórios, têm propriedades estatísticas mais desejáveis do que quando são considerados fixos.

A consideração dos efeitos de tratamentos como aleatórios é essencial ao melhoramento genético, pois só assim se conduz à maior acurácia, sendo a única

forma de se fazer seleção genética. Isso se deve ao fato de as predições dos efeitos aleatórios serem forçadas em direção à média geral (efeito *shrinkage*), penalizando as predições baseadas em pequenas amostras (Resende, 2004). Um argumento a favor de o efeito de tratamentos poder ser considerado aleatório foi relatado por Martins (1995). Esse autor argumenta que, na avaliação genética, deve-se considerar a segregação alélica, em que cada genótipo é um veículo de alelos que segregam e se unem para formar novos genótipos. Tem-se, portanto, que os indivíduos obtidos de cada cruzamento representam uma amostra dos possíveis descendentes. Some-se a isso o fato de que, em um determinado experimento, não se avaliam todos os descendentes de cada indivíduo, mas apenas uma amostra destes, quando cruzados com a população (André, 1999). Isso parece razoável, pois, adotando-se um modelo linear misto, pode-se fazer a predição de efeitos aleatórios para tratamentos (genótipos), na presença de efeitos fixos (blocos, locais, anos), que são de grande valia em melhoramento genético. Sem essa aceitação, haverá distorções nas avaliações, especialmente nos casos de desbalanceamento do número de observações das subclasses, influenciando na estimativa dos valores genéticos (Martins, 1995).

Conforme Camarinha Filho (2002), considerar fatores como fixos ou aleatórios pode afetar a estimação e suas consequências pela presença das variâncias das variáveis aleatórias perturbadoras, o que acarreta em alteração nos testes de hipóteses sobre contrastes paramétricos, na magnitude de testes F, nas conclusões sobre os parâmetros e nas estimativas dos componentes de variância. No entanto, no caso do uso da metodologia de modelos mistos, de acordo com Resende (2002b), a predição BLUP dos valores genéticos pode ser obtida, alternativamente, considerando os efeitos de repetição como fixo ou aleatório. Os efeitos ambientais (blocos, locais, anos, etc.) podem ser considerados fixos ou aleatórios, dependendo da situação, mas os efeitos genéticos devem ser considerados aleatórios (Resende, 2004).

A definição de bloco como de efeito fixo ou aleatório é contraditória. Ramalho et al. (2000) informam que, nos experimentos dos melhoristas conduzidos em campo, o efeito de blocos é sempre aleatório. Isso porque, ainda segundo os mesmos autores, são possíveis infinitos blocos em um local e r blocos utilizados são, evidentemente, uma amostra dos R possíveis. No entanto, Resende & Higa (1994), com plantas perenes, em blocos completos, identificaram que o efeito de blocos em nada contribui com informação genética a respeito dos indivíduos, de modo que, dentro de blocos – maior estrato homogêneo para comparação de indivíduos –, os indivíduos são prontamente comparáveis de forma não viciada e, para que essas comparações sejam plausíveis entre blocos, devem-se tratar os efeitos de blocos como fixos.

Então, embora, nas avaliações de cultivares tradicionalmente, o efeito de cultivar seja considerado fixo, tal efeito, quando considerado aleatório, possibilita a estimação de componentes de variância e a obtenção de valores genéticos por meio da metodologia de modelos misto (Mora et al., 2007), sendo, por esse motivo mais vantajoso. Isso porque, nesse modelo, de acordo com Piepho & Möhring (2005), os erros são minimizados enquanto os ganhos esperados com a seleção são máximos.

Considerações a respeito de o efeito de bloco ser fixo ou aleatório são feitas por Resende (2002a), como segue:

A definição dos efeitos de bloco como fixo parece contraditória em relação ao nome do delineamento: blocos ao acaso. Entretanto, a rigor, o nome correto é **delineamento de tratamentos aleatorizados (ou casualizados) em blocos**, uma vez que os blocos podem ser considerados como de efeito fixo ou aleatórios, dependendo da situação experimental. Assim, os tratamentos é que são casualizados e não necessariamente os blocos. E ressalta-se ainda que, de maneira genérica, os blocos, quando

completos, devem ser tratados como de efeitos fixos e, quando incompletos, devem ser considerados aleatório. Complementando, Piepho (1994) recomenda que, no delineamento de blocos casualizados, delineamento mais comum em experimentos fitotécnicos, blocos devem ser considerados como fixos

No caso de efeitos genéticos no melhoramento vegetal, conforme Nunes (2006), a classificação entre fixo e aleatório parece resolvida. Esse autor exemplifica que, no caso de progênies resultante de uma população base de melhoramento, formada a partir do cruzamento de duas linhagens, ao final de sucessivas gerações de autofecundação, elas são facilmente assumidas como aleatórias, enquanto que linhagens em ensaio de avaliação para recomendação são consideradas de efeitos fixos. Entretanto, Smith et al. (2001) mostram que, assumindo genótipos como efeitos aleatórios, é preferível, em termos de acurácia preditiva, mesmo quando tais genótipos são considerados como de efeitos fixos pelos padrões tradicionais.

Em verdade, as opiniões sobre efeitos genéticos ainda em muito divergem entre os pesquisadores. Por exemplo, Smith et al. (2005) ressaltam que, se o alvo da análise é seleção, isto é, identificar os melhores genótipos dentre todos os considerados, então, a classificação (ranqueamento) desses genótipos é exigida para que sejam tão próximos quanto possível da classificação dos efeitos verdadeiros das variedades, ou seja, de ser o mais próximo possível do valor genotípico, que é o valor verdadeiro. Por definição, isso implica uso de BLUP, de modo que os efeitos de genótipos devem ser considerados como aleatórios. Por outro lado, se o alvo da análise é determinar a diferença entre pares específicos de variedades, então, o uso de BLUP como um método da avaliação é impróprio. Neste caso, os efeitos de genótipos devem ser

considerados como fixos. Como se pode observar, de acordo Smith et al. (2005), a chave principal para a escolha entre o efeito de tratamento ser fixo ou aleatório é a clara definição do princípio da análise.

Para identificar se determinado efeito é fixo ou aleatório, para Robinson (1991), é necessário, antes, responder ao seguinte questionamento: os efeitos em estudos provêm de uma distribuição de probabilidades ou não? Se a resposta for positiva, os efeitos devem ser considerados aleatórios; em caso negativo, devem ser considerados fixos. Essa mesma questão também é descrita por Searle et al. (1992) e acrescida de que, no caso da resposta positiva (fator aleatório), onde o interesse se encontra? Na distribuição e nos valores realizados dos efeitos aleatórios, estime a variância dos efeitos aleatórios e calcule os preditores (BLUP) dos valores obtidos dos efeitos aleatórios. A abordagem de efeitos de tratamentos como aleatória é enfatizada por vários autores (Resende, 1999; Duarte & Vencovsky, 2001; Resende & Duarte, 2007; Piepho et al, 2007).

A teoria que consiste na avaliação dos valores genéticos tratados como sendo de efeito aleatório, corrigindo-os para os demais efeitos fixos do modelo e ainda própria para graus elevados de desbalanceamento, é a metodologia de modelos mistos (André, 1999). Por esse método, estimam-se os efeitos fixos por meio do melhor estimador não viesado (BLUE) e obtém-se a predição dos valores genotípicos por meio do melhor preditor linear não-viesado (BLUP).

O referido método foi proposto por Henderson, no final da década de 1940, para avaliação genética de gado de leite, tendo sido formalmente apresentada em 1973 e passando a ser mais utilizada na década de 1980, graças aos avanços da tecnologia da computação (Resende, 2002a). No melhoramento de plantas, só veio a ser utilizada a partir da década de 1990. No Brasil, iniciou-se em 1993 (Resende et al., 1993, 1996) e poucos trabalhos foram realizados antes de 2000 (Resende, 1997; 1999; Bueno Filho, 1997).

A representação de um modelo linear misto é comumente realizada na forma matricial, derivada a partir do modelo linear estatístico e com base no modelo de Gauss.

Como exemplo didático, considere um experimento delineado em blocos casualizados, com t tratamentos (genótipos) de efeito aleatório g_i ($i: 1, 2, \dots, t$) e b blocos (completos) de efeito fixo b_j ($j: 1, 2, \dots, b$). Um modelo linear estatístico que caracteriza esse delineamento é:

$$y_{ijr} = m + b_j + t_i + e_{ijr}; \text{ com:}$$

$$e_{ijr} \sim N(0, \sigma_e^2); t_i \sim N(0, \sigma_t^2); E(y_{ijr}) = \mu + b_j \text{ e } Var(y_{ijr}) = \sigma_t^2 + \sigma_e^2$$

Matricialmente, esse modelo pode ser descrito, na forma linear geral (Resende, 2002a; Mrode, 2005), como:

$$y = Xb + Zg + e$$

em que y é o vetor, $n \times 1$, de observações, sendo n o número de observações; X é a matriz, $n \times p$, do delineamento correspondente ao efeito fixo do modelo; b é o vetor, $p \times 1$, dos efeitos fixos, sendo p o número de níveis do efeito fixo; Z é a matriz, $n \times q$, do delineamento correspondente ao efeito aleatório; g é o vetor, $q \times 1$, de efeito aleatório sendo q o número de níveis do efeito aleatório e e o vetor, $n \times 1$, de efeito residual aleatório em que

$$e \sim N\left(0, \begin{matrix} R \\ 0 \\ 0 \end{matrix}\right) \text{ e } g \sim N\left(0, \begin{matrix} G \\ 0 \\ 0 \end{matrix}\right);$$

É assumido que as esperanças (E) das variáveis são (Mrode, 2005):

$$E(y) = Xb \text{ e } E(g) = E(e) = 0;$$

e é assumido também que o efeito residual, o qual inclui o efeito aleatório ambiental e o efeito genético não-aditivo, é independentemente distribuído com variância σ_e^2 . Portanto,

$Var(e) = I\sigma_e^2 = R$ e $Var(g) = A\sigma_a^2 = G$, sendo A a matriz de correlação devido ao parentesco e covariância $Cov(a, e) = Cov(e, a) = 0$

Então

$$Var(\mathbf{y}) = V = ZGZ' + R; Cov(y, a) = ZG \text{ e } Cov(y, e) = R$$

Utilizar modelos mistos em melhoramento requer, como citado, estimação BLUE para os efeitos fixos do modelo e predição por BLUP dos efeitos aleatórios. Para a obtenção de tais estimativas e predições, sob o modelo de delineamento adequado, faz-se a função de densidade de probabilidade conjunta da variável aleatória (fator aleatório), por exemplo, g do modelo acima, e y . Para efeito de simplificação numérica, aplica-se \log na função para, em seguida, derivar a função em relação aos parâmetros, encontrando-se as equações do modelo misto (EMM ou MME, da sigla em inglês para *mixed models equations*).

Atualmente, a metodologia de modelos mistos tem se tornado mais acessível aos usuários, graças à sua implementação em sistemas estatísticos computacionais, como o SAS^{MR} (Duarte & Vencovsky, 2001) e à obtenção de algoritmos que deram origem a muitos aplicativos computacionais como *Derivative free REML* (DFREML) ou *Multiple trait derivative free REML* (WOMBAT, MTDFREML), *Average sparse REML* (ASREML) e SELEGEN REML/BLUP (Borges et al., 2009). Logo, a sua rigorosa aplicação é perfeitamente exequível, sempre que o modelo subjacente aos dados for de tal natureza (Duarte & Vencovsky, 2001).

Resende (2007a) destaca que as principais vantagens do REML/BLUP são: permitir comparar indivíduos ou linhagens através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); permitir a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permitir lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas,

diferentes anos, locais e delineamentos); poder ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais; permitir utilizar simultaneamente um grande número de informações, provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas; permitir o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que se ajusta melhor aos dados e, ao mesmo tempo, ser parcimonioso (apresenta menor número de parâmetros).

A aceitação de efeitos de tratamentos como aleatórios culmina na rejeição dos testes de comparações múltiplas (TCM), uma vez que estes foram derivados sob o enfoque de efeitos fixos de tratamento. O que se obtém é um ordenamento dos genótipos, pela ordem decrescente de seus valores genotípicos.

2.3.2 Algumas considerações sobre BLUP

A teoria do BLUP foi proposta na década de 1940, por Charles Roy Henderson (Mrode, 2005). Inicialmente, foi desenvolvida para utilização no melhoramento animal, o que perdurou até o início da década de 1990, passando, então, a ser utilizada também no melhoramento de plantas, graças aos avanços da computação.

Mrode (2005) relata que as propriedades do BLUP são mais ou menos incorporadas na sigla, como:

- . *best* (melhor) – minimiza a variância do erro de predição (PEV), ou seja, $[\text{var}(\hat{a}) = \text{mínima}]$;
- . *linear* (linear) – os preditores são funções lineares das observações;
- . *unbiased* (não viesada) – as predições da variável aleatória, isto é, o valor genotípico, e as funções estimáveis dos efeitos fixos são não viesados, ou seja $[E(\hat{a}) = a]$, a esperança do valor real, dado o valor estimado, é o próprio valor real;

. *prediction* (predição)– envolve predição do verdadeiro valor genotípico.

A predição dos valores genéticos, tomados como aleatórios, é realizada ajustando-se os dados, concomitantemente, aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas subclasses por meio da metodologia de modelos mistos (Cruz & Carneiro, 2003). Para tanto, assume-se que os componentes de variância são conhecidos, porém, na prática, não se tem acesso aos verdadeiros valores desses componentes. O que tem sido feito é utilizar estimativas desses valores, obtidos por algum procedimento de estimação (ANOVA ou por máxima verossimilhança) no lugar dos verdadeiros valores, obtendo-se, assim, o BLUP empírico (ou EBLUP). A preferência pelo BLUP decorre de suas propriedades estatísticas, que são superiores às propriedades dos estimadores pelo método dos quadrados mínimos (Searle et al., 1992).

O BLUP é obtido pela maximização da função densidade de probabilidade conjunta dos vetores de observações e dos valores genéticos em relação aos efeitos fixos e aleatórios.

Considerando o mesmo modelo matricial dado anteriormente, a obtenção do BLUE para os efeitos fixos e do BLUP para os efeitos aleatórios, conhecendo-se as covariâncias entre y e g (segundos momentos dos dados), ocorre da seguinte maneira:

Dado o conjunto dos valores das observações contidas no vetor y , sendo

$$y' = [y_1 y_2 \dots y_n],$$

e os valores genéticos contidos no vetor g , sendo

$$g' = [g_1 g_2 \dots g_n],$$

e assumindo que y , g e e tenham distribuição normal multivariada como segue (Martins et al., 1998).

$$\begin{bmatrix} y \\ g \\ e \end{bmatrix} \sim N M V \left(\begin{bmatrix} X r \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \left(Z G Z' + R & Z G & R \right) \\ \left(G Z' & G & 0 \right) \\ \left(R & 0 & R \right) \end{bmatrix} \right);$$

então, a função densidade de probabilidade conjunta de y e g , dada como produto entre a função densidade de probabilidade condicional de y dado g , e a função densidade de probabilidade de g , isto é $f(y,g) = f(y|g) \cdot f(g)$, é

$$f(y,g) = \frac{1}{(2\pi)^{nq/2} |R|^{1/2}} e^{-\frac{1}{2}[(y-Xb-Zg)' R^{-1} (y-Xb-Zg)]} \cdot \frac{1}{(2\pi)^{q/2} |G|^{1/2}} e^{-\frac{1}{2}[g' G^{-1} g]}$$

a seguir, faz-se a maximização dessa função, aplicando-se a transformação por logaritmo, pois ambos os termos são contínuos e crescentes no espaço R^+ e seus pontos de máximos são coincidentes dentro do espaço $[b'$ e $g']$ e $ZGZ'+R$ (Martins et al., 1998). Com essa transformação, o produtório transforma-se em somatório, tornando os cálculos mais facilmente tratáveis.

A parti daí, tomando-se $f(y,g) = L$ e derivando-se L em relação a b e g , e igualando-se tais derivadas a zero, obtêm-se as equações de modelos mistos (EMM). Essas derivações podem ser encontradas de forma mais detalhada em Gama et al. (2004), Resende (1999; 2002a), Martins et al. (1998) e Searle et al. (1992).

O resultado das derivações é:

$$\begin{pmatrix} X' R^{-1} X & X' R^{-1} Z \\ Z' R^{-1} X & Z' R^{-1} Z + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b^0 \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X' R^{-1} y \\ Z' R^{-1} y \end{pmatrix}$$

Assumindo que R e G são não-singulares e, como $R = I\sigma_e^2$, então

$$R^{-1} = I \frac{1}{\sigma_e^2}, \text{ tem-se:}$$

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b^{\circ} \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \end{pmatrix}$$

em que b° é o BLUE obtido por *Generalized least square* (GLS) para os efeitos fixos e \hat{g} é o BLUP do efeito aleatório.

De modo mais detalhado:

Solução dos efeitos fixos – BLUE (b°) = $(X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y$

Solução dos efeitos aleatórios – BLUP(g) = $GZ'V^{-1}(y - Xb^{\circ})$

Lembrando que $V = R + ZGZ'$ e que $y - Xb^{\circ} = r$. O termo $(y - Xb^{\circ})$ representa um resíduo corrigido, donde se retiram das observações todos os efeitos ambientais identificáveis.

Estas são as conhecidas equações de modelos mistos de Henderson. Estas equações constituem a forma básica utilizada atualmente na avaliação genética, podendo, depois, ir sofrendo modificações à medida que o modelo se torna mais complexo (Gama et al., 2004). Um pequeno exemplo pode ser visto no Anexo A1.

As propriedades do BLUP e suas derivações, assim como sua superioridade em relação a outros preditores, têm sido detalhadas em diversas literaturas (Searle et al. 1992; Martins et al., 1998; Resende, 1999; 2002a) e também confirmadas tanto por simulação (André, 1999; Santos et al., 2002), como por dados de campo (Piepho & Möhring, 2005; Resende, 2007a).

Alguns trabalhos nas áreas de estatística e melhoramento têm sido realizados utilizando-se o BLUP associado a REML, especialmente graças às possibilidades de programação em aplicativos computacionais como SAS, MATLAB e R, muito embora outros aplicativos, como ASREML, WOMBAT e SELEGEN REML/BLUP, possam ser utilizados, inclusive sem a necessidade de programação e com bastante interatividade. Além disso, SELEGEN REML/BLUP e WOMBAT são gratuitos.

Bueno Filho (1997) ressalta que, para fins de seleção, a utilização do BLUP seria uma excelente estratégia, desde que boas estimativas dos componentes de variância estejam disponíveis, muito embora, na prática do melhoramento vegetal, ainda se prefira a seleção com base em médias fenotípicas obtidas a partir de um modelo fixo (ANOVA) e com base nas pressuposições (mesmo que em geral falsas) de independência entre os valores genéticos dos indivíduos sobre seleção.

Alegando falta de uma comparação sistemática na avaliação entre duas cultivares e sistemas de recomendação, Yan et al. (2002) utilizaram BLUP para classificar genótipos de trigo nos sistemas de recomendação no Canadá. Os sistemas eram: ensaios de performance balanceados e repetidos em pequena parcelas e em poucos locais e não balanceado e sem repetição em alguns locais, conduzido em poucos ou muitos locais. Segundo os autores, em termos de BLUP, os dois sistemas foram altamente correlacionados e a avaliação de cultivares foi efetiva.

Yan & Rajcan (2003) utilizaram BLUP a fim de identificar a melhor performance de cultivares de soja em um e em múltiplos anos. Esses autores concluíram que, no caso de múltiplos anos, recomenda-se o uso do BLUP a partir de dois anos e as estimativas de um único ano também são suficientes para selecionar cultivares superiores e descartar genótipos inferiores.

Utilizando dados balanceados, Piepho & Möhring (2005) propuseram um método usando o BLUP para estimar efeito de cultivares, subdividindo regiões em sub-regiões padrões e mostrar que tanto na adaptação local quanto na global as estimativas de rendimento podem ser mais acuradas. Concluíram os autores que os resultados foram melhores que outros métodos e que, pelo BLUP, foi possível identificar cultivares para adaptação global, ou ampla.

A predição do desempenho agrônômico por meio da estimação de valores genéticos dos genitores em teste de progênies e a performance dos

cruzamentos na oleaginosa *Elaeis guineensis*, Jacq. foram estudadas por Purba et al. (2001). Os autores concluíram que o BLUP foi eficiente na predição do desempenho dos híbridos em presença de desbalanceamento e contribuiu sobremaneira para eliminar híbridos de baixo potencial, além de simplificar o esquema de seleção.

Barbosa et al. (2005) fizeram seleção de famílias e de genitores via REML/BLUP em cana-de-açúcar, concluindo que componentes de médias, estimados via BLUP, possibilitaram a seleção de famílias e de genitores superiores.

Em arroz, Xu et al. (2000) utilizaram BLUP em comparação com o valor médio dos pais (método *Midparents*), num estudo para predizer a performance de híbridos. Conforme os autores, o BLUP foi superior ao método *Midparents*, especialmente para características de baixa herdabilidade.

Apesar de ser mais constantemente empregado em plantas perenes e florestais, o uso do BLUP em plantas anuais ainda não é abundante (Piepho et al., 2007). De acordo esses autores, isso ocorre porque, nos programas de melhoramento de plantas anuais, em certos casos, BLUE e BLUP não fornecem resultados diferentes, dando a impressão de que a escolha de estimadores não seja importante. E também porque os dados são sempre balanceados.

Outro fator que pode ser atribuído ao não uso frequente ou rotineiro dessa metodologia no melhoramento de plantas anuais é a falta de vivência dos pesquisadores com a técnica, além de sua pequena divulgação (Bueno Filho, 1997). Também se incluem os fundamentos históricos, pois, nos programas de melhoramento de plantas, os dados de campo sempre foram analisados pelo método da ANOVA, em que os efeitos de tratamentos (variedades) são considerados como fixos e os blocos, como aleatórios (Smith et al., 2005).

A forma mais comum de uso do BLUP é utilizando informações de pedigree. Neste caso, é necessária a matriz de parentesco (ou relacionamento),

computada pelo coeficiente de parentesco (*coefficient of coancestry*), muito embora o uso de BLUP sem essa matriz também seja possível (Piepho et al, 2007).

2.3.3 Algumas considerações sobre REML

O uso das equações de modelos mistos para predição de valores genéticos por meio do BLUP requer o conhecimento prévio dos componentes de variância e covariância e, como isto não é possível, devem-se utilizar estimativas desses valores, as quais devem ser obtidas com a maior precisão e acurácia possíveis.

Há diversas metodologias com o propósito de estimar componentes de variância, sendo universalmente consagrados nove métodos derivados de três conceitos de estimação (Marcelino & Iemma, 2002). São eles: o método da ANOVA de Fisher e os métodos I, II e III de Henderson (Henderson, 1953), que são derivados no método dos momentos (ou quadrados mínimos); o método *Maximum likelihood* ou ML, de Hartley e Rao (Hartley & Rao, 1967) e o método *Maximum likelihood restricted* ou REML de Patterson e Thompson (Patterson & Thompson, 1971), derivados da função de verossimilhança; os métodos *Minimum norm quadratic unbiased estimation* ou MINQUE (Rao, 1971a), *Minimum variance quadratic estimation* ou MIVQUE (Rao, 1971b); o *Minimum norm quadratic unbiased estimation iterative* ou I-MINQUE de Searle (Searle et al., 1992), derivados de funções quadráticas, e ainda os estimadores de Bayes.

Cabe ressaltar que, em dados não balanceados, a estimativa desses componentes é função do método de estimação de componentes de variância (Marcelino & Iemma, 2002), o que, de certa forma, merece a atenção dos

usuários das ciências aplicadas na hora da escolha de um desses métodos ao utilizar aplicativos computacionais de estatística.

Dentre os métodos citados, os derivados da função de verossimilhança são os mais recomendados para a estimação de componentes de variância em avaliações genéticas, especialmente com dados não balanceados, pois fornecem estimativas não-negativas de componentes de variância, elimina o viés atribuído às mudanças alélicas nas frequências gênicas se o parentesco entre os indivíduos for considerado (Martins et al., 1998) e, mais ainda, no caso da REML, considera a perda de graus de liberdade, resultante da estimação dos efeitos fixos do modelo.

Marcelino & Iemma (2002) realizaram uma investigação sobre os métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados, com o objetivo de torná-los mais claros aos usuários das ciências aplicadas. Os autores apresentam detalhes sobre os métodos mais comuns de estimação, comparando-os entre si. Para isso, utilizaram um exemplo de dois fatores com interação, no intuito de aproximar esses métodos da realidade do pesquisador. Os autores discutem cada método individualmente, levantando questões como suas propriedades estatísticas e suas utilidades. No geral, concluíram que o método REML, apesar de exigir normalidade dos dados, o que nem sempre ocorre nas pesquisas de campo, possui as melhores propriedades para estimar componentes de variância, especialmente em virtude de desbalanceamento.

No método REML, cada observação é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra referente aos efeitos aleatórios, de maneira que a função de verossimilhança de cada observação é dada pela soma das funções densidades de cada parte.

O método REML foi desenvolvido por Patterson & Thompson (1971) e, como já enfatizado, tem as propriedades ótimas, sendo o mais indicado para se

obter estimativas de componentes de variância em dados não balanceados. Esse método permite, sob algumas condições, que todos os efeitos de seleção sejam considerados e todas as informações que contribuíram para tal seleção sejam incluídas na análise, exceto se essas informações não forem correlacionadas com o caráter sob análise. Mesmo que essas condições sejam apenas parcialmente atendidas, o método fornece estimativas menos tendenciosas que outros, como o III de Henderson e a ANOVA (Resende, 2002a).

Como já salientado, o método REML estima componentes de variância por meio da subdivisão da função de verossimilhança em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos (L'') e outra referente aos efeitos aleatórios (L'). Os componentes de variância referentes aos efeitos aleatórios, σ_e^2 e σ_g^2 , são estimados pela maximização de L' e os efeitos fixos b, pela maximização de L'' (Marcelino & Iemma, 2002; Searle et al., 1992), como é mostrado a seguir:

$$L = -\frac{1}{2} n q \log_e (2\pi) - \frac{1}{2} \log_e |ZGZ' + R|$$

$$- \left[\frac{Y'}{\sigma_e} (ZGZ' + R)^{-1} \frac{Y}{\sigma_e} - 2 \frac{Y'}{\sigma_e} (ZGZ' + R)^{-1} X \frac{\beta}{\sigma_e} + \frac{\beta'}{\sigma_e} X' (ZGZ' + R)^{-1} X \frac{\beta}{\sigma_e} \right]$$

Sendo dividida em L',

$$L' = -\frac{1}{2} \rho(X) \log_e (2\pi) - \frac{1}{2} \log_e |X' (ZGZ' + R)^{-1} X|$$

$$- \frac{1}{2} \left\{ \frac{Y'}{\sigma_e} (ZGZ' + R)^{-1} X \left[X' (ZGZ' + R)^{-1} X \right]^{-1} X' (ZGZ' + R)^{-1} \frac{Y}{\sigma_e} \right.$$

$$\left. - 2 \frac{Y'}{\sigma_e} (ZGZ' + R)^{-1} X \left[X' (ZGZ' + R)^{-1} X \right]^{-1} X' (ZGZ' + R)^{-1} X \frac{\beta}{\sigma_e} \right.$$

$$\begin{aligned}
& + \beta' X'(ZGZ' + R)^{-1} X \left[X'(ZGZ' + R)^{-1} X \right]^{-1} X'(ZGZ' + R)^{-1} X \beta \\
& eL'', \\
L'' = & - \frac{1}{2} \rho \left\{ K' \left[K (ZGZ' + R) K' \right]^{-1} K \right\} \log_e (2\pi) \\
& - \frac{1}{2} \log_e |k (ZGZ' + R) K'| \\
& - \frac{1}{2} \left\{ Y' K' \left[K (ZGZ' + R) K' \right]^{-1} K Y \right\}
\end{aligned}$$

em que ρ simboliza o posto de uma matriz e k é a matriz que estabelece os contrastes linearmente independentes entre as partes aleatórias das observações. Martins et al. (1998), Searle et al. (1992) e Resende (2002a) detalham melhor esses procedimentos.

A maximização da função densidade de probabilidade referente aos efeitos aleatórios, em relação aos componentes de variância, elimina o viés resultante da perda de graus de liberdade na estimação dos efeitos fixos do modelo. Então, fica fácil notar que é uma verossimilhança associada aos resíduos. Essa verossimilhança é, por isso, chamada de máxima verossimilhança restrita ou residual (Camarinha Filho, 2002).

As vantagens do método REML no melhoramento de plantas, descritas por Resende (2007a), são as seguintes:

- pode ser aplicada a dados desbalanceados;
- é uma generalização do método ANOVA para contemplar situações mais complexas e também pode ser derivada sob o enfoque bayesiano, fato que confirma a sua generalidade;
- ajusta modelos e delineamentos que não são possíveis pela ANOVA;

- permite o ajuste de vários modelos alternativos, podendo-se escolher o que se ajusta melhor aos dados e, ao mesmo tempo, é parcimonioso (apresenta menor número de parâmetros);
- lida com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos);
- utiliza simultaneamente grande número de informações provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas;
- permite a estimação dos efeitos de dominância e epistáticos, como também os aditivos, pois utiliza maior número de informações de parentesco;
- compara indivíduos através do tempo e do espaço;
- possibilita a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos.

Vários algoritmos computacionais para a obtenção de componentes de variância pelo método REML têm sido desenvolvidos, assim como comparações entre estes (Resende, 2007a). De modo geral, os algoritmos e os aplicativos mais utilizados têm sido EM, DF no DF-REML, AI no AI-REML, a combinação PX-EM/AI no aplicativo WOMBAT e AS no aplicativo ASREML. O aplicativo SELEGEN, utilizado para as análises neste trabalho, conforme Resende (2002a), combina o método de Takahashi e o método da bifatoração esparsa (SB) no algoritmo EM, ou seja, seu algoritmo é do tipo SB-EM.

O método da máxima verossimilhança restrita é realizado por iteração (repetição de uma ou mais ações) e, como ressalta Resende (2002a), a implementação computacional da metodologia de modelos mistos baseia-se fortemente em métodos de álgebra linear numérica para a obtenção iterativa das soluções das equações de modelo misto (obtenção do BLUP) e cálculo numérico

para a maximização/minimização de funções de várias variáveis, visando à obtenção das estimativas REML.

No processo iterativo, o ponto de máximo é obtido pela derivação da função densidade de probabilidade da parte referente aos efeitos aleatórios, em relação aos componentes de variância, solucionando-se, em seguida, o sistema de equações resultantes, de maneira iterativa. Esse processo é denominado de *expectation maximun* ou REML-EM (maximização da esperança) (Martins, 1995). De acordo com este autor, esse método tem o inconveniente de exigir grande esforço computacional, se o número de dados for elevado.

O processo de Graser et al. (1987), conforme Martins (1995), é livre de derivação e, por isso, é denominado *derivative free* ou REML-DF. Esse método é próprio para dados de estrutura univariada, apresentando grande vantagem em relação ao de Patterson & Thompson (1971), mas, em dados de estrutura multivariada, fica comprometido, devido aos erros de arredondamento gerados durante a absorção (Lopes et al., 1998). Como o próprio nome indica, o algoritmo de Graser et al. (1987) não envolve derivação da função densidade de probabilidade, em relação aos componentes de variância, para o estabelecimento do sistema de equações a ser utilizado no processo iterativo (Martins et al., 1998). De acordo com esses autores, esse método é utilizado da seguinte maneira:

- avalia-se a função a partir de três valores iniciais de r , que é uma função da herdabilidade;
- calcula-se a equação quadrática que descreve L como uma função de r ;
- calcula-se o valor de r que maximiza L ;
- recalcula-se a equação quadrática usando esse valor de r e os dois adjacentes dentre os três anteriores;
- repete-se o procedimento até que haja convergência no valor da herdabilidade, sendo $h^2 = r/(1+r)$.

De modo mais abrangente, conforme Patterson & Thompson (1971):

- definir o modelo matemático misto de análise de variância dos dados;
- estabelecer a função de verossimilhança, a qual permite estimar a plausibilidade de o vetor de parâmetros explicar os dados observados. Esta função é proveniente do produtório das densidades associadas a cada observação da amostra aleatória. Vale lembrar que os termos da função de verossimilhança são semelhantes aos termos da função de distribuição normal, em que a média da amostra é substituída pelo valor esperado ($y - Xb$) e a variância, pela matriz V (matriz de variância e covariância dos dados) e que no termo constante dessa função é incluído o determinante da matriz V ;
- aplica-se uma restrição na função de verossimilhança, que passa a ser subdividida em duas funções de densidade de probabilidade independentes, sendo uma relacionada aos efeitos fixos do modelo e a outra, aos efeitos aleatórios.

Como a função de verossimilhança envolve produto de termos, é conveniente transformá-la, mediante logaritmo.

- Para se obter a estimativa do valor máximo dessa função, deriva-se parcialmente em relação aos termos fixos, aleatórios e erro experimental, iguala-se a zero e resolvem-se os sistemas de equações.
- O sistema de equações formado pelas derivadas não tem solução explícita, ou seja, o estimador de cada componente está em função dos estimadores dos outros componentes. Neste ponto, é necessária a utilização de processo iterativo para se obter as estimativas de componentes de variância.

No processo iterativo, adotam-se valores iniciais aleatórios ou previamente selecionados, obtendo-se as primeiras estimativas de componentes de variância desejados. Com estes novos valores, repete-se a estimação. O

processo de iteração cessa quando os valores da penúltima estimação são praticamente iguais aos da última (cada software tem um critério de semelhança; p. e., o SELEGEM REML/BLUP é de 10^{-5} ou $1/10^5$).

- Para constatar se as estimativas obtidas conferem ponto de máximo à função de verossimilhança, é necessário efetuar a segunda derivada em relação aos parâmetros e verificar se esta derivada é negativa. Se o for, a condição de máximo está satisfeita. A derivada segunda forma a matriz Hessiano (matriz H).
- As estimativas de componentes de variância são obtidas simultaneamente por processo de otimização, baseado em função de verossimilhança restrita, envolvendo iteração. Como já relatado, por esse método todas as estimativas são não negativas.

A literatura brasileira, assim como a mundial, é vasta em trabalhos com REML, especialmente os ligados à ciência estatística ou ao melhoramento animal e, mais recentemente, em plantas perenes e anuais. Porém, no Brasil, o uso desta metodologia em plantas anuais ainda é raro, apesar dos avanços em plantas perenes. No melhoramento do café, Resende et al. (2001) aplicaram o método REML/BLUP na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos. Pelos resultados obtidos, os autores concluíram que o método se mostrou adequado à estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro, podendo ser empregado rotineiramente.

Em um trabalho com *Pinus*, Resende et al. (1996) comparam três procedimentos de estimação de componentes de variância, visando à predição de valores genéticos, a saber: quadrados mínimos (LS), máxima verossimilhança (ML) e máxima verossimilhança restrita (REML), e concluíram que REML foi o mais preciso.

Barbosa et al. (2005) utilizaram REML/BLUP na seleção de famílias e de genitores e concluíram que componentes de médias estimados via BLUP possibilitaram a seleção de famílias e de genitores superiores.

2.4 Avaliação de adaptabilidade e estabilidade genotípica usando modelos mistos

Atualmente, procedimentos para análises de interação genótipos x ambientes e, por conseguinte, de adaptabilidade e estabilidade, de execução e interpretação mais simples devem ser preferidos, haja vista a necessidade de se analisar e interpretar dados de experimentos com o menor tempo possível, a fim de torná-los públicos.

Apesar dos avanços já alcançados, em termos de melhoria dos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade, Resende (2007a) frisa que medidas que incorporem adaptabilidade e estabilidade em uma única estatística, como nos métodos de Annicchiarico (1992) e de Linn & Bins (1988), têm tido maior apelo prático. Diversos métodos de seleção simultânea para a produtividade de grãos e estabilidade, assim como seus relacionamentos, foram discutidos por Kang & Pham (1991). Nesse estudo, os referidos autores frisam que o método de Hühn (1990) poderia ser uma ótima ferramenta para o caso de seleção simultânea de produtividade e estabilidade.

Kang (1993), utilizando SAS^{MR}, desenvolveu uma metodologia utilizando a estatística de Shukla, a qual chamou de estatística YS_i (Yield-Stability), como forma de selecionar simultaneamente produtividade e estabilidade. Nesse estudo, o autor referenciou as consequências, para pesquisadores e produtores, dos problemas de estimação dos erros tipo I e II, e concluiu que o erro Tipo 2, cometido pelos pesquisadores, é menos prejudicial

aos produtores se a seleção for única para produtividade ou para ambos, produtividade e estabilidade. Magari & Kang (1997) desenvolveram um aplicativo no SAS^{MR}, aprimorando o *YSi* de Kang (1993), denominado STABLE, para cálculo simultâneo da estabilidade e da produtividade como único critério de seleção. Vale ressaltar que esses critérios (métodos) são baseados em valores fenotípicos e a dados balanceados, e métodos baseados em valores genotípicos e que envolvam dados não balanceados ainda não são comuns.

Como medida simultânea para adaptabilidade, estabilidade e produtividade de grãos, com base em modelos mistos, Resende (2004) estabeleceu a MHPRVG-BLUP, na qual os genótipos são ordenados com base em seus valores genéticos (produtividade). Esse método, além de selecionar os materiais simultaneamente para os três atributos mencionados, tem outras vantagens, como (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; (ii) permite lidar com desbalanceamento; (iii) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (iv) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (v) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; (vi) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; (vii) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; (viii) permite considerar a estabilidade e a adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (ix) não depende da estimação de outros parâmetros, tais como coeficientes de regressão; (x) elimina os ruídos da interação genótipos x ambientes, pois considera a herdabilidade desses efeitos; (xi) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado e (xii) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (Resende, 2004; 2007a; Oliveira et al., 2005; Bastos et al., 2007; Carbonnel et al., 2007).

Em cana-de-açúcar, no Brasil, há uma pequena série de trabalhos. Oliveira et al. (2005) realizaram a avaliação genotípica e a seleção de clones em três ambientes no estado do Paraná, a fim de estimar parâmetros genéticos e realizar a predição de valores genotípicos de clones pelos procedimentos de Linn & Bins (1988) e MHPRVG. Bastos et al. (2007) avaliaram a interação genótipos x ambientes em cana-de-açúcar, utilizando modelos mistos, em sete ambientes de Minas Gerais, utilizando os métodos MHPRVG e DRRB-CV, de Cruz & Carneiro (2003). Neste estudo, os autores destacam, entre outras conclusões, que o método MHPRVG mostrou-se altamente correlacionado com o método DRRB-CV, porém, ao se utilizar MHPRVG, tem-se a vantagem de se interpretar diretamente os valores genéticos para produtividade, adaptabilidade e estabilidade, simultaneamente.

Com a cultura do feijoeiro, Carbonnel et al. (2007) estudaram a estabilidade de cultivares e linhagens em diferentes ambientes no estado de São Paulo, utilizando os métodos MHPRVG, Lin & Binns (1988) e Annicchiarico (1992), concluindo que os métodos selecionaram praticamente as mesmas linhagens. Contudo, o método MHPRVG seleciona os valores genéticos para produtividade, adaptabilidade e estabilidade simultaneamente e os demais se baseiam em valores fenotípicos.

Na cultura do arroz, ainda não há registro do uso de modelos mistos (REML/BLUP), portanto, é importante realizar trabalhos que possam testar e justificar a utilização desse método.

2.4.1 Detalhes sobre MHVR, PRVG e MHPRVG

De acordo com Resende (2007a), nesse método, o vetor de dados (y) é trabalhado como a recíproca das observações, ou seja ($1/y$). Isso conduz a resultados que são função ($1/H$) da média harmônica dos dados, pois quanto menor o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através dos locais.

O modelo ajusta os efeitos de locais e blocos dentro de locais no vetor de efeitos fixos por meio da combinação bloco-local-ano, o qual contempla todos os graus de liberdade disponíveis nas fontes de variação referentes a locais e blocos dentro de locais. Dessa forma, os valores genotípicos preditos para um genótipo i qualquer, em cada local j , usa simultaneamente os dados de todos os locais e anos, e são dados por $VG_{ijk} = u_i + g_i + gl_{ij}$, em que u_i é a média do local j . Nesse caso, todos os efeitos aleatórios são preditos com maior precisão, pois todo o conjunto de dados é utilizado, bem como os ruídos da interação são eliminados quando se produzem os BLUPs de gl (Resende, 2007a).

Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos, chamada de MHVG, implica, simultaneamente, seleção para produtividade e estabilidade. O autor descreve, ainda, como medida simples e eficiente no contexto de modelos mistos para a adaptabilidade e produtividade através de ambientes, a performance relativa dos valores genéticos, chamada de PRVG. A PRVG é obtida expressando-se os valores genotípicos preditos (ou os dados originais) como proporção da média geral de cada local e, posteriormente, obtendo-se o valor médio dessa proporção através dos locais.

Dessa forma, ao se considerar simultaneamente a adaptabilidade, a estabilidade e a produtividade, estas podem ser determinadas, no contexto de modelos misto, por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) (Resende, 2004). A MHPRVG deve ser aplicada, preferencialmente, sobre os dados originais, em que estes são expressos como a

média do local dividida por y (média do local/ y) e, posteriormente, obtendo-se os BLUPs para os valores genotípicos (média geral + efeitos genotípicos = $u+g$). A recíproca destes, multiplicada pela média geral de todos os ensaios, fornece a MHPRVG na unidade de avaliação do caráter (Resende, 2004). Procedendo-se dessa forma, as diferentes precisões associadas aos valores genéticos preditos dos genótipos nos ambientes são automaticamente levadas em consideração pelo procedimento REML/BLUP (Resende, 2007a). O método apresenta-se como vantajoso, pois, como ressaltam Scapim et al. (2000), uma maior estabilidade estará associada, obrigatoriamente, a uma maior produtividade.

O modelo é análogo aos métodos de Linn & Bins (1988) e de Annicchiarico (1992) e pode ser aplicado via modelo multivariado e modelo univariado do tipo $g+Ge$, com correção para heterogeneidade de variâncias (Resende, 2007a). Por esse critério, seis diferentes modalidades de valores genotípicos podem ser obtidas para cada genótipo. Então, podem ser observados os seguintes valores genotípicos:

- 1) por local: $u+g+gl$, para plantio em cada local da rede experimental;
- 2) para vários locais livres da interação ge : $u+g$;
- 3) para a média dos locais: capitalizando o efeito médio da interação: $u+g+gem$, para plantio em vários outros locais com o mesmo padrão de interação $g \times e$ e da rede experimental;
- 4) para vários locais, penalizado pela instabilidade de cada genótipo (MHVG);
- 5) para a média dos locais, capitalizando a capacidade de resposta de cada genótipo à melhoria do ambiente (PRVG);
- 6) para a média dos locais, penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade (MHPRVG).

Seguindo essa recomendação, as diferentes precisões associadas aos valores genéticos preditos dos genótipos nos ambientes são automaticamente

consideradas pelo procedimento REML/BLUP. Nesse tipo de modelo e análise, ou seja, estudo de ensaios multilocais e anos, quando são ajustados via modelos mistos (REML/BLUP) são mais vantajosos e, acima de tudo, mais precisos, sobretudo pela facilidade e eficiência estatística com que permitem lidar com dados incompletos, por exemplo, para o caso em que nem todas as variedades encontram-se em todos os experimentos, como destacado por Resende (2007a). Smith et al. (2001) e Smith et al. (2005) ressaltam que esse tipo de modelagem e de análise vem sendo utilizado na Austrália e na Inglaterra.

2.5 Estimativas da significância dos efeitos do modelo

Na análise de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos do modelo não devem ser testados via teste F, tal como se faz no método da análise de variância (Resende, 2007a). Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste cientificamente recomendado, a fim de verificar a significância dos efeitos do modelo, por meio de uma análise de deviance, é o teste da razão de verossimilhança (*Likelihood ratio test* ou LRT). A análise de deviance ou desvios (ANADEV ou ANODEV) foi proposta por Resende (2007b) e é análoga ao método de Nelder & Wedderburn (1972) para variáveis discretas, o qual dá uma ideia da qualidade do ajuste do modelo. A deviance é uma estatística derivada da razão entre as verossimilhanças do modelo completo, ou modelo saturado, em relação ao modelo sem o efeito o qual se deseja testar.

Resende (2007a, 2007b) propõe o uso da análise de deviance com o objetivo de avaliar a significância dos efeitos do modelo estatístico no contexto da análise de modelos mistos. Um quadro similar ao quadro da análise de variância pode ser elaborado, podendo ser denominado de Análise de deviance (ANADEV) e é estabelecido seguindo os seguintes passos (Resende, 2007a): i) obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da

deviance $D = -2 \text{ Log } L$ para o modelo com e sem o efeito a ser testado; iii) efetuar a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (*Likelihood ratio* ou LR); iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença utilizando-se o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

A análise de deviance, como proposta por Resende (2007a), já vem sendo utilizada em trabalhos com plantas perenes (Lopes, 2007; Oliveira 2007; Resende 2007a) e em trabalhos com plantas anuais (Borges et al., 2009; Resende 2007a).

2.6 Acurácia de seleção

Nos experimentos de valor de cultivo e uso (VCU), conduzidos anualmente, visando à recomendação de cultivares melhoradas, conforme as exigências estabelecidas pelo Ministério da Agricultura, alguns parâmetros estatísticos têm sido recomendados para a avaliação da precisão e da qualidade desses experimentos. Nesse sentido, o coeficiente de variação ambiental (ou simplesmente CVe) é o que tem sido mais utilizado. No uso do CVe, este deve ser mantido em níveis adequados para cada espécie cultivada e caráter sob avaliação.

O uso do CVe, como forma de avaliar a qualidade experimental, já foi questionado por Cargnelutti Filho & Storck (2007), em trabalho com milho. Conforme esses autores, o CVe, por depender apenas da variação residual como proporção da média do experimento, serve somente para a classificação de experimentos com médias semelhantes. Porém, esses ensaios de avaliação de cultivares devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico, e não apenas sob a perspectiva estatística (Resende & Duarte, 2007).

Sobre a questão, o CVe não é o mais indicado para avaliar a qualidade experimental, apesar de seu uso histórico. Resende & Duarte (2007) enfatizam

que, nesse contexto, um parâmetro mais relevante para essa análise seria a acurácia seletiva, que considera as proporções entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação, além da magnitude da variação residual. A acurácia seletiva depende da herdabilidade e da repetibilidade do caráter, da quantidade e da qualidade das informações e procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos (Resende, 2002a). Além disso, a acurácia está associada à precisão de seleção, sendo, portanto, o principal elemento do progresso genético que o melhorista pode alterar, na tentativa de maximizar o ganho genético.

A acurácia evidencia alta precisão nas inferências das médias genotípicas, pois, de acordo com Resende (2002a) e Resende & Duarte (2007), ela tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das cultivares para fins de seleção e também sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico da cultivar (ou genótipo). Por ser uma correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito, a partir das informações dos experimentos, é representada por $r_{\hat{a}a}$ (Vleck et al., 1987).

Quando se está tratando de avaliação genética, é necessário predizer o valor genético (real) de um genótipo a partir de determinada informação fenotípica e, ainda, que tal genótipo tenha um determinado valor genético estimado ou predito \hat{a} . Assim, a variância dos valores genéticos “em volta” do valor estimado é conhecida como variância do erro de predição (PEV), a qual pode ser calculada como $PEV = \sigma_{\hat{a}a}^2 = (1 - r_{\hat{a}a}^2) \sigma_a^2$ (Vleck et al., 1987), em que $r_{\hat{a}a}^2$ (quadrado da acurácia) é um coeficiente de determinação da avaliação genética, também conhecido como confiabilidade (Resende, 2002a) ou quadrado da confiança de predição.

A variância do erro de predição dos valores genéticos é utilizada para a construção de intervalos de confiança dos valores genéticos preditos por meio da

expressão $VG \pm t(PEV)^2$, conforme (Resende, 2002a), em que t refere-se ao valor da distribuição t de *Student* associada a determinado nível de confiança, com $t = 1,96$, para 95% de probabilidade.

A acurácia também é importante na comparação de métodos de seleção, pois, quanto maior seu valor melhor preditor do valor genético verdadeiro é o método de seleção. A estatística acurácia varia de 0 a 1. Resende & Duarte (2007) classificam a acurácia como muito alta ($r_{aa} \geq 0,90$), alta ($0,70 \leq r_{aa} < 0,90$), moderada ($0,50 \leq r_{aa} < 0,70$) e baixa ($r_{aa} < 0,50$).

A acurácia seletiva foi utilizada, em experimentos com feijão, por Nesi (2008) e em batata-doce, por Borges et al. (2009).

2.7 Progresso genético

O progresso genético é uma informação de fundamental importância em programas de melhoramento. É baseado nela que os programas devem ser avaliados periodicamente, na tentativa de averiguar seu sucesso, buscar novas metodologias que venham ampliar sua eficácia, orientar futuras ações de pesquisa e uma reavaliação sobre os mesmos. Nesse contexto, a estimativa do progresso genético, obtida pelo programa de melhoramento, constitui uma das opções utilizadas na sua avaliação.

Com base em Fonseca Júnior (1997), faz-se necessário realizar um esclarecimento entre progresso genético, utilizado em genética quantitativa e progresso genético em um programa de melhoramento. Em genética quantitativa, o progresso genético ou ganho por seleção é estimado pelo contraste, obtido por ano, entre a média da população melhorada e a média da população original. No caso do progresso genético de um programa de melhoramento, como idéia básica, o ganho é estimado pela diferença entre as produções de genótipos de um determinado ano e as do ano imediatamente

interior. Considerando que, nesses experimentos, algumas linhagens são substituídas periodicamente por outras supostamente melhores, pode-se avaliar a eficiência em função da superioridade genética das linhagens presentes nos experimentos em determinado ano, em relação à dos anos anteriores (Moresco, 2003).

No primeiro caso, pressupõe-se que a população original é constituída por indivíduos geneticamente distintos. Por sua vez, a população melhorada é formada pela descendência dos indivíduos selecionados na geração anterior. No segundo caso, como se utilizam dados de ensaios regionais de competição de genótipos, a noção de população original fica prejudicada, visto que não existe uma única população original, da qual são selecionados indivíduos de maneira cíclica. Ou seja, os melhores genótipos, já fixados, são os selecionados e mantidos no ensaio e os piores são descartados e substituídos por novos genótipos, originados de outras populações segregantes (Fonsenca Júnior, 1997). Além disso, em genética quantitativa, a avaliação do contraste entre população melhorada e original ocorre no mesmo ano e no progresso de um programa de melhoramento, em anos diferentes.

Via de regra, verificar o progresso genético em um programa de melhoramento tem o sentido de estimar a contribuição efetiva do melhoramento genético na elevação da média dos genótipos selecionados em um ano e, posteriormente, testados no ano seguinte

Vencovsky et al. (1986) demonstraram que é possível que os dados dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) sejam utilizados para a estimação dos ganhos genéticos para produtividade de grãos. Essa estimativa fornece uma oportunidade de correlacionar ganhos alcançados com os métodos de melhoramento empregados, possibilitando a alteração dos objetivos propostos inicialmente; auxilia na identificação de caracteres com maior contribuição para o incremento da produtividade e da qualidade de grãos e para definir estratégias

a serem seguidas, a fim de que cada unidade de recursos investidos resulte no máximo ganho possível (Souza et al., 2007). Portanto, é necessário que, de tempos em tempos, em cada programa de melhoramento genético realize-se uma autoavaliação, no sentido de verificar se houve progresso efetivo, se determinada condição de cultivo (época de semeadura, ou região, etc.) foi privilegiada pelo melhoramento e para corrigir eventuais distorções de metas (Fonseca Júnior, 1997).

Existe, na literatura atual, uma série de metodologias, as quais podem ser empregadas para estimar progressos genéticos em programas de melhoramento das mais variadas culturas. No Brasil, vários trabalhos vêm sendo executados, utilizando e modificando tais métodos. Alguns desses são mencionados a seguir.

Método de Vencovsky et al. (1986): calcula a diferença entre as produções de genótipos de um determinado ano e as do ano imediatamente anterior. Considerando que, nesses experimentos, algumas cultivares são substituídas periodicamente por outras supostamente melhores, pode-se avaliar a eficiência em função da superioridade genética das cultivares presentes nos experimentos em determinado ano, em relação à dos anos anteriores (Moresco, 2003).

Método de Fernandes (1988): modificação do método de Vencovsky et al. (1986) pela introdução dos quadrados mínimos ponderados. Essa modificação visa evitar perda de informações, uma vez que, no método original, ao se efetuar a estimativa do desvio genético médio, as médias dos tratamentos nos anos intermediários se cancelam, utilizando-se apenas o primeiro e o último ano para o cálculo desta estimativa e eliminar correlações dos erros experimentais entre anos consecutivos.

Método de Moraes & Abbud (1993): semelhante ao método de Fernandes (1988), diferindo apenas na composição da matriz de ponderações.

Essa metodologia foi implementada por Breseghello et al. (1998), como será visto a seguir. Apesar de ser mais poderosa que a de Fernandes (1988), não foi amplamente utilizada (Moresco, 2003).

Método da regressão com dados originais (Abreu et al., 1994): estabelecimento de duas equações de regressão linear, uma para a cultivar padrão e outra para as demais, em que Y representa as médias originais do rendimento e X, os anos de experimentação (Abreu et al., 1994). O ganho é estimado pelo uso de um genótipo referencial, uma testemunha ao longo de todos os anos.

Método de Breseghello et al. (1998): modificação da metodologia de Vencovsky et al (1986) e semelhante à de Fernandes (1988), diferindo apenas na matriz de ponderação de variâncias e covariâncias que se baseia no número de observações. Nessa metodologia, algumas deficiências no método original (Vencovsky et al., 1986) e suas modificações (Método Fernandes, 1988) são corrigidas pelo uso de médias ajustadas. Esse método é bastante eficiente e versátil diante de dados desbalanceados e não exige testemunha-padrão (Soares et al., 1999). Pesquisadores da Embrapa Arroz e Feijão desenvolveram um software com esse método para distribuição livre, cujas funções básicas foram descritas por Breseghello et al. (1998).

O método consiste, basicamente, de quatro etapas: 1) análise conjunta da série de dados dos experimentos regionais por meio de um modelo linear generalizado, de forma a obter médias ajustadas dos genótipos e a matriz de covariância destas médias; 2) cálculo da média aritmética das médias ajustadas obtidas na análise conjunta para o grupo de genótipos avaliados em cada ano; 3) comparação dos anos, conforme as médias aritméticas obtidas e 4) estimativa do ganho genético médio por regressão.

Assim, conforme Breseghello et al. (1998), aplica-se o método dos quadrados mínimos generalizados para o cálculo da estimativa ponderada do

ganho genético médio no período. Este método permite um cancelamento das interações genótipos x ambientes e genótipos x experimentos/ano, resultando em estimativas mais precisas (Breseghello et al., 1998). Como dificuldade, podem-se citar a demanda de cálculos, a necessidade de programação computacional ou de um software bastante poderoso, como SAS^{MR}, o que nem sempre é possível, por não se tratar de um software livre e exigir bom treinamento com o mesmo.

Metodologia da regressão de dados padronizados (Fonseca Júnior, 1997): com o objetivo de eliminar o efeito de ano e aumentar a precisão da estimativa do ganho genético médio, Fonseca Júnior (1997) propôs uma padronização das médias dos tratamentos e das testemunhas. Uma vez obtidos os dados transformados, pode-se utilizar qualquer método já descrito para estimar o ganho genético (Moresco, 2003).

Método da regressão com médias ajustadas (Fonseca Júnior, 1997): nesta metodologia, os tratamentos são considerados como fatores fixos e os ambientes como aleatórios e utilizam-se equações de modelos mistos (MME). Apesar do uso de equações de modelos mistos, esta metodologia não é exatamente enquadrada na teoria de modelos mistos (REML/BLUP), pelo fato de os tratamentos serem considerados fixos.

Diversas análises foram realizadas com o objetivo de estimar os ganhos anuais dos diversos programas de melhoramento de arroz no Brasil. No Paraná (Abbud, 1991), em Minas Gerais (Souza et al., 2007; Santos et al., 1999; Soares et al., 1999, 1994; Soares & Ramalho, 1993), no Amapá (Atroch et al., 1999), na região nordeste (Breseghello et al., 1999), no meio-norte – Maranhão e Piauí (Rangel et al., 2000), Goiás, Minas Gerais, Maranhão, Piauí e Mato Grosso (Breseghello et al., 2006).

Especificamente em Minas Gerais, estudos têm apontado para a estagnação na produtividade de grãos no progresso do melhoramento de arroz de terras altas, a partir da década de 1990 (Santos et al., 1999). No entanto, de

acordo com esses autores, para as características qualidade de grãos e resistência a doenças, os ganhos foram significativos. Esse fato foi decorrente da mudança nos objetivos do programa de melhoramento de arroz de terras altas em Minas Gerais, que estabeleceu como prioridade, naquela década, a qualidade física e química dos grãos, em decorrência da preferência do consumidor e do maior preço de mercado do arroz irrigado, que era tipo agulhinha (longo e fino). Devido a isso, as linhagens obtidas a partir de então não tiveram a mesma pressão de seleção, no que se refere à produtividade de grãos, uma vez que aquelas com grãos tipo agulhinha eram selecionadas em detrimento de maior potencial produtivo (Souza et al., 2007; Rangel et al., 2000).

Um problema dos métodos citados anteriormente é que a maioria é baseada em estimativas de quadrados mínimos. Ou seja, todas as análises são baseadas em valores fenotípicos, o que, em virtude dos elevados graus de desbalanceamentos (de locais, repetição, anos, genótipos) e da dinâmica dos programas pela constante inserção (ou retirada) de um dos efeitos, torna a análise por demais trabalhosa, requerendo softwares estatísticos robustos e técnicas estatísticas não muito comuns, como quadrados mínimos ponderados, quadrados mínimos generalizados, estimadores de quadrados mínimos residuais e diversas formas de programação computacional. Além do que, valores fenotípicos costumam ser estimativas não fieis do valor genético verdadeiro.

Em arroz, de acordo com Abbud (1991), as estimativas obtidas pelos diversos métodos já desenvolvidos e aprimorados nem sempre foram comparáveis, o que seria desejável, afirmação também destacada por Breseghello et al. (2006). Modelos de análises de progresso genético com base em valores genotípicos (BLUP) ou baseando-se em modelos mistos (REML/BLUP) ainda não foram realizados (ou desenvolvidos), exceto pelo método de Fonseca Júnior (1997), que refere-se a BLUE e não a BLUP.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais de condução dos experimentos

Os locais e suas coordenadas geográficas, onde foram conduzidos os ensaios, são mostrados na Tabela 1. Foram 11 locais ao todo, distribuídos em várias regiões do estado de Minas Gerais que cultivam arroz de terras altas. O período considerado para esse estudo foi de onze anos, ou seja, entre 1997/1998 a 2007/2008. Contudo, nem todos locais foram contemplados em todos os anos agrícolas. A relação dos locais por ano agrícola é mostrada no Quadro 1.

QUADRO 1 Relação dos anos agrícolas e dos locais dos experimentos.

Ano agrícola	Local dos experimentos
1997/98	Lambari, Lavras, Patos de Minas
1998/99	Felixlândia, Lambari, Lavras, P. de Minas, Patrocínio e Uberaba
1999/00	Felixlândia, Lambari, Lavras, Paracatu, P. de Minas, Patrocínio, Uberaba
2000/01	Felixlândia, Lambari, Lavras, P. de Minas, Patrocínio e Uberaba
2001/02	Felixlândia, Lambari, Patos de Minas, Uberaba, Uberlândia e Viçosa
2002/03	Lambari, Lavras, Patos de Minas, Patrocínio, Uberaba, Uberlândia e Viçosa
2003/04	Felixlândia, Lambari, Patos de Minas, Patrocínio, Piumhi e Viçosa
2004/05	Felixlândia, Lambari, Lavras, Patos de Minas, Patrocínio e Viçosa
2005/06	Lambari, Lavras, Patos de Minas, Patrocínio e Piumhi
2006/07	Lambari, Lavras, Patos de Minas, Patrocínio, Piumhi e São Sebastião do Paraíso
2007/08	Lambari, Lavras, Patos de Minas, Patrocínio, Piumhi e São Sebastião do Paraíso

TABELA 1 Locais de instalação dos ensaios com as respectivas coordenadas geográficas.

Local	Altitude (m)	Longitude	Latitude
Lavras	919	45°00'	21°14'
Lambari	845	45°23'	21°58'
Patos de Minas	856	46°31'	18°46'
Patrocínio	972	47°00'	18°57'
Viçosa	650	42°51'	20°45'
São Sebastião do Paraíso	940	46°59'	20°54'
Uberaba	785	47°55'	19°45'
Felixlândia	614	44°58'	18°45'
Piumhi	760	45°56'	20°28'
Uberlândia	865	48°28'	18°92'
Paracatu	920	46°52'	17°13'

3.2 Cultivares e linhagens avaliadas

Foram utilizados os resultados de produtividade de grãos obtidos dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs) do Programa Cooperativo de Melhoramento de Arroz de Terras Altas, desenvolvido em Minas Gerais por meio da parceria UFLA, EPAMIG, UFV e Embrapa Arroz e Feijão, no período 1997/98 a 2007/08. Em cada ano agrícola, foram avaliadas vinte linhagens e cultivares, incluindo-se as testemunhas. E todos os anos, procederam-se a seleção e o descarte de linhagens de menor desempenho, mantendo-se as superiores. Eventualmente, também algumas testemunhas foram substituídas por outras mais recentes. Dessa forma, foram avaliadas 107 linhagens nos diferentes locais, ao longo dos 11 anos agrícolas. A relação das linhagens testadas em cada ano agrícola é apresentada na Tabela 2.

Para a realização das análises, foi necessário estruturar um conjunto de informações para auxiliar a entrada dos dados no aplicativo SELEGEN-REML/BLUP. Para as linhagens, foram concedidos códigos de 1 a 107, a partir do primeiro ano agrícola, no caso 1997/98. Para os locais, obedeceu-se esta mesma regra, tendo a sequência sido de 1 a 11, por se tratar de onze localidades. Da mesma forma, os anos foram codificados de 1 a 11. Esta organização é mostrada na Tabela 3.

TABELA 2 Relação das linhagens utilizadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs) em Minas Gerais, no período de 1997/98 a 2007/08. Lavras, MG, 2009.

1997/98	1998/99	1999/2000	2000/2001	2001/2002	2002/2003	2003/2004	2004/2005	2005/2006	2006/2007	2007/2008
CNA 8541	CNA 8436	CNAs 8983	BRS Colosso	CRO 97505-s.d.	CNAs 10227	MG 1089	MG 1097	BRA 01596	BRSMG Caravera	BRSMG Caravera
CNA 8536	BRS Primavera	IAC 202	CNAs 8824	Guarani	CNAs 8983	BRSMG Caravera	Curinga-3	Curinga-3	CMG 1124	BRS Pepita
CNA 8436	CNA 8536	CNAs 8824	BRS Primavera	BRSMG Conai	Carisma	CNAs 10227	BRSMG Caravera	BRA 01506	CG3-118-6	MG 1097
BRS Talento	Carisma	CNAs 8817	Guarani	BRS Colosso	BRS Pepita	Guarani	Carisma	BRSMG Caravera	BRA 01506	CG3-118-6
BRS Primavera	Canastra	BRSMG Curinga	CNAs 8983	BRS Primavera	BRS Colosso	MG 1084	MG 1084	MG 1102	Caiapó	BRA 032033
CNA 8551	BRS Talento	Carisma	CRO 97422	BRS Pepita	GUARANI	BRSMG Conai	CNAs 10227	YIN LU 31	Carisma	CMG 1154
Carisma	IAC 202	Guarani	CNAs 8938	Carisma	MG 1081	BRSMG Relâmpago	BRSMG Relâmpago	MG 1097	CNAs 9027-3	CMG 1152
CNA 8564	CNA 8541	BRS Talento	MG 1066	CNAs 9027	BRS Primavera	CNAs 10217	BRSMG Conai	MG 1101	Canastra	CMG 1167
BRS Bonança	Caiapó	BRS Primavera	CRO 97505	CNAs 8824	BRSMG CONAI	CRO 97505-5	MG 1089	Canastra	MG 1101	BRSMG Relâmpago
CNA 8535	Guarani	CNAs 8818	MG 1043	CNAs 9021	MG 1074	MG 1095	CNAs 10217	BRSMG Relâmpago	BRS Pepita	CMG 1289
Guarani	BRS Bonança	Caiapó	CNAs 8817	CNAs 9026	MG 1066	MG 1093	CNAs 8957-1	MG 1089	YIN LU 31	BRSMG Curinga
Canastra	CNA 8707	Canastra	BRSMG Curinga	MG 1067	CNAs 9026	Carisma-SP	CNAs 8938-1	MG 1066-1	BRSMG Conai	CMG 1124
Caiapó	Douradão	MG 1045	Carisma-SP	MG 1066	CRO97505-5	MG 1078	Canastra	Carisma	BRSMG Relâmpago	BRSMG Conai
IAC 1483	CG3-1519	CNAs 8962	IAC 202	CNAs 8817	CNAs 10260	MG 1087	MG 1078	MG 1103	MG 1102	CMG 1174
CNA 8552	CNA 8711	IAC 1437	Caiapó	BRSMG Curinga	CNAs 10255	Canastra	MG 1093	Caiapó	CAPRI-L-100	CMG 1164
CNA 8553	IAC 1483	MG 1046	CNAs 8957	CNAs 8983	MG 1077	MG 1088	YIN LU 31	BRSMG Conai	BRSMG Curinga	CMG 1304
Douradão	CNA 8798	MG 1044	CNAs 8960	CNAs 9060	Caiapó	Caiapó	Japonês	CNAs 10217	BRA 01596	CMG 1366
Confiança	CNA 8693	L 95-2	Canastra	CNAs 9045	Canastra	MG 1085	Caiapó	CNAs 10227	Japonês	Canastra
CNA 8543	Confiança	CNAs 8822	MG 1057	Caiapó	CNAs 9023	MG 1086	CNAs 10260	Japonês	MG 1097	BRA 042156
CNA 8561	CNA 8712	Confiança	Confiança	Canastra	MG 1080	CNAs 10260	CNAs 8817-2	CNAs 8957-1	CNAs 9027-2	BRA 042160

TABELA 3 Codificação dos genótipos, de 1 a 107, a partir do primeiro ano agrícola (1997/98).

Genótipo	Código	Genótipo	Código	Genótipo	Código	Genótipo	Código	Genótipo	Código
CNA 8541	1	CG3-1519	23	MG 1066	43	CNAs 10255	61	MG 1103	84
CNA 8536	2	CNA 8711	24	MG 1066-1	106	MG 1077	62	CMG 1124	85
CNA 8436	3	CNA 8798	25	CRO 97505	44	CNAs 9023	63	CG3-118-6	86
CNA 8540	4	CNA 8693	26	CRO97505-5	100	MG 1080	64	CAPRI-L-100	87
BRS Primavera	5	CNA 8712	27	MG 1043	45	MG 1089	65	BRA 032033	88
CNA 8551	6	CNAs 8983	28	CNAs 8957	46	BRSMG Caravera	66	CMG 1154	89
Carisma	7	CNAs 8824	29	CNAs 8957-1	103	MG 1084	67	CMG 1152	90
Carisma-SP	101	CNAs 8817	30	CNAs 8960	47	BRSMG Relâmpago	68	CMG 1167	91
CNA 8564	8	CNAs 8817-2	105	MG 1057	48	CNAs 10217	69	CMG 1289	92
BRS Bonança	9	BRSMG Curinga	31	BRSMG Conai	49	MG 1095	70	CMG 1174	93
CNA 8535	10	Curinga-3	102	BRS Pepita	50	MG 1093	71	CMG 1164	94
Guarani	11	CNAs 8818	32	Pepita – 2	108	MG 1078	72	CMG 1304	95
Canastra	12	MG 1045	33	CNAs9027	51	MG 1087	73	CMG 1366	96
Caiapó	13	CNAs 8962	34	CNAs 9027 – 3	107	MG 1088	74	BRA 042156	97
IAC 1483	14	IAC 1437	35	CNAs9021	52	MG 1085	75	BRA 042160	98
CNA 8552	15	MG 1046	36	CNAs9026	53	MG 1086	76		
CNA 8553	16	MG 1044	37	MG 1067	54	MG 1097	77		
Douradão	17	L 95-2	38	CNAs9060	55	YIN LU 31	78		
Confiança	18	CNAs 8822	39	CNAs9045	56	JAPONÉS	79		
CNA 8543	19	BRS Colosso	40	CNAs 10227	57	BRA 01596	80		
CNA 8561	20	CRO 97422	41	MG 1081	58	BRA 01506	81		
IAC 202	21	CNAs 8938	42	MG 1074	59	MG 1102	82		
CNA 8707	22	CNAs 8938-1	104	CNAs 10260	60	MG 1101	83		

3.3 Condução dos experimentos no campo

Para todos os ensaios, utilizou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas de cinco linhas de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,4 m (10,00 m²), utilizando-se a densidade de 70 sementes por metro linear. Como área útil da parcela experimental, foram colhidos os 4 m centrais das três linhas internas (4,80 m²).

A época de implantação dos ensaios no campo variou bastante e ocorreu a partir do terceiro decêndio de outubro até o segundo decêndio de dezembro de cada ano, dependendo do local, das condições climáticas e da disponibilidade de mão-de-obra, entre outros fatores. No plantio, aplicou-se uma adubação básica de 300 kg ha⁻¹ da fórmula 8-28-16 + 0,5% (NPK+Zn) e, em cobertura, 40 kg ha⁻¹ de N, aos 40 dias após a semeadura. Em Lavras, realizaram-se duas coberturas com 60 kg ha⁻¹ de N, parceladas em duas vezes, aos 30 e 60 dias após a semeadura, respectivamente. Para o controle preventivo de pragas, as sementes foram tratadas com produtos à base de carbofuran (1,5 L p.c./100 kg de sementes) e as plantas invasoras controladas por meio de herbicidas associados a capina manual. Não foi feito controle de doenças, para permitir o seu surgimento e o descarte de linhagens suscetíveis.

3.4 Modelo estatístico e análises

Para as análises estatísticas, utilizou-se o seguinte modelo linear:

$$y_{ijkn} = \mu + g_i + b_{j/k/n} + a_k + l_n + ga_{ik} + gl_{kn} + gal_{ikn} + gbal_{ij/k/n}$$

em que: y_{ijkn} é o valor da observação referente ao tratamento i na repetição j , no ano k dentro do local n ; g_i é o efeito do genótipo i ; μ é a média geral; $b_{j/k/n}$ é

o efeito do bloco j dentro do ano k dentro do local n ; a_k é o efeito do ano de plantio k ; l_n é o efeito do local n ; ga_{ik} é o efeito da interação genótipos x anos de plantio; gl_{kn} é o efeito da interação genótipos x locais; gal_{ikn} é o efeito da interação genótipos x anos x locais; $gbal_{ij/k/n}$ é o erro ou resíduo aleatório.

Na forma matricial, o modelo correspondente é:

$$y = Xb + Zg + Qga + Tgl + Ugl_a + e$$

sendo

y o vetor de observações; b o vetor dos efeitos das combinações bloco-local-ano (efeitos fixos do modelo) somados à média geral; g o vetor de efeitos genotípicos, g (assumido como aleatórios); ga o vetor dos efeitos da interação de genótipos x anos, ga (aleatórios); gl o vetor dos efeitos das interações de genótipos x locais, gl (aleatório); gla o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos, gla (assumidos como aleatórios); e o vetor de erros (aleatórios). X , Z , Q , T e U representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos, respectivamente.

Os efeitos de anos, locais e bloco/anos/locais são agrupados no efeito b , pois são efeitos puramente ambientais.

A estrutura de médias e variâncias é dada a seguir, conforme Resende (2007a):

$$E \begin{pmatrix} y \\ g \\ ga \\ gl \\ gla \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{ e } \text{var} \begin{pmatrix} g \\ ga \\ gl \\ gla \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ & I\sigma_{ga}^2 & 0 & 0 & 0 \\ & & I\sigma_{gl}^2 & 0 & 0 \\ & & & I\sigma_{gla}^2 & 0 \\ & & & & I\sigma_e^2 \end{pmatrix}$$

simétrica

As equações de modelo misto para o modelo adotado são:

$$\begin{pmatrix} \hat{b} \\ g\% \\ g\% \\ g\% \\ g\% \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'X & X'Z & X'Q & X'T & X'U \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z'Q & Z'T & Z'U \\ Q'X & Q'Z & Q'Q + I\lambda_2 & Q'T & Q'U \\ T'X & T'Z & T'Q & T'T + I\lambda_3 & T'U \\ U'X & U'Z & U'Q & U'T & U'U + I\lambda_4 \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \\ Q'y \\ T'y \\ U'y \end{pmatrix}$$

sendo

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_{ga}^2 - c_{gl}^2 - c_{gla}^2}{h_g^2},$$

$$\lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{ga}^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_{ga}^2 - c_{gl}^2 - c_{gla}^2}{c_{ga}^2},$$

$$\lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{gl}^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_{ga}^2 - c_{gl}^2 - c_{gla}^2}{c_{gl}^2} \text{ e}$$

$$\lambda_4 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{gla}^2} = \frac{1 - h_g^2 - c_{ga}^2 - c_{gl}^2 - c_{gla}^2}{c_{gla}^2}$$

3.5 Estimativas da significância dos efeitos do modelo

A significância dos efeitos do modelo foi estimada pela análise de deviance, conforme recomendações de Resende (2007a). As deviances foram obtidas por meio de análises com e sem os efeitos de g, ga, gl e gla. Em seguida, subtraiu-se da deviance do modelo completo, confrontando-o com o valor do qui-quadrado com um grau de liberdade, a 1% e 5% de probabilidade.

3.6 Estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância

Os parâmetros genéticos estimados foram obtidos conforme descrição de Resende (2002a, 2007a), como mostrado a seguir:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{gl}^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_{gla}^2 + \sigma_e^2} : \text{herdabilidade dos efeitos de genótipos};$$

$$C_{ga}^2 = \frac{\sigma_{ga}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{gl}^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_{gla}^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação } ga;$$

$$C_{gl}^2 = \frac{\sigma_{gl}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_{gl}^2 + \sigma_{gla}^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação } gl;$$

$$C_{gla}^2 = \frac{\sigma_{gla}^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{gl}^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma_{gla}^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos da interação } gla.$$

Os componentes de variâncias necessários para a obtenção dos BLUPs foram estimados pelo método REML, conforme descrito por Resende (2002a, 2007a):

$$\sigma_e^2 = \frac{y'y - \hat{b}'Xy - \hat{g}'Zy - g\hat{a}Q'y - g\hat{l}T'y - g\hat{l}aU'y}{N - r(x)}$$

$$\sigma_g^2 = \frac{g'g + \sigma_e^2 \text{tr}C^{22}}{p}, \sigma_{ga}^2 = \frac{ga'ga + \sigma_e^2 \text{tr}C^{33}}{q},$$

$$\sigma_{gl}^2 = \frac{gl'gl + \sigma_e^2 \text{tr}C^{44}}{s} \text{ e } \sigma_{gla}^2 = \frac{gla'gla + \sigma_e^2 \text{tr}C^{55}}{v}$$

sendo que C^{22} , C^{33} , C^{44} e C^{55} advêm de:

$$C = \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} & C_{15} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} & C_{25} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} & C_{35} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} & C_{45} \\ C_{51} & C_{52} & C_{53} & C_{54} & C_{55} \end{pmatrix} \quad \text{e}$$

$$C^{-1} = \begin{pmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} & C^{15} \\ C^{32} & C^{22} & C^{23} & C^{24} & C^{25} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} & C^{35} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} & C^{45} \\ C^{51} & C^{52} & C^{53} & C^{54} & C^{55} \end{pmatrix}$$

em que C: matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos, em que C_{ii} representa o elemento na diagonal da matriz coeficiente correspondente ao genótipo i e C^{ii} representa o mesmo elemento em C^{-1} ; tr: operador traço matricial; r(x): rank ou posto da matriz X; N, p, q, s, v: número total de dados, número de genótipos, número de combinações genótipos x anos, número de combinações genótipos x locais e número de combinações genótipos x locais x anos, respectivamente.

Por meio desse modelo são obtidos os preditores BLUP empíricos (EBLUP) dos valores genotípicos livres da interação, dados por $\hat{u} + \hat{g}_i$, em que

\hat{u} é a média de todos os locais e \hat{g}_i é o efeito genotípico livre da interação genótipos x ambientes. Para cada local j , os valores genotípicos preditos (VG) são dados por $\hat{u}_j + \hat{g}_i + (\hat{ge})_{ij}$, em que u_j é a média do local j , g_i é o efeito genotípico do genótipo i , e $(\hat{ge})_{ij}$ é o efeito da interação do genótipo i com o ambiente j .

A predição dos valores genotípicos, capitalizando a interação média (*gem*) nos diferentes ambientes (locais e anos), é dada por $\hat{u} + \hat{g}_i + \hat{gem}$, sendo calculada por $u + \left[(\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{gal}^2 / n) / \hat{\sigma}_g^2 \right] \hat{g}_i$, em que, \hat{u} é a média geral de todos os locais, n é o número ambientes (locais) e \hat{g}_i é o efeito genotípico do genótipo i .

3.7 Estimativas dos valores de MHVG, PRVG e MHPRVG

Os valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para a avaliação da estabilidade, da performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) para a adaptabilidade e da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) para a estabilidade, a adaptabilidade e a produtividade, simultaneamente, para todos os genótipos foram obtidos conforme as expressões:

$$MHVG = \frac{l}{\sum_{i=1}^l \frac{1}{VG_j}}, \quad PRVG = \frac{1}{l} \left(\frac{\sum VG_j}{M_j} \right) \quad \text{e} \quad MHPRVG = \frac{l}{\sum_{i=1}^l \frac{1}{PRVG_j}},$$

em que l : número de locais; VG: valor genotípico; j : genótipos.

3.8 Acurácia de seleção

A acurácia seletiva foi obtida por meio de $\hat{r}_{gg} = \sqrt{\frac{1 - PEV}{\sigma_g^2}}$

(Resende, 2002a; Resende & Duarte, 2007), sendo: *PEV*: variância do erro de predição dos valores genotípicos e σ_g^2 : variância genotípica.

3.9 Progresso genético

Para a obtenção do progresso genético, utilizaram-se os valores genotípicos médios ($u + g + gem$) das cultivares e linhagens de cada ano agrícola, utilizando-se o aplicativo SELEGEN REML/BLUP versão janeiro 2008. Esses valores são obtidos adotando-se o modelo estatístico 114 – delineamento em blocos completos com interação tripla, estabilidade e adaptabilidade – método MHPRVG (Resende, 2007b), os quais são livres de toda interação com locais e anos.

As estimativas dos ganhos genéticos anuais, acumulados, acumulados percentuais e ganho genético anual médio foram obtidas procedendo-se da seguinte forma:

- a) considerou-se o primeiro ano agrícola (1997/98) como ano base ou de referência;
- b) determinaram-se os valores genotípicos médios dos novos genótipos introduzidos nos anos posteriores ao ano base;
- c) os ganhos genéticos anuais foram obtidos subtraindo-se os valores genotípicos médios de um determinado ano agrícola do imediatamente anterior;
- d) os ganhos acumulados foram obtidos somando-se os ganhos genéticos anuais, ano a ano;

- e) os ganhos genéticos acumulados percentuais foram obtidos, dividindo-se os ganhos acumulados pelo valor genotípico médio do ano base, multiplicando o resultado por 100;
- f) o ganho genético médio anual (%) foi obtido dividindo-se por 10 o ganho genético acumulado percentual nos dez anos.

4 RESULTADOS E DISCUSSÕES

4.1 Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos

Os resultados referentes aos componentes de Variância (REML Individual) e parâmetros genéticos para a análise conjunta, envolvendo 107 genótipos, 11 locais e 11 anos, para o caráter produtividade de grãos, são apresentados na Tabela 4.

A estimativa do coeficiente de determinação dos efeitos genotípicos (dada pela herdabilidade no sentido amplo h^2_g ,) livre das interações de um dado genótipo num dado local e ano, foi de $0,097 \pm 0,023$. Considerando os efeitos da interação, envolvendo simultaneamente genótipos, locais e anos, esse valor é considerado baixo, assim como seus desvios, pois é livre de todas as interações. Ou seja, a herdabilidade está deflacionada da interação genótipos x locais, genótipos x anos e genótipos x locais x anos. Isso já era esperado e está coerente com a natureza quantitativa do caráter.

Os coeficientes de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos ($c2ga$), genótipos x locais ($c2gl$) e genótipos x locais x anos ($c2gla$), foram, respectivamente, de 0,047, 0,051 e 0,019, ou seja, 4,7%, 5,1% e 1,9%. Esses valores referem-se à proporção da variabilidade fenotípica total explicada pela interação. Logo, as interações genótipos x anos e genótipos x locais foram maiores que a interação tripla genótipos x locais x anos. Portanto, a interação tripla (gla) influenciou menos a V_f que as interações ga e gl . Em feijão, Carbonell et al. (2007) encontraram coeficientes de determinação que variaram entre 0,165 e 0,325, para 15 locais, em dois anos. Esses valores têm magnitude bem superior aos do presente estudo.

TABELA 4 Estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos para produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de arroz, envolvendo 107 cultivares e linhagens testadas em 11 locais e 11 anos. 1997/98 a 2007/08.

Estimativas	Valores
Vg (variância genotípica)	57742,19
Vga (variância da interação genótipos x anos)	27878,57
Vgl (variância da interação genótipos x locais)	30266,24
Vgla (variância da interação genótipos x locais x anos)	11532,16
Ve (variância residual)	468824,33
Vf (variância fenotípica individual)	596063,49
^{1/} h ² g (herdabilidade no sentido amplo)	0,097 ± 0,023
c2ga (coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x anos)	0,047
c2gl (coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais)	0,051
c2gla (coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x locais x anos)	0,019
rgl (correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer ano)	0,656
rga (correlação genotípica através dos anos, válida para qualquer local)	0,674
rgl_a (correlação genotípica através dos locais, em um dado ano)	0,739
rga_l (correlação genotípica através dos anos, em um dado local)	0,759
Rgl_ma (correlação genotípica através dos locais, para a média de todos os anos)	0,669
rga_ml (correlação genotípica através dos anos, para a média de todos os locais)	0,682
rgla (correlação genotípica através dos locais e anos)	0,454
Média geral	3521,724

^{1/}: h²g = h², ou seja, dos efeitos genotípicos totais.

Quanto aos componentes de variâncias (genotípica- V_g , interação genótipos x anos V_{ga} , e interação genótipos x locais x anos V_{gla}), a V_g (57742,19) foi a que mais contribuiu para a variância fenotípica – V_f (596063,49), indicando que a variabilidade genotípica entre os genótipos testados foi mais expressiva que as variâncias das respectivas interações. A variância da interação genótipos x locais – V_{gl} (30266,24) foi ligeiramente superior a variância da interação genótipos x anos – V_{ga} (27878,57) e ambas foram bastante superiores a variância da interação genótipos x locais x anos – V_{gla} (11532,16), sugerindo que esta última foi a que menos contribuiu para a variância fenotípica – V_f .

As correlações genotípicas através dos ambientes, designadas por r_{gl} , r_{ga} , r_{gl_a} , r_{ga_l} , r_{gl_ma} , r_{ga_ml} e r_{gla} , foram, respectivamente, de 0,656, 0,674, 0,739, 0,759, 0,669, 0,682, 0,454 (Tabela 4). Esses valores são considerados de magnitude mediana a alta (correlação média de 0,66), indicando níveis de interação variando de moderada a alta. Portanto, a classificação dos genótipos através dos ambientes não foi rigorosamente a mesma, ou seja, os genótipos tiveram comportamentos diferenciados nos ambientes estudados. Como a maioria dos valores das correlações está próxima de 0,8, segundo Cruz & Castoldi (1991), há predominância de interação do tipo simples. Ou seja, a causa dessa interação é a diferença de variabilidade entre as linhagens nos diferentes ambientes. Esse tipo de interação, de acordo com Cruz & Carneiro (2003), não acarreta problemas, uma vez que os melhores genótipos em um ambiente também o são em outros.

Valores de correlação genotípica, através dos locais, válida para qualquer ano (r_{gl}), de magnitude baixa a mediana, indicam alteração no ordenamento de genótipos nos diferentes locais, pois uma correlação genotípica baixa ou média indica alta interação genótipos x ambientes, o que altera o ordenamento dos genótipos através dos locais. A baixa magnitude de r_{gla}

(0,454) encontrada nesse trabalho revela nível moderado de interação complexa, corroborando a premissa de que os genótipos não tiveram o mesmo comportamento nos diversos locais onde foram avaliados. Assim, um genótipo classificado como de ótima produtividade no local 1 não necessariamente foi no local 2. No estudo de Oliveira et al. (2005), a concordância no ordenamento entre os dez primeiros genótipos para os três locais foi de 80%. Carbonell et al. (2007) também encontraram concordância de 80%, só que para os cinco primeiros genótipos, para quinze ambientes envolvidos no estudo.

A correlação genotípica através dos locais, em um dado ano (r_{gl_a}), foi de 0,739, cuja magnitude indica que os genótipos tiveram desempenho bastante semelhante através dos locais, o que facilitou a seleção de linhagens ao longo dos locais. De modo semelhante, a correlação genotípica, através dos anos, em um dado local (r_{ga_l}), foi de 0,759, indicando que os desempenhos dos genótipos foram pouco afetados pelo efeito de ano. Isso é até surpreendente por se tratar de arroz de terras altas, onde as condições climáticas são muito oscilantes.

As correlações genotípicas através dos locais para a média de todos os anos (r_{gl_ma}) e as correlações genotípicas através dos anos para a média de todos os locais (r_{ga_ml}) possuem valores de magnitude mediana (0,669 e 0,682, respectivamente). Logo, é importante testar os genótipos, tanto em vários locais quanto em vários anos. A ligeira superioridade da r_{ga_ml} em relação a r_{gl_ma} reflete influência levemente menor do efeito de anos do que de locais, no desempenho dos genótipos. Esse resultado corrobora o obtido por Atroch et al. (2000).

Bastos et al. (2007), estudando o caráter toneladas de brix por hectare em cana-de-açúcar, em sete ambientes, encontraram valor de $r_{gl} = 0,49$, o qual foi declarado pelos autores como sendo de magnitude moderada. Para o caráter produção de grãos de feijão, Carbonell et al. (2007) encontraram valor de $r_{gl} =$

0,085 e, de acordo com Resende (2007a), é do tipo complexa e alta. Para o caráter tonelada de cana por hectare (TCH), em cana-de-açúcar, Oliveira et al. (2005) detectaram, para três locais, rgl igual 0,62, sendo considerada de magnitude média pelos autores. Em *Pinus*, para o caráter diâmetro a altura do peito (DAP), Pinto Júnior et al. (2006) relataram valores para rgl variando de 0,63 a 0,76, considerado, pelos autores, como de baixa magnitude para o caráter, confirmado pelo coeficiente de determinação dos efeitos da interação, que variou de 0,0099 a 0,0229. Também para DAP, Martinez (2006) encontrou, para acácia, valor de rgl igual a 0,2888, considerado por ele como de baixa magnitude. Em erva-mate, Sturion & Resende (2005) relatam rgl igual a 0,402, considerado no trabalho como de baixa correlação genética e alta interação.

4.2 Análise de deviance para a significância dos efeitos do modelo

O resultado da análise de deviance para efeitos de genótipos e os efeitos das interações genótipos x locais, genótipos x anos e genótipos x locais x anos, seus respectivos componentes de variância e coeficientes de determinação na análise conjunta envolvendo os 11 locais e 11 anos, é apresentado na Tabela 5.

Examinando-se a Tabela 5, verifica-se, pela análise de deviance, que os efeitos de genótipos, das interações genótipos x local e genótipos x anos, bem como seus componentes de variância (V_g , V_{gl} e V_{ga}) e coeficientes de determinação (h^2 , $c2gl$ e $c2ga$) dos respectivos efeitos foram estatisticamente significativos. Portanto, apenas o efeito da interação tripla genótipos x locais x anos, assim como seus respectivos componentes de variância (v_{gla}) e coeficientes de determinação ($c2gla$) não o foram. A análise de deviance evidencia, assim, a presença de variabilidade genética entre as linhagens testadas e interação de locais e anos com cada genótipo individualmente.

TABELA 5 Análise de deviance (ANADEV), componentes de variância e coeficientes de determinação referentes à análise conjunta global envolvendo 107 cultivares e linhagens testadas em 11 locais e 11 anos, 1997/98 a 2007/08. Lavras, MG, 2009.

Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
Genótipos	19453,87 ⁺	15,20**	Vg = 57742,195005**	h ² _g = 0,096873**
Genótipos x locais	19444,21 ⁺	5,54*	Vgl = 30266, 242126*	c2gl = 0,050777*
Genótipos x anos	19443,79 ⁺	5,12*	Vga = 27878,573228*	c2ga = 0,046771 *
Genótipo x locais x anos	19438,58 ⁺	0,08 ^{ns}	Vgla = 11352,159572 ^{ns}	c2gla = 0,019045 ^{ns}
Resíduo		-	Vê = 468824,322573	c2res = 0,837311
Modelo Completo	19438,67	-	-	c2Total = 1,0000

⁺: Deviance do modelo ajustado sem os efeitos correspondente; * e **: Significativo pelo teste qui-quadrado, a 5% (3,84) e a 1% (6,63), respectivamente.

Atroch et al. (2000), que estudaram a adaptabilidade e a estabilidade fenotípicas de nove linhagens de arroz de terras altas testadas em Minas Gerais em quatro locais e em três anos, identificaram interação significativa para genótipos x locais, genótipos x anos e genótipos x locais x anos. Ainda conforme os mesmos autores, a magnitude da interação genótipos x locais (de 63.155,000) foi mais expressiva que a interação genótipos x anos (de 22.728,000), sugerindo que se deveria, como forma de otimizar o programa de melhoramento de arroz de terras altas, testar as linhagens em um número maior de locais do que anos. No presente estudo, a magnitude da interação Vgl foi ligeiramente superior a Vga (Tabela 5), corroborando os resultados de Atroch et al. (2000). Assim, o comportamento dos genótipos nesse estudo foi semelhante ao encontrado por esses autores, exceção feita apenas aos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos. Todavia, pelos valores genotípicos, as diferenças entre os efeitos das interações de genótipos x locais (deviance de 19444,21) e genótipos x anos (deviance de 19443,79) foram de baixa magnitude e próximas entre si.

4.3 Interação genótipos x locais

Os valores da interação genótipos x locais para Lambari, a título de exemplo, são relatados na Tabela 6 e, para os demais locais, no Anexo 2A. Os sinais positivos e negativos dos valores de *gl* indicam, respectivamente, se o local é favorável ou desfavorável ao determinado genótipo e, ainda, a possibilidade de aumentar ou não a performance genotípica.

TABELA 6 Valores da interação genótipos x locais (*gl*) para as 20 cultivares e linhagens testadas em 11 locais e 11 anos, tomando apenas o local Lambari, 1997/98 a 2007/08.

Linhagem/Local	Valores <i>gl</i>
CNA8541/Lambari	64,8001
CNA8536/Lambari	76,1953
CNA8436/Lambari	20,1162
BRS Talento/Lambari	- 0,1264
BRS Primavera/Lambari	20,3869
CNA8551/Lambari	16,2968
Carisma/Lambari	41,4065
CNA8564/Lambari	-39,8556
BRS Bonança/Lambari	4,0015
CNA8535/Lambari	-29,9818
Guarani/Lambari	38,5792
Canastra/Lambari	-180,5059
Caiapó/Lambari	-146,4494
IAC1483/Lambari	-45,6540
CNA8552/Lambari	7,1369
CNA8553/Lambari	-6,9827
Douradão/Lambari	-69,3972
Confiança/Lambari	27,3668
CNA8543/Lambari	-1,3842
CNA8561/Lambari	-42,5630

Dessa forma, o valor -69,3972, destacado na Tabela 6, refere-se ao efeito do local Lambari na cultivar Douradão, como desvios em relação à média geral, livre dos demais efeitos. Portanto, a cultivar Douradão possui performance ruim em Lambari. Por outro lado, as linhagens CNA 8536 (76,1953) e CNA 8541 (64,8001) são as que apresentam maior interação positiva com Lambari, enquanto a cultivar Canastra, a menor (-180,5059). Cabe ressaltar que o ambiente de Lambari é altamente favorável à incidência de brusone nas panículas, o que afeta em demasia a produtividade de grãos. Dessa forma, as cultivares e linhagens de maior suscetibilidade a essa enfermidade têm desempenho inferior.

Outras interações *gl* que merecem destaque (Anexo 2A), por exemplo, são as cultivares Confiança e Guarani em Lavras, cujos valores são de -380.00 e de 200.00, respectivamente. Logo, o ambiente de Lavras é altamente favorável a Guarani e desfavorável a Confiança. Em Lavras há também alta pressão de brusone das panículas, favorecendo os materiais tolerantes e desfavorecendo os suscetíveis.

Além do mais, o solo, embora argiloso, comporta-se como arenoso e as cultivares e as linhagens mais tolerantes à seca são favorecidas, ocorrendo o contrário com as menos tolerantes. Portanto, o local Lavras ocasiona um efeito altamente depressivo na cultivar Confiança (planta do tipo moderno, ou seja, de porte baixo, maior quantidade de panículas, grãos longo e fino) e, por outro lado, interage positivamente com a Guarani, que é do tipo tradicional e resistente à seca. A interação da BRSMG Caravera com o local Lambari apresentou valor de $gl = 162,02$, evidenciando interação altamente positiva.

Outra interação que merece atenção é a da cultivar Carisma com o local Patos de Minas, cujo valor de *gl* foi de -160,00 (Anexo 2A). A suscetibilidade a raças de brusone presentes em Patos de Minas contribuíram para o desempenho inferior dessa cultivar nesse local. Além disso, a Carisma apresenta alta

esterilidade das espiguetas, causada por outros fungos. Doenças e estresse hídrico, certamente, foram as principais causas da interação *gl* e do baixo desempenho de muitas linhagens.

4.4 Seleção genotípica – Todos os locais

As linhagens, os valores genotípicos preditos ($u+g$), o ganho genotípico médio com a seleção, as novas médias ou médias melhoradas e os valores genotípicos médios ($u+g+gem$) das 107 cultivares e linhagens testadas nos 11 locais e nos 11 anos são apresentados no Anexo 3A. Para simplificar a apresentação e a discussão desses resultados, construiu-se a Tabela 7, com os 25 materiais superiores. Deve-se lembrar que os valores genotípicos preditos ($u+g$) são livres da interação ge e os valores genotípicos médios nos diferentes locais ($u+g+gem$) capitalizam a interação média em todos os ambientes.

Nota-se, nessa tabela, que a classificação dos 25 materiais segue a mesma ordem pelos dois critérios ($u+g$ e $u+g+gem$). Contudo, pelo critério $u+g+gem$, os valores são de magnitudes superiores, exatamente pela capitalização da interação média.

Ao selecionar as cinco primeiras cultivares e linhagens (em destaque na Tabela 7), observa-se que o valor genotípico predito ($u+g$) é de $3.773,78 \text{ kg ha}^{-1}$ e que há um ganho de $344,90 \text{ kg ha}^{-1}$, com a nova média passando a ser de $3.866,63$ e o valor genotípico médio nos vários ambientes, de $3.785,79 \text{ kg ha}^{-1}$. O ganho pode também ser expresso em porcentagem, bastando, para isso, dividi-lo pela nova média. Portanto, a seleção das cinco cultivares e linhagens superiores proporciona um ganho de 8,92%. Caso selecione-se apenas BRSMG Caravera, o ganho seria de 12,147%.

TABELA 7 Ordem, genótipo, efeito dos genótipos (g), valores genotípicos preditos (u+g), o ganho genotípico médio com a seleção, as novas médias ou médias melhoradas e os valores genotípicos médios nos vários ambientes (u+g+gem), considerando os 107 genótipos, 11 locais e 11 anos, 1997/98 a 2007/08

Ordem	Linhagem	g	u+g	Ganho médio	Nova média	u+g+gem
1	BRSMG Caravera	502,1684	4023,8924	502,168	4023,8924	4047,8213
2	Curinga-3	436,0575	3957,7815	469,1130	3990,8370	3978,5601
3	MG 1089	273,5961	3795,3201	403,9407	3925,6647	3808,3572
4	MG 1097	260,6339	3782,3579	368,1140	3889,8380	3794,7774
5	CNA 8436	252,0607	3773,7847	344,9033	3866,6273	3785,7956
6	BRA 01506	221,3974	3743,1214	324,3190	3846,0430	3753,6712
7	CNA 8983	220,0061	3741,7301	309,4172	3831,1412	3752,2136
8	Guarani	209,5344	3731,2584	296,9318	3818,6558	3741,2429
9	Carisma	198,6687	3720,3927	286,0137	3807,7377	3729,8595
10	CNA 8536	195,3195	3717,0435	276,9443	3798,6683	3726,3506
11	CNA 01596	192,8383	3714,5623	269,2983	3791,0223	3723,7513
12	BRS Colosso	188,6175	3710,3415	262,5749	3784,2989	3719,3293
13	CNA 8824	183,2705	3704,9945	256,4745	3778,1985	3713,7275
14	CRO 97505	179,3317	3701,0557	250,9643	3772,6883	3709,6010
15	CNA10227	178,7187	3700,4427	246,14800	3767,872	3708,9588
16	IAC 202	177,6025	3699,3265	241,8639	3763,5879	3707,7894
17	CNA 8541	176,7384	3698,4624	238,0330	3759,7570	3706,8842
18	BRS Primavera	176,5963	3698,3203	234,6198	3756,3438	3706,7353
19	MG 1084	168,9305	3690,6545	231,1625	3752,8865	3698,7042
20	CG3- 118-6	155,8789	3677,6029	227,3983	3749,1223	3685,0307
21	BRS Pepita	150,3723	3672,0963	223,7304	3745,4544	3679,2617
22	BRSMG Conai	146,9177	3668,6417	220,2389	3741,9629	3675,6425
23	MG 1044	143,6716	3665,3956	216,9099	3738,6339	3672,2417
24	BRS Talento	137,1272	3658,8512	213,5856	3735,3096	3665,3855
25	BRSMG Relâmpago	131,6773	3653,4013	210,3093	3732,0333	3659,6758
...
107	CNAs 8822	-	3107,3871	0,0000	3521,7240	3087,6436
		414,3368				
Média geral	3521,7240					

É importante ressaltar que, pelos valores $u+g$, é possível recomendar as cultivares para os locais que não participaram da rede experimental, uma vez que os desempenhos dos materiais são livres da interação ge . Por outro lado, a recomendação pelos valores $u+g+gem$ limita-se aos locais da rede experimental, ou então, no caso de outros locais, só será eficaz se estes apresentarem o mesmo padrão de interação ge da rede experimental avaliada. Caso contrário, a recomendação baseada no critério dos valores $u+g$ é mais segura.

O grande destaque deste estudo foi a comprovação do excelente desempenho da cultivar BRSMG Caravera, lançada em 2007, para cultivo em Minas Gerais. A referida cultivar foi superior a todos os demais genótipos no quesito produtividade de grãos, sugerindo sua adoção em plantios comerciais. Ela possibilita um ganho de 502,17 kg ha⁻¹.

Outras considerações acerca dos resultados da Tabela 7 podem ser feitas: o desempenho de algumas linhagens é alterado com o decorrer dos anos, sobretudo com relação à quebra de resistência à brusone das panículas, ou seja, linhagens tolerantes tornam-se altamente suscetíveis antes ou logo após o lançamento. Exemplos são a CNA 8983, lançada como nova cultivar e suspensa antes da comercialização da semente e a BRS Colosso, suspensa com um ano de plantio. Por outro lado, a cultivar Guarani, que era resistente durante o lançamento (1986), tornou-se suscetível e, após alguns anos de cultivo, tornou-se a tolerante, confirmando o bom desempenho (oitava posição no ranking) nesse estudo.

Merece ser destacado também que, entre os 25 genótipos superiores, encontram-se todas as cultivares lançadas/recomendadas para Minas Gerais, na última década (BRS Primavera, Carisma, BRS Talento, BRS Colosso, BRSMG Conai, BRS Pepita, BRSMG Caravera e BRSMG Relâmpago), sendo a única exceção a cultivar BRSMG Curinga. Essa cultivar tem ciclo um pouco tardio para as condições de terras altas e sofre mais os efeitos dos frequentes veranicos

que ocorrem nos meses de fevereiro e março. Outras duas linhagens que estão em vias de lançamento são a MG 1097 e a CG3-118-6, também citadas na Tabela 7. Isso já era esperado, uma vez que produtividade de grãos sempre foi uma característica de grande valor no momento da seleção.

Embora, no presente trabalho, os dados da Tabela 7 não tenham efeito prático para seleção de linhagens, devido ao longo período envolvido no estudo, pois a grande maioria delas até já foi descartada, eles são importantes para avaliação do programa de melhoramento (que é o objetivo principal deste estudo), sobretudo, para se conhecer o desempenho das cultivares atualmente em uso. Contudo, essa metodologia tem maior importância se for aplicada aos dados anuais dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCUs) para auxiliar na seleção e descarte de linhagens.

4.5 Seleção genotípica por local

A classificação completa, envolvendo todas as linhagens por local é apresentada no Anexo 4A. Para simplificar a apresentação e a discussão desses resultados, construiu-se a Tabela 8, contendo apenas as dez linhagens superiores.

O ordenamento das dez melhores linhagens, por local, nos onze anos do estudo, os efeitos genotípicos ($g+ge$), os valores genotípicos preditos para cada local (representado por $u+g+ge$), o ganho genotípico médio com a seleção e a nova média ou média melhorada são mostrados na Tabela 8. Esses valores são capitalizados pela interação com os locais e a seleção por local usa simultaneamente a informação de todos os locais em relação aos diferentes anos de cultivo.

Observa-se, pelos dados da Tabela 8, que os cinco melhores genótipos por local foram: **local 1 (Lambari)**: BRSMG Caravera, Curinga-3, MG 1089, MG 1097 e BRA 01506; **local 2 (Lavras)**: Curinga-3, BRSMG Caravera, Guarani, MG 1097 e CNAs 8983; **local 3 (Patos de Minas)**: BRSMG Caravera,

Curinga-3, MG 1089, CNA 8436 e MG 1097; **local 4 (Patrocínio)**: Curinga-3, BRSMG Caravera, CNA8436, MG1089 e Guarani; **local 5 (Uberaba)**: CNA 8436, Carisma, CRO 97505, BRS Primavera e CNA8536 e **local 6 (Felixlândia)**: BRSMG Caravera, Curinga-3, MG 1044, MG 1089 e Carisma; **local 7 (Paracatu)**: CNA 8983, IAC 202, CNA 8824, BRS Talento e Carisma; **local 8 (Uberlândia)**: BRS Primavera, Guarani, CRO97505, CNA 8824 e BRSMG Conai; **local 9 (Viçosa)**: Curinga-3, BRSMG Caravera, Carisma, MG 1089 e MG 1097; **local 10 (Piumhi)**: BRSMG Caravera, Curinga-3, MG1089, BRA 01506 e Carisma; **local 11 (São Sebastião do Paraíso)**: BRSMG Caravera, Carisma, BRA 01596, BRA 01506 e MG 1097. Para as cinco melhores linhagens, verifica-se que, ao menos quatro (BRSMG Caravera, Curinga-3, MG 1089 e MG 1097) são coincidentes, em pelo menos sete dos onze locais, como os de maiores médias de produtividade de grãos.

TABELA 8 Ordenamento das dez melhores linhagens, por local, envolvendo os onze anos, os efeitos genotípicos (g+ge), os valores genotípicos preditos para cada local (u+g+ge), o ganho genotípico médio e a nova média, 1997/98 a 2007/08.

Local	Ordem	Linhagem	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1 – Lambari						
	1	BRSMG Caravera	664,1878	3762,9571	664,1878	3762,9571
	2	Curinga-3	457,7668	3556,5360	560,9773	3659,7465
	3	MG1089	409,6674	3508,4366	510,5406	3609,3099
	4	MG1097	368,6662	3467,4354	475,0720	3573,8413
	5	BRA01506	304,0750	3402,8443	440,8726	3539,6419
	6	BRA01596	274,7831	3373,5523	413,1910	3511,9603
	7	CNA8436	272,1769	3370,9461	393,0462	3491,8154
	8	CNA8536	271,5148	3370,2840	377,8547	3476,6240
	9	MG1084	254,9710	3353,7402	364,2010	3462,9702
	10	Guarani	248,1136	3346,8828	352,5922	3451,3615
2 – Lavras						
	1	Curinga-3	504,4244	4008,6836	504,4244	4008,6836
	2	BRSMG Caravera	462,5417	3966,8009	483,4830	3987,7423
	3	Guarani	410,2707	3914,5299	459,0789	3963,3382
	4	MG1097	404,9006	3909,1598	445,5343	3949,7936
	5	CNA8983	390,4708	3894,7301	434,5216	3938,7809
	6	BRA01506	286,6628	3790,9221	409,8785	3914,1377
	7	BRS Colosso	282,1587	3786,4180	391,6328	3895,8921
	8	CNA8824	264,3018	3768,5611	375,7164	3879,9757
	9	BRA01596	261,4010	3765,6603	363,0147	3867,2740
	10	IAC202	258,1507	3762,4099	352,5283	3856,7876
3 – P. de Minas						
	1	BRSMG Caravera	563,1688	4305,1713	563,1688	4305,1713
	2	Curinga-3	410,8046	4152,8070	486,9867	4228,9892
	3	MG1089	386,1642	4128,1967	453,3892	4195,3917
	4	CNA8436	329,0791	4071,0845	422,3117	4164,3141
	5	MG1097	311,4051	4053,4075	400,1304	4142,1328
	6	CNA10227	295,5067	4037,5091	382,6931	4124,6955
	7	Guarani	291,1511	4033,1536	369,6157	4111,6181
	8	BRA01506	228,7824	3970,7848	352,0115	4094,0140
	9	CNA8536	216,4692	3958,4716	336,9512	4078,9537
	10	CRO97505	201,9600	3943,9625	323,4521	4065,4546
4 – Patrocínio						
	1	Curinga-3	505,4366	3387,9982	505,4366	3387,9982
	2	BRSMG Caravera	435,8195	3318,3801	470,6275	3353,1891
	3	CNA8436	306,8862	3189,4478	416,0471	3298,6087
	4	MG1089	251,4290	3133,9907	374,8926	3257,4542
	5	Guarani	235,2310	3117,7926	346,9603	3229,5219
	6	MG1097	235,1606	3117,7222	328,3270	3210,8886
	7	CNA8983	231,09990	3113,6606	314,4373	3196,9989
	8	IAC202	217,5278	3100,0894	302,3236	3184,8852
	9	BRS Primavera	208,2025	3090,7641	291,8657	3174,4273
	10	BRS Colosso	204,9696	3087,5312	283,1761	3166,7377

Continua...

Tabela 8 continuação.

Local	Ordem	Linhagem	u+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
5 – Uberaba						
	1	CNA8436	311,3752	4588,0063	311,3752	4588,0063
	2	Carisma	278,3790	4555,0101	294,8771	4571,5082
	3	CRO97505	251,1145	4527,7456	280,2896	4556,9207
	4	BRS Primavera	223,9937	4500,6248	266,2156	4542,8467
	5	CNA8536	205,2582	4481,8894	254,0241	4530,6553
	6	Colosso	195,6097	4472,2408	244,2884	4520,9195
	7	CNA8824	194,7332	4471,3644	237,2091	4513,8402
	8	CNA8983	180,3115	4456,9427	230,0969	4506,7280
	9	Conai	180,2069	4456,8381	224,5536	4501,1847
	10	CNA8541	175,3779	4452,0091	219,1507	4496,2671
6 – Felixlândia						
	1	BRSMG Caravera	578,6699	4434,1014	578,6699	4434,1014
	2	Curinga-3	473,8245	4329,2661	526,2522	4381,6838
	3	MG1044	382,2974	4237,7290	478,2673	4333,6988
	4	MG1089	320,0100	4175,4415	438,7029	4294,1345
	5	Carisma	286,0888	4141,5203	408,1801	4263,6117
	6	Guarani	280,4474	4135,8789	386,8913	4242,3229
	7	MG1097	273,9138	4129,3454	370,7517	4226,1832
	8	CNA8824	240,0849	4095,5165	354,4183	4209,8499
	9	CNA8436	219,4080	4070,8396	339,4172	4194,8487
	10	CNA10227	211,2132	4066,6448	326,5968	4182,0284
7 – Paracatu						
	1	CNA8983	373,7044	5797,5605	373,7044	5797,5605
	2	IAC202	342,1196	5665,9757	307,9120	5731,7681
	3	CNA8824	236,5475	5660,4036	284,1238	5707,9799
	4	BRS Talento	234,9594	5658,8155	271,8327	5695,6888
	5	Carisma	205,5431	5629,3992	258,5748	5682,4309
	6	BRS Primavera	197,5861	5629,3992	248,4100	5672,2661
	7	CNA8817	120,4615	5621,4422	230,1317	5653,9878
	8	Curinga	110,6170	5544,3176	215,1923	5639,0484
	9	MG1044	81,8352	5505,6913	200,3749	5624,2310
	10	Guarani	78,5783	5429,9176	188,1952	5612,0513
8 – Uberlândia						
	1	BRS Primavera	228,6393	3773,8572	228,6393	3773,8572
	2	Guarani	222,5944	3767,8123	225,6168	3770,8347
	3	CRO97505	208,9714	3754,1892	220,0683	3765,2862
	4	CNA8824	206,2166	3751,4345	216,6054	3761,8223
	5	BRSMG Conai	189,4904	3734,7082	211,1824	3756,4003
	6	Carisma	180,5315	3725,7494	206,0739	3751,2918
	7	CNA10227	179,4316	3724,6495	202,2679	3747,4858
	8	CNA8983	175,3472	3720,5651	198,9028	3744,1207
	9	BRS Colosso	167,3422	3712,5601	195,3960	3740,6139
	10	MG1081	154,7354	3699,9532	191,3300	3736,5479

Continua...

Tabela 8 continuação..

Local	Ordem	Linhagem	u+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
9 – Viçosa	1	Curinga-3	502,3616	4534,5216	502,3616	4534,5216
	2	BRSMG Caravera	489,3477	4521,5077	495,8546	4528,0147
	3	Carisma	293,2008	4325,3608	428,3034	4460,4634
	4	MG1089	292,7629	4324,9229	394,4183	4426,5783
	5	MG1097	281,8070	4313,9670	371,8960	4404,0560
	6	CNA10227	277,1009	4309,2609	354,0968	4388,2568
	7	BRS Primavera	259,1552	4291,3152	342,2480	4374,4080
	8	CNA8983	232,8985	4265,0585	328,5793	4360,7393
	9	BRS Colosso	224,9494	4257,1094	317,0649	4349,2249
	10	MG1084	194,7449	4226,9049	304,8329	4336,9929
10 – Piumhi	1	BRSMG Caravera	521,1295	4143,2107	521,1295	4143,2107
	2	Curinga-3	426,3378	4048,4190	473,7336	4095,8149
	3	MG1089	300,5673	3922,6485	416,0115	4038,0927
	4	BRA01506	279,5089	3901,5901	381,8859	4003,9671
	5	Carisma	241,3985	3863,4797	353,7884	3975,8696
	6	MG1084	203,5483	3825,6295	328,7484	3950,8296
	7	CG3-118-6	203,3244	3825,4056	310,8307	3932,9119
	8	BRSMG Conai	186,7113	3808,7925	295,3157	3917,3970
	9	BRA032033	181,4606	3803,5418	282,6652	3904,7464
	10	CNA10227	179,5346	3801,6158	272,3521	3894,4333
11 – S.S.Paraíso	1	BRSMG Caravera	565,7000	3351,6019	565,7000	3351,6019
	2	Carisma	237,8211	3023,7230	401,7605	3187,6625
	3	BRA01596	181,7082	2967,6102	328,4097	3114,3117
	4	BRA01506	180,2704	2966,1724	291,3749	3077,2769
	5	MG1097	171,3783	2957,2803	267,3756	3053,2776
	6	CG3-118-6	137,1933	2923,0953	245,6785	3031,5805
	7	BRSMG Relâmpago	136,5879	2922,4899	230,0942	3015,9961
	8	MG1101	124,9900	2910,8920	216,9561	3002,8581
	9	BRSMG Conai	120,6340	2906,5360	206,2537	2992,1557
	10	CMG1124	111,8454	2897,7474	196,8128	2982,7148

Constata-se também que há linhagens de comportamento específico, assim como linhagens de comportamento amplo (Tabela 8). A esse respeito, pode-se destacar que a BRSMG Caravera possui comportamento amplo e boa performance para oito locais (Lambari, Lavras, Patos de Minas, Patrocínio, Felixlândia, Viçosa, Piumhi e São Sebastiao do Paraíso), ocupando a primeira ou a segunda posição no ordenamento por local. Os três locais onde a BRSMG Caravera não aparece como destaque são, portanto, Paracatu, Uberaba e

Uberlândia. Isso ocorreu, provavelmente, porque esta cultivar não foi testada nesses três locais, uma vez que a mesma foi incluída na rede de ensaios a partir de 2003/04, quando os referidos locais não mais faziam parte da rede de testes.

Outro genótipo de comportamento amplo é o Curinga-3, que é uma linhagem derivada da cultivar BRSMG Curinga e que deu entrada nos ensaios a partir do ano 2004/05 e que aparece como destaque em sete locais (os mesmos ocupados pela BRSMG Caravera, exceto São Sebastião do Paraíso). A ausência da Curinga-3 entre as mais produtivas nos outros quatro locais (Paracatu, Uberaba, Uberlândia e São Sebastião do Paraíso), possivelmente, deve-se ao fato de ela não ter sido testada nos mesmos. Essa linhagem foi descartada pelo fato de possuir alta temperatura de gelatinização e baixo teor de amilose características essas que causam empapamento do arroz após o cozimento. A alta performance dessas linhagens já foi evidenciada na análise para todos os locais (Tabela 7).

Como linhagens de comportamentos específicos, destacam-se a cultivar BRSMG Conai, que foi específica para Uberlândia; a linhagem CNA 8536, para Uberaba e a BRA 01596, para São Sebastião do Paraíso. O aproveitamento dos efeitos favoráveis da interação de genótipos com ambientes implica que se tenha, para cada ambiente, a linhagem mais adaptada (Chaves, 2002).

Nos locais onde os três primeiros genótipos foram coincidentes (Lambari, Patos de Minas e Piumhi), no caso BRSMG Caravera, Curinga-3 e MG 1089, houve diferença nos valores da nova média, ou média melhorada, e ganhos com a seleção, sendo estes iguais a $3.609,31 \text{ kg ha}^{-1}$, $4.195,37 \text{ kg ha}^{-1}$ e $4.038,09 \text{ kg ha}^{-1}$, respectivamente. Patos de Minas e Piumhi concorrem para novas médias maiores e semelhantes entre si, embora o ganho, considerando essas três linhagens, tenha sido menor do que em Lambari. Isso está em função dos valores de $g+ge$, que são superiores em Lambari.

Em termos de locais, Paracatu é o ambiente em que os genótipos apresentam o terceiro menor ganho (258,57), para os cinco melhores, à frente apenas de Uberaba (254,02) e de Uberlândia (211,18), porém, é onde os valores genotípicos preditos ($u+g+ge$), assim como a média melhorada, são maiores (5.629,40 kg ha⁻¹ e 5.682,43, kg ha⁻¹ respectivamente). Dessa forma, Paracatu é o local que mais influencia, de forma positiva, a produtividade de grãos dos genótipos e onde a interação é mais capitalizada. Contudo, o maior ganho ocorre em Lambari (440,87 kg ha⁻¹, para os cinco melhores), no entanto, seus valores genotípicos e de média melhorada são intermediários frente aos demais locais.

Considerando todos os locais, a BRSMG Caravera foi a que mais vezes se classificou em primeiro lugar no ordenamento, seguida da Curinga-3, MG1089, CNA8436 e MG1097. Esses materiais comportaram-se como os de maior valor genotípico predito para cada local.

4.6 Estabilidade dos valores genotípicos / MHVG

A MHVG, que é média harmônica dos valores genotípicos, computa a estabilidade e a produtividade de grãos, simultaneamente. Assim, a seleção baseada na MHVG contempla esses dois atributos conjuntamente. Como a MHVG penaliza a instabilidade, quando genótipos são avaliados em diversos locais, o resultado é que a nova média obtida é ajustada por essa penalização.

TABELA 9 Média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para os 25 genótipos superiores para estabilidade e produtividade, simultaneamente, envolvendo 11 locais e 11 anos, 1997/98 a 2007/08

Ordem	Genótipo	MHVG ¹
1	Curinga-3	3965,7407
2	CNA8983	3935,5052
3	Guarani	3932,2042
4	BRSMG Caravera	3925,6388
5	CNA8824	3898,9942
6	BRS Primavera	3892,9927
7	IAC 202	3881,9464
8	MG 1044	3847,5332
9	BRS Talento	3831,1953
10	Carisma	3791,9405
11	MG 1089	3784,6090
12	CNA 8436	3776,5669
13	BRS Colosso	3766,6489
14	CRO 97505	3753,6273
15	CNAs 8817	3753,3675
16	CNAs 10227	3752,0841
17	CNA 8536	3714,4728
18	CNA 8541	3695,5609
19	MG 1081	3693,0454
20	MG 1084	3676,6225
21	MG 1097	3657,6763
22	CRO 97595-5	3645,5295
23	BRS Pepita	3625,9889
24	BRSMG Conai	3622,2405
25	CNAs 8818	3615,2055
...
107	BRA 042160	2920,3389

¹Valor expresso em kg ha⁻¹.

O resultado da avaliação da MHVG para os 107 genótipos testados em 11 locais e 11 anos é relatado no Anexo 5A. Para simplificar a discussão desses resultados, construiu-se a Tabela 9, com as 25 melhores linhagens. Dessa forma, os valores da MHVG, apresentados na Tabela 9, são os próprios valores da

produtividade de grãos, penalizados pela instabilidade. Isso certamente facilita a seleção das linhagens produtivas e, ao mesmo tempo, mais estáveis. De acordo com Paterniani (1986), a instabilidade climática e a heterogeneidade dos solos são maiores nas condições tropicais, exigindo que as cultivares recomendadas aos agricultores devam aliar produtividade de grãos e maior estabilidade. Portanto, o critério MHVG atende exatamente a essas duas premissas que a cultivar deve apresentar.

Observando-se os resultados da Tabela 9, verifica-se, que dentre as cultivares comerciais, as que melhor associam produtividade com estabilidade em ordem decrescente, são: a Guarani, a BRSMG Caravera, a BRS Primavera, a IAC 202, a BRS Talento, a Carisma, a BRS Colosso, a BRS Pepita e a BRSMG Conai. A linhagem MG 1097, em vias de lançamento, também, é destaque nesse quesito. Entre as cultivares atualmente mais aceitas no mercado, destacam-se a BRSMG Caravera e a BRS Primavera (um dos genitores da BRSMG Caravera) que, mais uma vez, mostraram bom desempenho em diferentes condições ambientais, respondendo com boa estabilidade.

A BRSMG Caravera, a BRS Primavera e outras cultivares relacionadas na Tabela 9 atendem também o critério de Cruz et al. (1989), que afirmam que o genótipo de comportamento ideal deve possuir elevada média de produtividade de grãos e baixa sensibilidade às mudanças de ambiente.

Portanto, os genótipos já mencionados apresentam-se como consistentes de ano para ano, pela baixa variabilidade temporal e, de local para local, pela baixa variabilidade espacial.

4.7 Adaptabilidade de valores genotípicos / PRVG

Adaptabilidade é a capacidade de as linhagens responderem de forma vantajosa à melhoria do ambiente (Mariott et al., 1976), portanto, essa é uma característica de grande valor e procurada pelos fitomelhoristas para as novas cultivares. Para identificar essa característica é necessário utilizar métodos apropriados e, dentre estes, está a performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), que capitaliza a capacidade de resposta de cada linhagem à melhoria do ambiente. Para isso, procedeu-se ao estudo de adaptabilidade, utilizando-se a PRVG para os 107 materiais testados em 11 locais e 11 anos. Os resultados desse estudo estão apresentados no Anexo 6A.

TABELA 10 Performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) e PRVG multiplicada pela média geral (MG) dos 25 genótipos superiores para adaptabilidade e produtividade, simultaneamente, 1997/98 a 2007/08.

Ordem	Linhagem	PRVG	PRVG*MG
1	BRSMG Caravera	1,1583	4079,2178
2	Curinga-3	1,1346	3995,6427
3	MG1089	1,0842	3818,1402
4	MG1097	1,0812	3807,8344
5	CNA8436	1,0784	3797,9539
6	BRA01506	1,0734	3780,1209
7	BRA01596	1,0650	3750,6794
8	CNA8983	1,0619	3739,5941
9	Guarani	1,0617	3738,8621
10	CNA 8536	1,0609	3736,1965
11	Carisma	1,0568	3721,7246
12	BRS Colosso	1,0565	3720,5658
13	CNA 8541	1,0553	3716,6242
14	CRO 97505	1,0532	3709,1384
15	MG 1084	1,0525	3706,7537
16	CNA 10227	1,0519	3704,4213
17	IAC 202	1,0519	3704,4102
18	CNA8824	1,0518	3704,3109
19	CG3118-6	1,0518	3704,0770
20	BRS Primavera	1,0501	3698,2976
21	BRS Pepita	1,0447	3679,2935
22	BRSMG Conai	1,0436	3675,3468
23	MG1044	1,0428	3672,6262
24	BRSMG Relâmpago	1,0420	3669,7384
25	CNA 8540	1,0391	3659,4915
...
107	CNA8822	0,881	3102,5516

Utilizando-se a PRVG dos 25 genótipos superiores para esse quesito, construiu-se a Tabela 10, que contém também a PRVGxMG, que é a PRVG multiplicada pela média geral (MG) de todos os locais e anos que, no caso, é 3.706,26 kg ha⁻¹. Assim, a PRVG*MG é um valor genotípico médio, capitalizado pela interação.

Observando-se os dados da Tabela 10, constata-se que a cultivar BRSMG Caravera foi, no conjunto das 107 linhagens avaliadas, a que apresentou maior adaptabilidade genotípica associada à produtividade de grãos, respondendo, assim, com grande vantagem, à melhoria dos ambientes. Destacam-se também, dentre as cultivares comerciais, em ordem decrescente, a Guarani, a Carisma, a BRS Colosso, a IAC 202, a BRS Primavera, a BRS Pepita, a BRSMG Conai, a BRSMG Relâmpago e a BRS Talento. Por coincidência, à exceção da BRSMG Relâmpago, todas as outras sete cultivares estão entre as 25 de maior estabilidade (Tabela 9), agregando adaptabilidade e estabilidade genotípicas. A linhagem MG 1097, em vias de lançamento como nova cultivar, também exibe excelente adaptabilidade genotípica, ocupando a quarta posição na Tabela 10. Este estudo confirma a boa performance das cultivares lançadas e/ou recomendadas para Minas Gerais, nos quesitos adaptabilidade e estabilidade genotípicas, dando segurança aos agricultores no plantio dessas cultivares.

4.8 Estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos / MHPRVG

O método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), que se baseia em valores genotípicos preditos, via modelos mistos, agrupa, em uma única estatística, a estabilidade, a adaptabilidade e a produtividade, facilitando, de modo singular, a seleção de linhagens superiores. O resultado da avaliação da MHPRVG das 107 linhagens nos 11 anos e 11 locais está apresentado no Anexo 7A. Para facilitar a leitura do Anexo 7A, construiu-se a Tabela 11, que inclui as 25 linhagens superiores para MHPRVG, bem como para MHPRVG*MG, que é o resultado do produto da MHPRVG pela média geral de todos os locais e anos (3.706,261 kg ha⁻¹). Assim, a MHPRVG*MG fornece os valores linhagens de cada cultivar/linhagem penalizados pela instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade. A avaliação conjunta da estabilidade, adaptabilidade e produtividade, representada pela MHPRVG e MHPRVG*MG dos 25 melhores genótipos, é, portanto, mostrada na Tabela 11.

TABELA 11 Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e MHPRVG multiplicada pela média geral (MG) dos 25 genótipos superiores para estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente, 1997/98-2007/08.

Ordem	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG ¹
1	BRSMG Caravera	1,1575	4076,3951
2	Curinga-3	1,1342	3994,3049
3	MG 1089	1,0834	3815,3367
4	MG 1097	1,0807	3806,0925
5	CNA 8436	1,0782	3796,9495
6	BRA 01506	1,0732	3779,4792
7	BRA 01596	1,0648	3749,9076
8	CNA 8983	1,0614	3738,0063
9	Guarani	1,0609	3736,0658
10	CNA 8536	1,0607	3735,6471
11	BRS Colosso	1,0563	3720,0135
12	Carisma	1,0562	3719,5867
13	CNA 8541	1,0552	3716,1395
14	CRO 97505	1,0531	3708,8900
15	MG1084	1,0523	3705,7963
16	CG3-118-6	1,0518	3704,0213
17	CNA10227	1,0517	3703,7696
18	CNA8824	1,0517	3703,6673
19	IAC202	1,0514	3702,9104
20	BRS Primavera	1,0499	3697,3111
21	BRS Pepita	1,0446	3678,8670
22	BRSMG Conai	1,0436	3675,1
23	MG1044	1,0421	3670,1552
24	BRSMG Relâmpago	1,0418	3668,9247
25	BRS Talento	1,0389	3658,6243
...
107	CNA8822	0,8807	3101,6226

¹: Valores em kg ha⁻¹.

O método MHPRVG é similar ao método de Lin & Bins (1988), com a ressalva de que é realizado sobre os valores genotípicos e não fenotípicos. Resende (2004) comparou o referido método com o de Lin & Bins (1988) e o de Annicchiarico (1992), utilizando valores genotípicos e observou que os mesmos fornecem resultados análogos. Entretanto, a MHPRVG, além de ser estimada por REML/BLUP, fornece os resultados na própria escala de avaliação do caráter.

As cinco melhores linhagens, considerando todos os ambientes deste estudo com base no método MHPRVG, foram: BRSMG Caravera, Curinga-3,

MG 1089, MG 1097 e CNA 8436. Assim, a BRSMG Caravera respondeu, em média, 1,16 vez a média dos locais em que foi cultivada; já a Curinga-3 respondeu 1,13 vez e assim sucessivamente para as demais linhagens.

As outras cultivares comerciais que se destacaram entre as 25 melhores, nos quesitos produtividade de grãos, estabilidade e adaptabilidade, simultaneamente, foram a Guarani, a BRS Colosso, a Carisma, a IAC 202, a BRS Primavera, a BRS Pepita, a BRSMG Conai, a BRSMG Relâmpago e a BRS Talento. Destas, estão em desuso ou muito pouco plantadas, a Guarani, a BRS Colosso e a IAC 202, sendo a Guarani por problemas de qualidade de grãos e as outras duas por apresentarem alta suscetibilidade à brusone da panícula. Portanto, atualmente, os agricultores têm disponível no mercado poucas cultivares de alto valor. As linhagens MG 1097 e CG3 118-6, em vias de lançamento, também se destacaram no tocante à produtividade de grãos, à estabilidade e à adaptabilidade, ocupando a quarta e a décima sexta posições, respectivamente, no ordenamento pela MHPRVG.

Vale ressaltar que a linhagem CNA 8436, que não foi lançada como cultivar, foi avaliada somente nos anos 1997/98 e 1998/99, no entanto, aparece como uma das mais estáveis, adaptadas e produtivas (quinto no ordenamento pela MHPRVG, com produtividade igual a 3.796,95 kg ha⁻¹). A alta estabilidade e adaptabilidade pode estar superestimada, pois tal linhagem foi avaliada em pequeno número de ambientes.

Observando-se as cinco linhagens seguintes, em destaque na Tabela 11 (BRA 015506, BRA 01596, CNAs 8983, Guarani e CNA 8536), é pertinente salientar que o comportamento delas é semelhante e muito próximo ao das linhagens ordenadas na 3^a, 4^a e 5^a posição. Sobre isso, pode-se ver que esses materiais responderam de 1,08 a 1,06 vez a média dos locais onde foram cultivados.

Em síntese, a BRSMG Caravera e a Curinga-3 apresentam superioridade média de 15,7% e 13,8%, respectivamente, sobre a média geral dos 107 genótipos, nos 11 locais e nos 11 anos. Já a MG 1089 tem superioridade de apenas 8%, e assim sucessivamente. Portanto, a BRSMG Caravera e a Curinga-3 são bem superiores às demais, pela MHPRVG, de forma simultânea, para adaptabilidade, estabilidade e produtividade, confirmando seus desempenhos nas análises MHVG e PRVG. Chama a atenção também que as seis melhores linhagens ordenados pela PRVG, MHPRVG e os quatro pela $u+g+gem$ (Tabela 7) foram coincidentes, confirmando que os materiais mais adaptados também são os mais produtivos. Porém, dos cinco melhores materiais obtidos pela MHVG, apenas a BRSMG Caravera e a Curinga-3 foram os mesmos para PRVG e MHPRVG. O único material que esteve em primeira ou segunda posição no ordenamento pelos três métodos foi Curinga-3. A BRSMG Caravera só não esteve na primeira posição no ordenamento de $u+g+ge$ (nos locais Lavras e Patrocínio da Tabela 8). Isso confirma que há diferença entre materiais, quanto à estabilidade e à adaptabilidade.

Nenhuma das linhagens que entrou no último ano da análise (2007/08) está entre os 25 superiores. Isso, de certa forma, já era esperado, uma vez que, pelo critério do método REML/BLUP, materiais que aparecem menos nas avaliações são mais penalizados pelo efeito “shrinkage”.

Estudos utilizando o método MHPRVG foram realizados em outras espécies. Em cana-de-açúcar, para o caráter TCH, Oliveira et al. (2005) encontraram valores para MHPRVG iguais a 1,28 e 1,19, para os clones ordenados em primeiro e segundo lugares, respectivamente. Nesse estudo os clones foram avaliados em três locais num único ano. No trabalho de Bastos et al. (2007), também com cana-de-açúcar, os valores para MHPRVG do primeiro e segundo clone no ranqueamento foram de 1,21 e 1,17, respectivamente. Com feijão, Carbonell et al. (2007) relatam valores de MHPRVG iguais a 1,11 e 1,10,

para o primeiro e segundo genótipo, respectivamente. Como se observa, são valores semelhantes aos do presente trabalho (1,157 e 1,134, respectivamente).

A literatura brasileira é, até certo ponto, defasada no que se refere à utilização de modelos mistos (REML/BLUP) tanto no melhoramento genético de plantas, especialmente anuais, como em áreas da fitotecnia com ensaios multiambientais. No entanto, em países como Inglaterra e Austrália (Smith et al., 2005; Smith et al., 2001), Canadá (Yan & Rajcan, 2003) e Alemanha (Piepho et al., 2007), o uso de modelos mistos em experimentos multiambientais já é bastante comum.

4.9 Acurácia de seleção

A precisão experimental dos ensaios de campo tem sido historicamente avaliada pelo coeficiente de variação ambiental. Seu uso foi criticado por Cargnelutti & Storck (2007), pois ele depende apenas da variação residual como proporção da média do experimento e serve tão somente para a classificação de experimentos com médias semelhantes e conduzidos nas mesmas condições experimentais. Segundo Resende & Duarte (2007), os ensaios de avaliação de cultivares devem ser abordados do ponto de vista genético e estatístico, e não apenas sob a perspectiva estatística. Dessa forma, tem sido mais recomendado por esses autores o uso da acurácia seletiva, que considera as proporções entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação e também o número de repetições, além da magnitude da variação residual.

A acurácia seletiva é, portanto, uma correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos, sendo representada por $r_{\hat{a}a}$. A acurácia varia de 0 a 1 e Resende & Duarte (2007) a classificam 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 ($r_{\hat{a}a} < 0,50$).

TABELA 12 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 arroz, 1997/98 a 2007/08

Ordem	Genótipo	LIIC	LSIC	Acurácia
1	BRSMG Caravera	3757,2001	4290,5848	0,8242
2	Curinga-3	3623,0296	4292,5333	0,7034
3	MG 1089	3490,8837	4099,7565	0,7630
4	MG1097	3496,7996	4067,9163	0,7952
5	CNA 8436	3427,6693	4119,9000	0,6782
6	BRA 01506	3401,4981	4084,7447	0,6884
7	CNA 8983	3465,1868	4018,2734	0,8095
8	Guarani	3492,7322	3969,7846	0,8623
9	Carisma	3497,7183	3943,0671	0,8812
10	CNA 8536	3370,9281	4063,1588	0,6782
11	BRA 01596	3372,9390	4056,1856	0,6884
12	BRS Colosso	3410,8874	4009,7956	0,7718
13	CNA 8824	3405,5207	4004,4683	0,7718
14	CRO 97505	3369,7034	4032,4079	0,7107
15	CNA 10227	3420,6130	3980,2724	0,8044
16	IAC202	3393,0943	4005,5586	0,7598
17	CNA 8541	3352,3471	4044,5777	0,6782
18	BRS Primavera	3447,1734	3949,4671	0,8460
19	MG 1084	3358,4721	4022,8370	0,7089
20	CG3 118-6	3336,8540	4018,3518	0,6903
Acurácia máxima				0,8812
Acurácia mínima				0,6782

Os resultados da avaliação da acurácia de seleção, bem como os intervalos de confiança (LIIC e LSIC) dos valores genéticos preditos para as 20 cultivares e linhagens de maior média, são apresentados na Tabela 12. A relação completa consta no Anexo 8A. Como se observa (Tabela 12), todos os valores da acurácia estão situados nas classes de moderada (0,50 a 0,70) a alta (0,70 a 0,90). Portanto, pode-se inferir que o processo de seleção foi efetivo, baseado na

eficácia de seleção, uma vez que todos os materiais apresentam valores para acurácia maior ou igual 0,68. Esses valores estão próximos dos recomendados por Resende & Duarte (2007) e Resende (2007a) que sugerem, para o processo de seleção, em programas de melhoramento, valores de acurácia acima de 0,70 (ou 70%).

As linhagens que mais se destacaram nos quesitos estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade, adaptabilidade e produtividade conjuntamente (MHPRVG) e que exibiram acurácia alta foram: BRSMG Caravera (0,82), Curinga-3 (0,70), MG 1089 (0,76), MG 1097 (0,79), CNA 8983 (0,80), Guarani (0,86) e CNA 8824 (0,77). Portanto, pode-se inferir que esses materiais são realmente de alto valor para cultivos comerciais. A acurácia seletiva corrobora os parâmetros anteriores sobre o excelente desempenho da BRSMG Caravera, cuja seleção, ao longo dos anos, foi realizada com alta precisão. A linhagem MG 1097, em vias de lançamento, também exibiu alta acurácia, indicando boa precisão de seleção. Outras cultivares, como Guarani (0,86), Carisma (0,88), BRS Colosso (0,77), IAC 202 (0,76) e BRS Primavera (0,85), também foram selecionadas com alta acurácia seletiva.

Como a acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações do experimento, Costa et al. (2005) destacam que ensaios com baixa acurácia indicam que os genótipos têm grandes desvios absolutos entre os valores genotípicos verdadeiros e aqueles estimados a partir das informações do experimento. Dessa forma, as inferências realizadas ficam comprometidas ou irrealis, aumentando a probabilidade da não reprodução das médias fenotípicas dos ensaios nos plantios comerciais. Neste estudo, pôde-se verificar que tal fato não ocorreu, como mostrou a acurácia de seleção, que variou de média a alta.

As linhagens de boa performance para estabilidade, adaptabilidade e produtividade também apresentaram acurácia alta, à exceção apenas da linhagem

CNA 8436, ordenada na quinta posição pelas MHVG e MHPRVG, que exibiu classe de acurácia moderada (0,68).

4.10 Progresso genético

Todo programa de melhoramento deve, periodicamente, ser avaliado, visando quantificar sua eficácia ou identificar e corrigir possíveis erros de planejamento.

O nível de adoção das cultivares pelos agricultores, certamente, é a maneira mais eficiente de se avaliar o desempenho de um programa de melhoramento de plantas. Contudo, existem outras possibilidades que podem ser utilizadas, como a avaliação do progresso genético, utilizando dados disponíveis dos ensaios de VCU. Empregando esta opção, e aproveitando os resultados de avaliação de produtividade de grãos da rede de ensaios de VCU, empreendeu-se este estudo para quantificar o progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas desenvolvido em Minas Gerais, no período de 1997/98 a 2007/08.

O resultado obtido dessa avaliação é apresentado na Tabela 13. Para tanto, foram utilizados os valores genotípicos das cultivares e linhagens testadas em cada ano agrícola. Nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), anualmente, descartam-se as linhagens inferiores e incluem-se outras supostamente superiores, de forma que, em cada par de anos, permanece certo número de materiais e as testemunhas comuns. Na verdade, o progresso genotípico avalia apenas se os novos materiais incluídos na rede de ensaios são superiores aos avaliados anteriormente.

TABELA 13 Valor genotípico médio, ganho genético anual (kg ha^{-1}), ganho genético acumulado (kg ha^{-1}), ganho genético percentual acumulado e ganho genético anual médio do programa de melhoramento de arroz de terras altas desenvolvido em Minas Gerais, no período 1997/98 a 2007/08.

Ano agrícola	VG ¹ médio (kg ha^{-1})	Ganho genético anual (kg ha^{-1})	Ganho genético acumulado (kg ha^{-1})	Ganho genético acumulado percentual
1997/98	3549,223	-	-	-
1998/99	3442,599	- 106,62	- 106,62	-3,00
1999/00	3452,474	9,88	- 96,74	-2,73
2000/01	3537,465	84,99	- 11,75	-0,33
2001/02	3533,409	- 4,06	- 15,81	-0,45
2002/03	3492,352	- 41,06	- 56,87	-1,60
2003/04	3530,947	38,60	- 18,27	-0,51
2004/05	3520,855	- 10,09	- 28,36	-0,80
2005/06	3624,072	103,22	74,86	2,11
2006/07	3581,484	- 42,59	32,27	0,91
2007/08	3506,349	- 75,14	- 42,87	-1,21
Ganho genético anual médio (%)				- 0,12

¹VG: valor genotípico.

Observa-se que o ganho genético anual foi positivo em apenas quatro anos agrícolas e negativo nos outros seis. A coluna do ganho genético acumulado soma os ganhos ano a ano e, no último ano agrícola (2007/08), tem-se o ganho acumulado total que, no caso, foi negativo, ou seja, de $-42,87 \text{ kg ha}^{-1}$. Os ganhos genéticos anuais e acumulados foram expressos também em percentagem, verificando-se que o ganho genético total, em todo o período, foi de $-1,21\%$. Estimou-se também o ganho genético anual médio, que consiste da divisão do ganho acumulado pelos dez anos, que se sucederam ao ano base (1997/98), resultando, portanto, em um ganho anual médio de $-0,12\%$. Assim, pode-se inferir que o ganho genético do referido programa de melhoramento ficou praticamente nulo de 1997/98 a 2007/08. Caso a avaliação tivesse iniciado em 1998/99, o ganho acumulado teria sido também praticamente estável, só que com sinal positivo e igual a $1,85\%$. Assim, o desempenho dos materiais no ano base interfere bastante no ganho genético acumulado, ou no ganho anual médio.

O ganho genético obtido neste trabalho difere do de outros autores que também avaliaram o ganho genético de programas de melhoramento de arroz de terras altas, utilizando outras metodologias e em períodos diferentes. Como exemplo, Souza et al. (2007), por meio de regressão linear das médias das cultivares, por década em que foi lançada, constataram, em Minas Gerais, um progresso genético anual, em 51 anos (1950 a 2001), de 0,3% para cultivares precoces e de 2,09% para as de ciclo tardio. Soares (1992) e Soares & Ramalho (1993) encontraram valores próximos de 3,0% para o ganho anual no período de 1979/80 a 1988/89, utilizando o método de Vencovsky et al. (1986) e o da regressão linear de quadrados mínimos.

No período de 1975 a 1980, Santos et al. (1999), utilizando o método de médias ajustadas, desenvolvida por Breseghello et al. (1998), obtiveram ganho genético anual de 6,06%. Aqui, cabe ressaltar que o período do estudo de Santos et al. (1999) foi justamente quando as linhagens do tipo tradicional foram substituídas por linhagens do tipo moderno (porte mais baixo, folhas eretas e perfilhadoras), o que resultou nesse elevado ganho.

Soares et al. (1999) elaboraram outro estudo de avaliação do ganho genético de arroz de terras altas em Minas Gerais, no período de 21 anos (1974/75 a 1994/95), desta vez, utilizando método de Breseghello et al. (1998) de médias ajustadas. Nesse trabalho, obteve-se um ganho genético médio anual de 1,26% para os materiais precoces e de 3,37% para os materiais de ciclo médio/tardio.

Dessa forma, todos os trabalhos anteriores detectaram ganhos genéticos positivos e superiores ao do presente estudo. Sobre as diferenças observadas, alguns comentários merecem ser feitos: i) o método aqui empregado utiliza valores genotípicos livres de todos os efeitos que não os dos genótipos, obtidos por REML/BLUP; os demais utilizaram valores obtidos pela ANOVA; ii) o período de avaliação considerado nos trabalhos anteriores são diferentes do atual, sobretudo o ano base e iii) houve mudança dos objetivos do programa de melhoramento de arroz de terras altas a partir de meados da década de 1980, ocasião em que a prioridade passou a ser a

qualidade de grãos, em detrimento da produtividade, uma vez que grãos longos e de conteúdo de amilose baixa perderam espaço para os grãos longo-finos e de conteúdo de amilose alto e intermediário.

Sobre as mudanças de prioridades do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa Arroz e Feijão e parceiras, nas últimas décadas, Breseghello et al. (2006) fazem os seguintes comentários: “produtividade de grãos e resistência à brusone são prioridades constantes, porém, a resistência ao acamamento, precocidade e, especialmente, a qualidade de grãos foram os principais objetivos a partir do final da década de 1980 até meados da década de 1990. Para isso, foi necessário introduzir germoplasma exótico ao programa em grande proporção e intensificar a pressão de seleção para fatores relacionados a qualidade de grãos, o que dificultou o ganho para outras características. Assim, a maior mudança ocorrida nas cultivares de arroz de terras altas, na última década, foi a qualidade de grãos, o que certamente muito contribuiu para a estagnação de ganhos de produtividade na década de 1990”. Afirmam também os autores que o germoplasma elite da Embrapa Arroz e Feijão atingiu recentemente uma relativa uniformidade dos grãos na classe longo-fino (agulhinha), portanto, as prioridades do programa de melhoramento poderão voltar para outras características, como produtividade de grãos, resistência à brusone e à seca.

Considerando que a introdução de germoplasma exótico, geralmente pouco adaptado, é depressiva, a manutenção do potencial genético das cultivares/linhagens, no período deste estudo (1997/2008), por si só, já é um progresso efetivo, confirmando o esforço dos melhoristas de arroz de terras altas. Além do mais, na avaliação do progresso genético, considera-se ganho médio envolvendo todas as linhagens. Ora, se forem consideradas apenas as cultivares lançadas a partir de 1997 (BRSMG Caravera – 2007; BRSMG Relâmpago – 2007; BRS Pepita – 2007; BRSMG Conai – 2004; BRS Colosso – 2004; BRS Talento – 2004; Carisma – 1999 e BRS Primavera – 2000, em Minas Gerais), constata-se, conforme dados da Tabela 11, que as

mesmas foram superiores às demais cultivares, lançadas anteriormente e testadas na rede de VCUs do período. A única exceção foi a cultivar Guarani, que foi superada apenas pela BRSMG Caravera. Portanto, pode-se inferir que o Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas, desenvolvido em Minas Gerais por meio da parceria entre UFLA/Epamig/Embrapa Arroz e Feijão, foi eficiente.

5 CONCLUSÕES

- 1) As correlações genótípicas através dos locais e anos apresentam valores com magnitudes que variam de medianas e altas, indicando predominância de interação simples.
- 2) O Programa de Melhoramento de Arroz para Terras Altas, desenvolvido em Minas Gerais, é eficiente na seleção de linhagens de ótima performance para estabilidade, adaptabilidade e produtividade grãos, simultaneamente.
- 3) O progresso genotípico anual para produtividade de grãos, ocorrido de 1997 a 2008, manteve-se praticamente estagnado. Contudo, as cultivares lançadas nesse período são superiores àquelas que as precederam.
- 4) A acurácia seletiva, que variou de média a lta, evidencia que o processo de seleção das linhagens e cultivares realizado no período de 1997/98 a 2007/08 foi efetivo.
- 5) As estatísticas MHVG, PRVG e MHPRVG são fortes aliadas dos melhoristas na identificação de linhagens estáveis, adaptadas e de alto potencial produtivo, isoladamente ou em conjunto.
- 6) A metodologia de modelos mistos é uma estatística de fácil aplicação e de grande utilidade na avaliação de ensaios de valor de cultivo e uso, sobretudo na seleção e no descarte de linhagens a cada ano agrícola.
- 7) A BRSMG Caravera, entre todas as cultivares e linhagens avaliadas de 1997 a 2008, é a que apresenta melhor desempenho para MHPRVG, ou seja, maior estabilidade, adaptabilidade e produtividade de grãos, simultaneamente,

proporcionando aos orizicultores de Minas Gerais alta segurança no seu cultivo.

6 REFERÊNCIAS

- ABBUD, N. S. **Melhoramento genético do arroz de sequeiro (*Oryza sativa* L.) no Estado do Paraná de 1975 a 1989**. 1991. 141 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.
- ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; MARTINS, L. A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta e oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 105-112, jan. 1994.
- ANDRÉ, C. M. G. **Avaliação da melhor predição linear não tendenciosa (BLUP) associada ao uso de marcadores moleculares na análise dialéctica**. 1999. 101 p. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Indian Journal of Genetics of Breeding**, Rome, v. 46, n.1, p. 269-278, Mar. 1992.
- ATROCH, A. L.; MORAIS, O. P.; RANGEL, P. H. N.; CASTRO, E. M. Progresso do melhoramento de arroz de sequeiro no Estado do Amapá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 9, p. 1623-1632, set. 1999.
- ATROCH, A. L.; SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz de sequeiro testadas no estado de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 24, n. 3, p. 541-548, jul./set. 2000.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I. da; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, n. 4, p. 443-450, oct./nov. 2005.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I. da; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. de A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, out./dez. 2007.

BECKER, H. C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, n. 3, p. 835–840, Jan. 1981.

BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 3, jul./dez. 2009.

BRESEGHELLO, F.; CASTRO, E. M.; MORAIS, O. P. **Progresso genético pelo melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa para os Estados de Goiás, Minas Gerais, Maranhão, Piauí e Mato Grosso**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2006. (Boletim de Pesquisa, 20).

BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O. P.; RANGEL, P. H. N. A new method to estimate genetic gain in annual crops. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 21, n. 4, p. 551-555, Oct./Dec. 1998.

BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 3, p. 399-407, mar. 1999.

BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Genética) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

CAMARINHA FILHO, J. A. **Modelos lineares misto: estruturas de matrizes de variância e covariância e seleção de modelos**. 2002. 96 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BERALDO, A. L. A.; PERINA, E. F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 2, p.193-201, jun./dez. 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n.1, p. 17-24, jan. 2007.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambiente. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C; MELO, I. S.; VALADARES-INGLES, M. C. (Eds.). **Recursos genético e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2002. 1183 p.

COSTA, R. B.; GONGALVES, P. S.; OLIVEIRA, L. C. S.; ARRUDA, E. J.; ROA, R. A. R.; MARTINS, W. J. Variabilidade genética e estimativas de herdabilidade para o caráter germinação em matrizes de *Hevea brasiliensis*. **Floresta e ambiente**, Rio de Janeiro, v. 12, n. 1, p. 74-76, jan./dez. 2005.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. In: SPARKS, D. (Org.). **Advances in Agronomy**. Califórnia: Academic, 1990. v. 44, p. 55-85.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. I. Linear-bilinear models for the analysis of genotype-environment interaction. In: KANG, M. S. (Ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. New York: CABT, 2002. p. 305-322.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 2.v.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, n. 219, p. 422-430, jul./ago. 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 3, p. 567-580, set./dec. 1989.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, jan./abr., 2001.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n.1, p. 36-40, Jan./Feb. 1966.

FERNANDES, J. S. C. **Estabilidade ambiental de cultivares de milho na Região Centro Sul do Brasil**. 1988. 94 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

FERREIRA, P. V. **Melhoramento de plantas**: estimação de parâmetros genéticos. Maceió: EDUFAL, 2006. 120 p.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. Australian. **Australian Journal of Agricultural Research**, East Melbourne, v. 14, n. 6, p. 742-754, Nov./Dec. 1963.

FLORES, F.; MORENO, M. T.; CUBERO, J. I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze G x E interaction. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 56, n. 3, p. 271-286, Apr. 1998.

FONSECA JÚNIOR, N. S. da. **Progresso genético na cultura do feijão no Estado do Paraná para o período de 1977 a 1995**. 1997. 160 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype- environment interaction. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

GAMA, L. T.; MATOS, C. P.; CAROLINO, N. **Modelos mistos em melhoramento animal**. Lisboa: Arquivos Veterinários, 2004. 281 p.

GRASER, H. U.; SMITH, S. P.; TIER, B. A. Derivative-Free Approach for Estimating Variance Components in Animal Models by Restricted Maximum Likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 64, n. 6, p. 1362-1370, June 1987.

HARTLEY, H. O.; RAO, J. N. K. Maximun-Likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, London, v. 54, n. 1, p. 93-108, Jan./Apr. 1967.

HENDERSON, C. R. Estimation of variance and covariance components. **Biometrics**, Raleigh, v. 9, n. 2, p. 226-252, June 1953.

HÜHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability: theory and applications. **Euphytica, Netherlands Journal OF Plant Breeding**, Wageningen, v. 47, n. 3, p. 189-194; 195-201, Oct.1990.

KANG, M. S. Genotype-envirment interaction: progress and pespects. In: KANG, M. S. (Ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. New York: CABI, 2002. p. 221-243.

KANG, M.S. Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: consequences for growers. **Agronomy Journal**, Madison, v. 85, n. 3, p. 754-757, May/June 1993.

KANG, M. S.; GAUCH JÚNIOR, H.G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. Flórida: CRC, 1996. 416 p.

KANG, M. S.; MAGARI, R. New development in selecting for phenotypic stability in crop breeding. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed.). **Genotype-by-environment interaction**. Flórida: CRC, 1996. p. 1-14.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, m. 1, p. 193-198, Jan./Feb.1988.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEVKOVITCH, L. P. Stability analysis where do we stand. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 5, p. 894-900, Sept./Oct. 1986.

LOPES, P. S.; MARTINS, E. N.; SILVA, M. de A. E. S.; REGAZZI, A. J. **Estimação de componentes de variância**. Viçosa: UFV, 1998. 61 p.

LOPES, V. R. **Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar da série RB97**. 2007. 87 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

MAGARI, R.; KANG, M. S. SAS STABLE: stability analysis of balanced and unbalanced data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 89, n. 5, p. 929-932, set./out. 1997.

MARCELINO, S. D. R. **Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados**. 2000. 83 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, n. 4, p. 643-652, dez. 2000.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M.; BULACIO, A. N. R.; ALMADA, G. H. Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azucar. **Revista Agronomica del Noroeste Argentino**, Tucuman, v. 13, n. 1-4, p. 105-27, 1976.

MARTINEZ, D. T. **Seleção genética de acácia *mearnsii* de wild. (acácia-negra) visando o aumento da qualidade e produtividade de madeira e tanino no rio grande do sul**. 2006. 100 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

- MARTINS, E. N. **Desenvolvimento de uma estratégia computacional para seleção de coelhos, usando a melhor predição linear não viesada**. 1995. 117 p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- MARTINS, E. N.; LOPES, P. S.; SILVA, M. de A. E. S.; REGAZZI, A. J. **Modelo linear misto**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1998. 46 p.
- MOLINA, M. R. **Um estudo sobre métodos estatísticos na avaliação da interação genótipo x ambientes em genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.)**. 2007. 68 p. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual Paulista, Faculdades de Ciências Agrárias e Veterinária, Jaboticabal.
- MORA, F.; PUPIM-JUNIOR, F.; SCAPIM, C. A. Predicción del efecto de cultivares de algodón em la presencia de interacción genotipo-ambiente. **Ciencia e Investigacion Agraria**, Santiago de Chile, v. 33, n. 1, p. 105-110, ene./abr. 2006.
- MORESCO, E. R. **Progreso genético no melhoramento do algodoeiro no Estado do Mato Grosso**. 2003. 79 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.
- MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 2. ed. Wallingford: CABI, 2005.
- NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear model. **Journal Royal Statistic Society**, London, v. 135, n. 3, p. 370-384, July/Sept. 1972.
- NESI, C. N. Acurácia seletiva no controle de qualidade em experimentos com feijão. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, ESTATÍSTICA E MUDANÇAS CLIMÁTICAS, 53., 2008, Lavras, MG. **Resumos...**Lavras: SEAGRO, 2008. 1 CD-ROM.
- NUNES, J. A. R. **Incorporação da informação de parentesco no método genealógico pelo enfoque de modelos mistos**. 2006. 113 p. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.

OLIVEIRA, R. A.; RESENDE, M. D. V.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; KOEHLER, H. S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, n. 3, p. 426-434, July/Sept. 2005.

PATERNIANI, E. Interação genótipos x ambientes em climas tropicais e subtropicais. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1996. Belo Horizonte. **Anais ... Sete Lagoas: Embrapa/NCPMS**, 1986. p. 378-382.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, n. 3, p. 545-554, Sept./Dec. 1971.

PIEPHO, H. P. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: A comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 89, n. 5, p. 647-654, May 1994.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Best Linear Unbiased Prediction of Cultivar Effects for Subdivided Target Regions. **Crop Science**, Madison, v. 45, n.6, p. 1151-1159, Nov./Dec. 2005.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BUCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, May 2008.

PINTO JÚNIOR, J. E.; STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V.; RONZELLI JÚNIOR, P. Avaliação simultânea de produtividade, adaptabilidade e estabilidade de *Eucalyptus grandis* em distintos ambientes do Estado do São Paulo. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 53, p. 79-108, jul./dez. 2006.

PURBA, A. R.; FLORI, A.; BAUDOUIN, L.; HAMON, S. Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) agronomic performances using the best linear unbiased predictor (BLUP). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 102, n. 5, p.787-792, May 2001.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2000. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: Universidade Federal de Goiânia, 1993. 272 p.

RANGEL, P. H. N.; PEREIRA, J. A.; MORAIS, O. P.; GUIMARAES, E. P.; YOKOKURA, T. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Meio-Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1595-1604, ago. 2000.

RAO, C. R. Estimation of variance and covariance components: minque theory. **Journal of multivariate analysis**, New York, v. 1, n. 3, p. 257-75, Sept. 1971a.

RAO, C.R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. **Journal of multivariate analysis**, New York, v. 1, n. 3, p. 445-56, Sept. 1971b.

RESENDE, M. D. V. Avanços da genética biométrica Florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 14., 1997, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: ESALQ-USP, 1997. p. 150-158.

RESENDE, M. D. V. **Efeitos fixos ou aleatórios de repetições no contexto dos modelos mistos no melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. (Documentos, 68).

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

RESENDE, M. D. V. **Genômica quantitativa e seleção**. Colombo: Embrapa Floresta, 2008. 353 p.

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

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

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

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN–REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 361 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, jul./set. 2007.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T. de; FAZUOLI, L.C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, jul./dez. 2001.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação de parâmetros genéticos no melhoramento de Eucalyptus: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28-29, p. 11-36, jun.1994.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Predição de valores genéticos no melhoramento de eucalyptus- melhor predição linear. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. **Anais...**, Curitiba: SBS, 1993, p. 144-147.

RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; YAMADA, C. K.; JESUS, A. de. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viciada (BLUP) em pinus. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 32-33, p. 23-42, jun. 1996.

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 31-52, jan./dez. 2004.

ROBERTSON, A. Experimental design in the evaluation of genetic parameters. **Biometrics**, Washington, v. 15, n. 2, p. 219-226, abr./jun. 1959.

ROBINSON, G. K. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. **Statistical Science**, Hayward, v. 6, n. 1, p. 15-51, Jan./Mar. 1991.

ROCHA, M. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. 2002. 184 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

SANTOS, A. H.; BEARZOTI, E.; FERREIRA, D. F.; BUENO FILHO, J. L. S. Simulation of mixed models in augmented block design. **Scientia Agricola**, Piracicaba, SP, v. 59, n. 3, p. 483-489, jul./set. 2002.

SANTOS, P. G.; SOARES, P. C.; SOARES, A. A.; MORAIS, O. P. de; CORNÉLIO, V. M. de O. Avaliação do progresso genético obtido em 22 anos no melhoramento do arroz irrigado em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 10, p. 1889-1896, out. 1999.

SCAPIM, C. A.; OLIVEIRA, V. R.; BRACCINI, A. de L.; CRUZ, C. D.; ANDRADE, C. A. de; VIDIGAL, M. C. G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlation among the parameters of the Eberhart and Russel; Lin and Binns and Hühn models. **Genetics and molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 2, p. 387-393, July/Sept. 2000.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos de interação genótipos x ambientes. In: SIMPÓSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA, 1985, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: ESALQ, 1985. p. 49-50.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. Analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 143, n. 3, p. 449-462, June 2005.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. Analyzing Variety by Environment Data Using Multiplicative Mixed Models and Adjustments for Spatial Field Trend. **Biometrics**, Washington, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, Oct./Dec. 2001.

SOARES, A. A. **Desempenho do programa de arroz de sequeiro e irrigado na década de oitenta em Minas Gerais**. 1992. 108 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P. Estimativa do progresso genético no melhoramento do arroz (*Oryza sativa* L.). **Ciência e Prática**, Lavras, v. 17, n. 1, p. 27-34, jan./mar. 1993.

SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, A. F. Estimativa do progresso genético obtido pelo melhoramento do arroz irrigado da Epamig, na época de oitenta. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 97-104, jan. 1994.

SOARES, A. A.; SANTOS, P. G.; MORAIS, O. P. de; SOARES, P. C.; REIS, M. de S.; SOUZA, M. A. de. Progresso genético obtido pelo melhoramento do arroz de sequeiro em 21 anos de pesquisa em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 3, p. 415-424, out. 1999.

SOUZA, M. A. de; MORAIS, O. P.; HERÁ, R. E. C.; CARGNIN, A.; PIMENTEL, A. J. B. Progresso genético do melhoramento de arroz de terras altas no período de 1950 a 2001. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 371-376, mar. 2007.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) para produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 50, p. 37-51, jan./jun. 2005.

VAN VLECK, L. D.; POLLACK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for animal science**. New York: Freeman, 1987. 391 p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A. R.; GARCIA, J. C.; TEIXEIRA, N. M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., 1986, Belo Horizonte. **Anais ...** Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, 1986. p. 300-307.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression on analysis a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 53, p. 89-91, Jan. 1978.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. (Forestry Sciences, 33).

XU, W.; VIRMANI, S. S.; HERNANDEZ, J. E.; SEBASTIAN, L. S. Prediction of hybrid performance in rice: comparisons among best linear unbiased prediction (BLUP) procedure, midparent value, and molecular marker distance. **International Rice Research Institute**, Philippines, v. 25, n. 3, p. 1213, 2000. Disponível em: <<http://www.irri.org/publications/irrn/pdfs/vol25no3/IRRN25-3Plantbreeding.pdf>>. Acesso em: 20 out. 2008.

YAN, W.; HUNT, L. A. Biplot analysis of multi-environment trial data. In: KANG, M. S. (Ed.). **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. Wallingford: CABI, 2003. p. 289-303.

YAN, W.; HUNT, L. A.; JOHNSON, P.; STEWART, G.; LU, X. On farm strip trials versus replicated performance trials for cultivar evaluation. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 385-392, Mar./Apr. 2002.

YAN, W.; RAJCAN, I. Prediction of Cultivar Performance Based on Single-versus Multiple-Year Tests in Soybean. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 549-555, May/June 2003.

YAU, S. K. Regression and AMMI analyses of genotype-environment interactions: an empirical comparison. **Agronomy Journal**, Madison, v. 87, n. 1, p. 121-126, Jan./Feb. 1995.

ANEXOS

ANEXO A		Página
Exemplo	Exemplo de uma análise de modelos misto	113
TABELA 2A	Valores da interação genótipos x locais (gl) para todos os genótipos testados em 11 locais e 11 anos. 1997/2008.	116
TABELA 3A	Ordem, genótipo, efeito dos genótipos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho genotípico, nova média e valor genotípico médio nos vários ambientes (u+g+gem), considerando os 107 genótipos, 11 locais e 11 anos. 1997/98-2007/08.	120
TABELA 4A	Ranqueamento dos genótipos por local, envolvendo os 11 locais e os 11 anos, genótipos, efeitos genotípicos (g+ge), valores genotípicos preditos para cada local (u+g+ge), ganho genotípico e nova média, 197/98 a 2007/08.	123
TABELA 5A	Média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) de todos os genótipos para estabilidade e produtividade, simultaneamente. 1997/98; 2007/08.	146
TABELA 6A	Performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) e PRVG multiplicada pela média geral (MG) de todos os genótipos superiores para adaptabilidade e produtividade, simultaneamente. 1997/98 a 2007/08.	147
TABELA 7A	Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e MHPRVG multiplicada pela média geral (MG) de todas os genótipos superiores para estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente. 1997/98 ; 2007/08.	149
TABELA 8A	Ordem, genótipo, valor genotípico (VG), acurácia, limite inferior e superior do intervalo de confiança (LIIC e LSIC, respectivamente), para produtividade de grãos (t ha ⁻¹) de todos os genótipos de arroz.	151

Anexo 1A: Exemplo de resolução de um modelo misto.

Suponha um experimento em que foram avaliados três tratamentos genéticos (de efeitos aleatórios g) em dois blocos (de efeitos fixos b), como demonstrado no quadro abaixo.

Blocos (b)	Genótipos (g)	Produtividade (y)
1	1	22,7
2	1	14,6
1	2	19,7
2	2	17,7
1	3	21,3
2	3	25,3

O modelo estatístico é $y_{ij} = b_j + g_i + e_{ij}$. E na forma matricial $y = Xb + Zg + e$. Para o referido exemplo, tem-se:

$$y = X b + Z g + e$$

$$\begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \\ y_5 \\ y_6 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} g_1 \\ g_2 \\ g_3 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{pmatrix}$$

De acordo com o modelo acima, a função densidade de probabilidade conjunta de y e g , dada como produto entre a função densidade de probabilidade

condicional de y dado g , e a função densidade de probabilidade de g , isto é $f(y,g)$
 $= f(y|g) \cdot f(g)$, é

$$f(y, g) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{nq}{2}} |R|^{\frac{1}{2}}} e^{-\frac{1}{2}[(y-Xb-Zg)'R^{-1}(y-Xb-Zg)]} \frac{1}{(2\pi)^{\frac{q}{2}} |G|^{\frac{1}{2}}} e^{-\frac{1}{2}[g'G^{-1}g]}$$

a seguir, faz-se a maximização dessa função, aplicando-se a transformação por logaritmo.

A parti daí, tomando-se $f(y,g) = L$, e derivando-se L em relação a b e g , e igualando-se tais derivadas a zero, obtém-se as equações de modelos mistos (EMM), como segue.

$$\begin{pmatrix} dL/db \\ dL/dg \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -X'R^{-1}y + X'R^{-1}Xb + X'R^{-1}Zg \\ -Z'R^{-1}y + Z'R^{-1}Xb + Z'R^{-1}Zg + G^{-1}g \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b^\circ \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Assumindo que R e G são não-singulares e, como $R = I\sigma_e^2$, então $R^{-1} = I\frac{1}{\sigma_e^2}$,

assim como $G = I\sigma_a^2$ e $G^{-1} = I\frac{1}{\sigma_a^2}$, tem-se:

$$\begin{pmatrix} X'XI\frac{1}{\sigma_e^2} & X'ZI\frac{1}{\sigma_e^2} \\ Z'XI\frac{1}{\sigma_e^2} & Z'ZI\frac{1}{\sigma_e^2} + A^{-1}\frac{1}{\sigma_a^2} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b^\circ \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'I\frac{1}{\sigma_e^2}y \\ Z'I\frac{1}{\sigma_e^2}y \end{pmatrix}$$

Multiplicando-se ambos os lados por (σ_e^2)

$$\begin{pmatrix} X'XI \frac{1}{\sigma_e^2} & X'ZI \frac{1}{\sigma_e^2} \\ Z'XI \frac{1}{\sigma_e^2} & Z'ZI \frac{1}{\sigma_e^2} + A^{-1} \frac{1}{\sigma_a^2} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b^0 \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'I \frac{1}{\sigma_e^2} y \\ Z'I \frac{1}{\sigma_e^2} y \end{pmatrix} (\sigma_e^2)$$

Chega-se na forma mais comum das equações de modelo misto, como encontra-se a seguir;

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1} \cdot \alpha \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b^0 \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \end{pmatrix}, \quad \text{e substituindo os valores}$$

correspondentes para X, Z e y, chega-se ao sistema,

$$\begin{pmatrix} 3 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 0 & 3 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 2 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 2 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} (1-h^2)/h^2 \begin{pmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{g}_1 \\ \hat{g}_2 \\ \hat{g}_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 63,7 \\ 57,6 \\ 37,3 \\ 37,4 \\ 46,6 \end{pmatrix}$$

Após os cálculos, como já indicado anteriormente, e considerando $h^2 = 0,20$, tem-se os seguintes resultados para bloco e genótipos:

$$\begin{pmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \\ \hat{g}_1 \\ \hat{g}_2 \\ \hat{g}_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 21,23 \\ 19,2 \\ -0,52 \\ -0,50 \\ 1,027 \end{pmatrix}$$

TABELA 2A Valores da interação genótipos x locais (gl) para todos os genótipos testados em 11 locais e 11 anos, tomando apenas o local Lambari. 1997/98 a 2007/08

Código	ge	Código	ge	Código	ge	Código	ge	Código	ge
11	64.8401	72	57.9945	133	223.4773	194	-15.1984	26	9.9578
21	76.1953	82	-13.0543	143	-42.3188	204	-2.5986	76	87.4201
31	20.1162	92	-79.6326	153	-17.3482	272	34.7683	126	61.4049
41	-0.1264	102	36.6642	163	-19.7871	213	-135.6107	46	27.8154
51	20.3869	112	200.7363	173	-53.0201	223	6.2795	216	29.8832
61	16.2968	122	-12.6841	183	185.3088	233	-2.7157	16	10.3681
71	41.4065	132	-64.8652	193	-33.5774	243	16.1617	136	-22.8616
81	-39.8556	142	50.612	203	-20.859	253	-78.726	116	70.913
91	4.0015	152	22.3168	14	6.6327	263	73.847	96	-2.5428
101	-29.9818	162	-25.7183	24	-9.1594	273	-6.6942	226	40.3621
111	38.5792	172	53.9602	34	54.8255	215	-11.3015	176	34.744
121	-180.5059	182	-380.351	44	42.7194	225	22.5435	236	-29.2896
131	-146.4494	192	-17.0366	54	31.6062	235	-63.7102	246	-55.8305
141	-45.654	202	-43.4515	64	-5.0476	245	-18.2103	146	13.26
151	7.1369	13	10.7461	74	-167.4852	255	23.3939	256	-43.1611
161	-6.9827	23	21.1497	84	39.242	265	-51.9544	266	-42.4369
171	-69.3972	33	77.0184	94	0.9285	275	-20.8473	186	-68.5094
181	27.3668	43	-118.3742	104	-14.7425	214	39.9253	276	-54.6728
191	-1.3842	53	-56.5616	114	25.6966	224	2.7541	281	-12.7786
201	-42.563	63	14.9952	124	88.884	234	29.6904	291	-38.1102
12	1.4125	73	-160.0636	134	151.1648	244	28.5861	301	-48.5555
22	-5.7037	83	2.423	144	-13.7993	254	25.8393	311	-5.5476
32	-46.5019	93	36.779	154	24.0957	264	-31.6619	321	27.409
42	-4.3229	103	-7.0327	164	-7.3374	274	3.4771	331	-0.7912
52	-113.1548	113	81.6167	174	-36.7589	36	-32.6527	341	1.207
62	-1.4901	123	-25.2025	184	17.1042	56	7.2988	351	-11.3784
361	7.352	383	-31.8525	286	-54.9069	357	-3.8395	423	-2.8458
371	-13.4623	393	2.1352	296	56.8144	367	-33.6699	433	2.9369
381	22.9568	285	-39.6946	306	50.2386	377	-61.8364	443	22.6283
391	-1.0438	295	11.4627	316	-39.0594	387	-83.6428	453	-62.9678
282	170.4647	305	-8.5238	326	-89.4819	397	-127.5658	463	-5.6098
292	81.0313	315	16.8851	336	6.892	187	26.3567	473	27.6618
302	20.6535	325	3.6249	346	-55.561	401	0.6085	483	-7.1614
312	52.6305	335	-16.0964	356	40.7744	411	-2.0666	405	6.9922
322	28.1201	345	-18.9602	366	-42.6567	421	-8.9762	415	48.2128
332	-21.0697	355	-0.239	376	238.6258	431	25.3967	425	-2.1584

“...continua...”

“TABELA 2A cont”

Código	ge	Código	ge	Código	ge	Código	ge	Código	ge
342	32.1574	365	-18.9817	386	-39.5626	441	28.8314	435	5.595
352	-36.9932	375	-99.148	396	-57.8118	451	-13.8372	445	71.7828
362	1.1851	385	-71.9786	287	153.6983	461	14.5266	455	-0.0822
372	-21.4672	395	-40.837	217	64.5171	471	-2.3635	465	7.4698
382	33.9849	284	11.0929	297	53.277	481	-9.0226	475	-13.0371
392	15.3206	294	8.5075	307	66.9539	402	93.5412	485	-9.7943
283	-80.791	304	-31.1977	317	91.271	412	-17.7397	404	16.3521
293	-74.4839	314	41.6918	77	6.8744	422	27.2912	414	-14.5285
303	10.7483	324	9.2184	117	-130.9561	432	5.7958	424	10.3428
313	-76.2194	334	10.4274	47	97.8322	442	-35.6132	434	-27.0796
323	23.5915	344	23.3947	57	20.9898	452	89.7867	444	-13.5824
333	0.3719	354	-39.4116	327	-38.2786	462	-18.1043	454	14.1978
343	-3.9743	364	-19.8512	137	-21.3622	472	-22.3057	464	-19.6365
353	-38.3794	374	18.153	127	25.1409	482	-14.3195	474	-15.537
363	11.1832	384	15.9132	337	-43.9476	403	-40.6688	484	-9.0331
373	14.4419	394	-7.3759	347	-61.8125	413	32.6429	406	6.9839
426	-6.1465	523	35.0787	546	24.4046	409	36.3319	572	-43.1051
436	-32.2465	533	11.6194	556	-25.3699	59	82.5589	582	61.2546
446	-15.4878	543	17.1885	566	-19.61	509	33.9208	592	-23.2563
456	-20.5537	553	-13.1973	448	29.6397	79	94.5321	1002	1.6086
466	-22.0734	563	-8.2675	118	13.06	519	-45.2257	602	-131.5338
476	-33.4493	495	33.2892	498	42.5727	299	-25.3819	612	8.6519
486	-21.609	505	19.9255	408	-21.2754	529	-57.3922	622	-18.5288
491	-55.5937	515	4.2326	58	52.043	539	-43.3143	632	11.7867
501	25.5293	525	47.327	508	-13.947	549	2.2132	642	-12.5732
511	-1.3624	535	9.0755	78	-18.1372	439	28.2421	573	116.788
521	-12.1058	545	-36.9118	518	23.7954	309	-14.3292	583	79.0179
531	15.9912	555	-5.9889	298	22.9461	319	34.2756	593	18.9337
541	-8.1763	565	2.2613	528	45.0701	289	12.8924	1003	30.6252
551	-6.3068	494	-28.2093	538	6.4924	559	5.2093	603	-150.2353
561	-45.3722	504	-19.504	548	9.6885	569	67.2973	613	-29.3219
492	24.7071	514	-33.6512	438	-4.2329	139	-32.538	623	-27.0934
502	97.101	524	-18.0686	308	-17.9416	129	38.945	633	14.0134
512	41.032	534	15.9458	318	-44.8165	571	-79.6439	643	27.0672
522	-18.5686	544	24.5791	288	-44.6589	581	-63.0102	575	-10.1328
532	-16.2187	554	0.3598	558	3.6721	591	-59.3391	585	15.9894
542	-22.3472	564	3.4515	568	0.2416	1001	66.8015	595	75.6755

“...continua...”

“TABELA 2A cont”

Código	ge	Código	ge	Código	ge	Código	ge	Código	ge
552	-25.3397	496	5.7767	138	-41.6853	601	15.9953	1005	-22.6975
562	-67.014	506	-1.4672	128	-78.7154	611	41.5266	605	51.4975
493	35.8124	516	1.7501	449	5.7996	621	-76.6092	615	-15.7452
503	-1.1754	526	-21.5635	119	-20.8449	631	55.512	625	16.3669
513	21.1564	536	3.2744	499	5.1434	641	16.8625	635	-3.42
645	-67.7432	639	-78.7709	752	-0.2096	10110	-20.2249	686	-70.1406
574	-22.6347	649	-36.4265	762	9.408	7210	-27.8249	696	93.4441
584	24.1144	651	136.0713	653	112.5981	7310	-14.9337	1006	-0.5906
594	11.5604	661	162.0194	663	61.0004	1210	44.9774	706	1.4723
1004	-69.6142	671	86.0404	673	-7.6278	7410	32.054	716	172.4986
604	62.9402	681	47.6446	683	56.9034	1310	-67.0177	1016	-1.9786
614	-10.7842	691	35.4825	693	-54.0273	7510	-79.2332	726	-55.2115
624	16.3472	701	-55.8466	703	32.1787	7610	-47.3215	736	-64.2218
634	-12.3336	711	-58.2715	713	-102.9175	6010	12.7764	746	52.6128
644	1.6689	1011	64.3872	1013	-34.419	654	-22.1671	756	-16.873
578	0.7129	721	-9.0227	723	-42.2802	664	-66.35	766	-22.6715
588	33.5351	731	-22.9368	733	49.8502	674	-9.0097	606	9.8026
598	8.4326	741	-3.1052	743	-31.1159	684	18.4583	659	19.1668
1008	3.4457	751	8.9365	753	-10.2395	694	37.378	669	-12.8207
608	5.3036	761	-26.6863	763	-14.1407	704	8.1966	679	25.8144
618	-0.8083	652	-175.6462	6510	26.9712	714	-15.5698	689	-18.9059
628	10.9663	662	-39.6268	6610	18.9611	1014	22.5928	699	-3.2106
638	0.0734	672	42.3943	5710	0.8159	724	-68.0257	709	-26.2117
648	-25.4724	682	72.3641	1110	-97.8676	734	6.4201	719	42.9313
579	98.3822	692	-152.1458	6710	34.6177	744	-40.2155	1019	15.9929
589	-70.8195	702	1.2373	4910	39.7936	754	1.2355	729	59.8271
599	-15.4473	712	-183.3597	6810	-42.2147	764	2.0777	739	5.7494
1009	1.7074	1012	-49.3514	6910	36.3892	656	46.4139	749	-53.5748
609	-42.562	722	60.7903	10010	26.937	666	76.5014	759	-29.9117
619	-40.638	732	8.3547	7010	11.8644	576	32.4945	769	-33.042
629	53.4943	742	10.7542	7110	85.9211	676	-83.6828	771	108.0322
1021	21.7093	1054	-45.7483	1062	28.1587	851	46.8628	10810	-15.2699
1031	-29.6985	776	13.2798	842	-33.499	861	0.8373	6611	63.5315
1041	-60.4583	1026	37.777	803	-5.3199	1071	-3.4503	8511	47.0987
781	-51.0643	586	-16.5536	813	7.385	871	31.1686	8611	-18.6857
791	16.1399	1036	-3.5121	823	1.8993	1081	-7.2575	8111	-41.127
1051	-32.9866	1046	-31.6358	833	58.7584	852	20.5133	1311	133.1499

“...continua...”

“TABELA 2A cont”

Código	ge	Código	ge	Código	ge
711	39.1524	893	-10.4973	9411	54.1995
10711	-2.1868	903	-11.9943	9511	-40.5934
1211	15.6545	913	-4.0434	9611	20.0896
8311	21.6673	923	-4.9406	9711	20.4523
5011	-76.7496	933	7.7465	9811	-22.1009
7811	-37.6855	943	-16.3767		
4911	-26.2837	953	-0.8258		
6811	4.9106	963	-0.8586		
8211	-8.7822	973	8.398		
8711	-29.2916	983	-39.4322		
3111	-3.9667	884	-11.4715		
8011	-11.1301	894	-1.5589		
7911	19.6371	904	-12.0684		
7711	-89.2556	914	-24.6921		
10811	-28.1695	924	-20.3122		
881	-13.627	934	-22.1519		
891	45.38	944	11.8912		
901	43.1714	954	14.7534		
911	60.4906	964	12.8233		
921	48.5057	974	-12.7843		
931	58.4653	984	-22.6672		
941	-14.8708	8810	71.269		
951	3.5854	8910	12.1648		
961	-13.9981	9010	22.1706		
971	-60.7731	9110	-32.966		
981	-74.9251	9210	-13.763		
882	13.1375	9310	-30.1293		
892	0.3409	9410	18.7369		
902	-15.7421	9510	-25.8944		
912	19.2463	9610	11.2494		
922	-35.4888	9710	9.7741		
932	-16.1016	9810	33.0358		
942	-35.0663	8811	-38.8321		
952	18.9656	8911	1.2605		
962	-25.8925	9011	2.906		
972	-48.2982	9111	-9.4212		
982	-20.1744	9211	39.9618		
883	37.282	9311	0.5899		

TABELA 3A Ordem, genótipo, efeito dos genótipos (g), valores genotípicos preditos (u+g), ganho genotípico, nova média e valor genotípico médio nos vários ambientes (u+g+gem), considerando os 107 genótipos, 11 locais e 11 anos. 1997/98 a 2007/08

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova média	u+g+gem
1	66	502.1684	4023.892	502.1684	4023.892	4047.821
2	102	436.0575	3957.782	469.113	3990.837	3978.56
3	65	273.5961	3795.32	403.9407	3925.665	3808.357
4	77	260.6339	3782.358	368.114	3889.838	3794.777
5	3	252.0607	3773.785	344.9033	3866.627	3785.796
6	81	221.3974	3743.121	324.319	3846.043	3753.671
7	28	220.0061	3741.73	309.4172	3831.141	3752.214
8	11	209.5344	3731.258	296.9318	3818.656	3741.243
9	7	198.6687	3720.393	286.0137	3807.738	3729.86
10	2	195.3195	3717.044	276.9443	3798.668	3726.351
11	80	192.8383	3714.562	269.2983	3791.022	3723.751
12	40	188.6175	3710.342	262.5749	3784.299	3719.329
13	29	183.2705	3704.995	256.4745	3778.199	3713.728
14	44	179.3317	3701.056	250.9643	3772.688	3709.601
15	57	178.7187	3700.443	246.148	3767.872	3708.959
16	21	177.6025	3699.327	241.8639	3763.588	3707.789
17	1	176.7384	3698.462	238.033	3759.757	3706.884
18	5	176.5963	3698.32	234.6198	3756.344	3706.735
19	67	168.9305	3690.655	231.1625	3752.887	3698.704
20	86	155.8789	3677.603	227.3983	3749.122	3685.031
21	50	150.3723	3672.096	223.7304	3745.454	3679.262
22	49	146.9177	3668.642	220.2389	3741.963	3675.643
23	37	143.6716	3665.396	216.9099	3738.634	3672.242
24	4	137.1272	3658.851	213.5856	3735.31	3665.386
25	68	131.6773	3653.401	210.3093	3732.033	3659.676
26	58	121.2003	3642.924	206.882	3728.606	3648.7
27	88	110.1916	3631.916	203.3009	3725.025	3637.166
28	83	103.3227	3625.047	199.7302	3721.454	3629.97
29	107	102.9102	3624.634	196.3916	3718.116	3629.538
30	6	91.6049	3613.329	192.8987	3714.623	3617.694
31	89	89.839	3611.563	189.5742	3711.298	3615.844
32	82	85.6604	3607.384	186.3269	3708.051	3611.466

“...continua...”

“TABELA 3A cont.”

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova média	u+g+gem
33	100	72.9226	3594.647	182.8904	3704.614	3598.121
34	85	64.7467	3586.471	179.4156	3701.14	3589.556
35	90	54.2642	3575.988	175.8398	3697.564	3578.574
36	30	53.5076	3575.232	172.4417	3694.166	3577.781
37	41	43.8304	3565.554	168.9657	3690.69	3567.643
38	94	35.321	3557.045	165.4488	3687.173	3558.728
39	42	33.4004	3555.124	162.0629	3683.787	3556.716
40	59	31.5925	3553.317	158.8012	3680.525	3554.822
41	9	30.0963	3551.82	155.662	3677.386	3553.254
42	8	28.2376	3549.962	152.6281	3674.352	3551.307
43	92	26.6388	3548.363	149.6981	3671.422	3549.632
44	51	22.3734	3544.097	146.8044	3668.528	3545.164
45	54	20.2964	3542.02	143.9931	3665.717	3542.988
46	31	19.346	3541.07	141.2834	3663.007	3541.992
47	106	17.207	3538.931	138.6434	3660.367	3539.751
48	91	16.4343	3538.158	136.0974	3657.821	3538.941
49	10	14.3952	3536.119	133.6137	3655.338	3536.805
50	45	12.484	3534.208	131.1911	3652.915	3534.803
51	87	8.5892	3530.313	128.7872	3650.511	3530.723
52	43	8.4084	3530.132	126.4722	3648.196	3530.533
53	96	6.5117	3528.236	124.2088	3645.933	3528.546
54	53	5.4671	3527.191	122.0099	3643.734	3527.452
55	22	1.4533	3523.177	119.8179	3641.542	3523.247
56	52	-0.4253	3521.299	117.6707	3639.395	3521.279
57	93	-3.0163	3518.708	115.5534	3637.277	3518.564
58	101	-5.7254	3515.999	113.4624	3635.186	3515.726
59	69	-12.7631	3508.961	111.323	3633.047	3508.353
60	104	-16.3147	3505.409	109.1957	3630.92	3504.632
61	12	-19.0795	3502.645	107.0928	3628.817	3501.735
62	63	-25.0668	3496.657	104.9612	3626.685	3495.463
63	84	-33.4482	3488.276	102.7642	3624.488	3486.682
64	78	-35.2377	3486.486	100.6079	3622.332	3484.807
65	23	-42.5782	3479.146	98.4051	3620.129	3477.117
66	15	-42.943	3478.781	96.2634	3617.987	3476.735
67	108	-45.9851	3475.739	94.1403	3615.864	3473.548
68	62	-47.8034	3473.921	92.0529	3613.777	3471.643
69	70	-51.7189	3470.005	89.9693	3611.693	3467.541
70	95	-57.2523	3464.472	87.8661	3609.59	3461.744

“...continua...”

“TABELA 3A cont.”

Ordem	Genótipo	g	u + g	Ganho	Nova média	u+g+gem
71	13	-60.4846	3461.239	85.7767	3607.501	3458.357
72	73	-60.5117	3461.212	83.7449	3605.469	3458.329
73	74	-62.1766	3459.547	81.746	3603.47	3456.585
74	32	-68.2935	3453.43	79.7184	3601.442	3450.176
75	16	-69.8279	3451.896	77.7244	3599.448	3448.569
76	17	-81.7499	3439.974	75.6261	3597.35	3436.079
77	46	-82.8519	3438.872	73.5679	3595.292	3434.924
78	24	-86.6661	3435.058	71.5137	3593.238	3430.928
79	61	-89.8947	3431.829	69.4705	3591.195	3427.546
80	14	-104.379	3417.345	67.2974	3589.021	3412.372
81	71	-112.118	3409.606	65.0824	3586.806	3404.264
82	47	-112.62	3409.104	62.9153	3584.639	3403.738
83	33	-122.508	3399.217	60.6813	3582.405	3393.379
84	55	-127.75	3393.974	58.4381	3580.162	3387.887
85	56	-127.847	3393.878	56.2465	3577.971	3387.786
86	19	-133.503	3388.221	54.0401	3575.764	3381.86
87	48	-135.34	3386.384	51.8633	3573.587	3379.935
88	20	-142.608	3379.116	49.6534	3571.377	3372.321
89	72	-155.959	3365.765	47.3431	3569.067	3358.333
90	25	-158.605	3363.119	45.0548	3566.779	3355.561
91	97	-158.79	3362.934	42.8148	3564.539	3355.368
92	34	-159.396	3362.328	40.6168	3562.341	3354.733
93	26	-168.866	3352.858	38.3643	3560.088	3344.812
94	35	-170.686	3351.038	36.1404	3557.864	3342.905
95	103	-172.749	3348.975	33.9416	3555.666	3340.743
96	36	-182.08	3339.644	31.6913	3553.415	3330.967
97	64	-184.327	3337.397	29.4643	3551.188	3328.614
98	79	-230.434	3291.29	26.8123	3548.536	3280.31
99	75	-240.948	3280.777	24.1077	3545.832	3269.295
100	105	-249.193	3272.531	21.3747	3543.099	3260.657
101	27	-250.22	3271.504	18.6856	3540.41	3259.581
102	76	-252.55	3269.174	16.0264	3537.75	3257.14
103	98	-279.045	3242.679	13.1617	3534.886	3229.382
104	38	-294.15	3227.574	10.2067	3531.931	3213.557
105	60	-316.727	3204.997	7.0931	3528.817	3189.905
106	18	-330.438	3191.286	3.9088	3525.633	3175.54
107	39	-414.337	3107.387	0	3521.724	3087.644

TABELA 4A Ordenamento dos genótipos por local, envolvendo os 11 locais e os 11 anos, genótipos, efeitos genotípicos (g+ge), valores genotípicos preditos para cada local (u+g+ge), ganho genotípico e nova média, 197/98 a 2007/08.

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1-Lambari	1	66	664.1878	3762.957	664.1878	3762.957
	2	102	457.7668	3556.536	560.9773	3659.747
	3	65	409.6674	3508.437	510.5406	3609.31
	4	77	368.6662	3467.435	475.072	3573.841
	5	81	304.075	3402.844	440.8726	3539.642
	6	80	274.7831	3373.552	413.191	3511.96
	7	3	272.1769	3370.946	393.0462	3491.815
	8	2	271.5148	3370.284	377.8547	3476.624
	9	67	254.971	3353.74	364.201	3462.97
	10	11	248.1136	3346.883	352.5922	3451.362
	11	1	241.5785	3340.348	342.5001	3441.269
	12	7	240.0752	3338.844	333.9647	3432.734
	13	44	208.1631	3306.932	324.2876	3423.057
	14	28	207.2275	3305.997	315.9262	3414.695
	15	21	202.7329	3301.502	308.38	3407.149
	16	5	196.9831	3295.752	301.4177	3400.187
	17	40	189.226	3287.995	294.8182	3393.587
	18	68	179.3219	3278.091	288.4017	3387.171
	19	50	175.9016	3274.671	282.4806	3381.25
	20	86	156.7162	3255.485	276.1924	3374.962
	21	29	145.1603	3243.93	269.9528	3368.722
	22	100	139.7241	3238.493	264.0333	3362.803
	23	4	137.0009	3235.77	258.5102	3357.279
	24	89	135.2189	3233.988	253.373	3352.142
	25	37	130.2094	3228.979	248.4465	3347.216
	26	82	113.2605	3212.03	243.247	3342.016
	27	85	111.6095	3210.379	238.3716	3337.141
	28	6	107.9017	3206.671	233.7119	3332.481
	29	107	99.46	3198.229	229.0825	3327.852
	30	57	99.0748	3197.844	224.7489	3323.518
	31	90	97.4356	3196.205	220.6421	3319.411
	32	88	96.5646	3195.334	216.7646	3315.534
	33	49	91.324	3190.093	212.9634	3311.733
	34	83	81.618	3180.387	209.1003	3307.87
	35	91	76.9249	3175.694	205.3239	3304.093

“...continua...”

“TABELA 4A cont.”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1-Lambari	36	92	75.1445	3173.914	201.7078	3300.477
	37	101	58.6618	3157.431	197.8417	3296.611
	38	58	58.1901	3156.959	194.1666	3292.936
	39	93	55.4491	3154.218	190.6098	3289.379
	40	41	41.7638	3140.533	186.8886	3285.658
	41	87	39.7578	3138.527	183.3001	3282.069
	42	9	34.0978	3132.867	179.7476	3278.517
	43	43	33.8051	3132.574	176.3536	3275.123
	44	63	30.4452	3129.214	173.0375	3271.807
	45	42	24.4242	3123.194	169.735	3268.504
	46	69	22.7194	3121.489	166.539	3265.308
	47	53	21.4584	3120.228	163.4522	3262.221
	48	51	21.011	3119.78	160.4847	3259.254
	49	94	20.4502	3119.219	157.6268	3256.396
	50	31	13.7984	3112.568	154.7502	3253.52
	51	54	12.1201	3110.889	151.9536	3250.723
	52	106	5.0428	3103.812	149.1284	3247.898
	53	30	4.9521	3103.721	146.4081	3245.177
	54	45	-1.3532	3097.416	143.6717	3242.441
	55	96	-7.4864	3091.283	140.9234	3239.693
	56	8	-11.618	3087.151	138.1995	3236.969
	57	52	-12.5311	3086.238	135.5551	3234.324
	58	10	-15.5866	3083.183	132.9492	3231.718
	59	22	-20.9375	3077.832	130.3409	3229.11
	60	59	-27.7466	3071.023	127.7061	3226.475
	61	15	-35.806	3062.963	125.0256	3223.795
	62	32	-40.8846	3057.885	122.3496	3221.119
	63	84	-42.8189	3055.95	119.7279	3218.497
	64	23	-45.2665	3053.503	117.1499	3215.919
	65	61	-48.368	3050.401	114.6034	3213.373
	66	108	-53.2426	3045.527	112.0603	3210.83
	67	95	-53.6669	3045.102	109.5868	3208.356
	68	74	-65.2819	3033.487	107.0152	3205.784
	69	46	-68.3253	3030.444	104.474	3203.243
	70	104	-76.7729	3021.996	101.8848	3200.654

“...continua...”

“TABELA 4A cont.”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1-Lambari	71	16	-76.8106	3021.959	99.3679	3198.137
	72	73	-83.4485	3015.321	96.8288	3195.598
	73	78	-86.3019	3012.467	94.3202	3193.089
	74	24	-94.7871	3003.982	91.7647	3190.534
	75	70	-107.566	2991.204	89.1069	3187.876
	76	47	-114.983	2983.786	86.4215	3185.191
	77	33	-123.299	2975.471	83.6979	3182.467
	78	62	-124.413	2974.357	81.0298	3179.799
	79	55	-134.057	2964.713	78.3072	3177.076
	80	19	-134.887	2963.882	75.6423	3174.412
	81	26	-142.959	2955.81	72.9435	3171.713
	82	48	-144.363	2954.407	70.2934	3169.063
	83	14	-150.033	2948.737	67.6389	3166.408
	84	17	-151.147	2947.622	65.0343	3163.804
	85	34	-158.189	2940.58	62.4081	3161.177
	86	72	-164.982	2933.787	59.7641	3158.533
	87	64	-167.464	2931.305	57.1522	3155.922
	88	71	-170.389	2928.38	54.5665	3153.336
	89	56	-173.219	2925.551	52.0072	3150.776
	90	36	-174.729	2924.041	49.4879	3148.257
	91	35	-182.065	2916.705	46.9433	3145.713
	92	20	-185.171	2913.598	44.4204	3143.19
	93	12	-199.585	2899.184	41.7966	3140.566
	94	103	-202.448	2896.321	39.1983	3137.968
	95	13	-206.934	2891.835	36.6074	3135.377
	96	79	-214.294	2884.475	33.9939	3132.763
	97	97	-219.563	2879.206	31.3799	3130.149
	98	75	-232.011	2866.758	28.6922	3127.462
	99	25	-268.67	2830.1	25.6886	3124.458
	100	38	-271.194	2827.576	22.7198	3121.489
	101	76	-279.236	2819.533	19.7301	3118.499
	102	105	-282.179	2816.59	16.7702	3115.539
	103	60	-300.732	2798.038	13.6877	3112.457
	104	18	-303.071	2795.698	10.6419	3109.411
105	27	-337.406	2761.363	7.3271	3106.096	
106	98	-353.97	2744.799	3.9187	3102.688	
107	39	-415.381	2683.389	0	3098.769	

“...continua...”

“TABELA 4A cont.”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
2-Lavras	1	102	504.4244	4008.684	504.4244	4008.684
	2	66	462.5417	3966.801	483.483	3987.742
	3	11	410.2707	3914.53	459.0789	3963.338
	4	77	404.9006	3909.16	445.5343	3949.794
	5	28	390.4708	3894.73	434.5216	3938.781
	6	81	286.6628	3790.922	409.8785	3914.138
	7	40	282.1587	3786.418	391.6328	3895.892
	8	29	264.3018	3768.561	375.7164	3879.976
	9	80	261.401	3765.66	363.0147	3867.274
	10	21	258.1507	3762.41	352.5283	3856.788
	11	7	256.6632	3760.922	343.8133	3848.073
	12	50	247.4734	3751.733	335.785	3840.044
	13	67	211.3248	3715.584	326.2111	3830.47
	14	3	205.5588	3709.818	317.5931	3821.852
	15	68	204.0414	3708.301	310.023	3814.282
	16	86	198.263	3702.522	303.038	3807.297
	17	2	189.6158	3693.875	296.3661	3800.625
	18	58	182.4549	3686.714	290.0377	3794.297
	19	1	178.1509	3682.41	284.1489	3788.408
	20	49	171.6248	3675.884	278.5227	3782.782
	21	82	150.087	3654.346	272.4067	3776.666
	22	44	143.7185	3647.978	266.5572	3770.817
	23	57	135.6136	3639.873	260.864	3765.123
	24	4	132.8043	3637.064	255.5282	3759.788
	25	83	130.9267	3635.186	250.5442	3754.803
	26	88	123.329	3627.588	245.6513	3749.911
	27	37	122.2045	3626.464	241.0792	3745.338
	28	107	107.9897	3612.249	236.326	3740.585
	29	45	102.2707	3606.53	231.7034	3735.963
	30	78	99.1914	3603.451	227.2863	3731.546
	31	65	97.9499	3602.209	223.1142	3727.373
	32	89	90.1799	3594.439	218.96	3723.219
	33	6	90.1148	3594.374	215.0556	3719.315
	34	85	85.2599	3589.519	211.2381	3715.497
	35	100	74.5312	3578.791	207.3321	3711.591

“...continua...”

“TABELA 4A cont.”

Local	Ordem	Genótipo	G+ge	U+g+ge	Ganho	Nova média
2-Lavras	36	30	74.1611	3578.42	203.633	3707.892
	37	31	71.9765	3576.236	200.0747	3704.334
	38	5	63.4415	3567.701	196.4791	3700.738
	39	51	63.4054	3567.665	193.0669	3697.326
	40	42	60.6916	3564.951	189.7575	3694.017
	41	10	51.0594	3555.319	186.3747	3690.634
	42	106	45.3657	3549.625	183.0173	3687.277
	43	90	38.522	3542.781	179.6569	3683.916
	44	91	35.6806	3539.94	176.3847	3680.644
	45	41	26.0907	3530.35	173.0449	3677.304
	46	8	15.1833	3519.443	169.6131	3673.872
	47	43	14.2042	3518.464	166.3065	3670.566
	48	59	8.3362	3512.595	163.0155	3667.275
	49	104	4.0725	3508.332	159.7718	3664.031
	50	23	3.8174	3508.077	156.6527	3660.912
	51	94	0.2548	3504.514	153.586	3657.845
	52	54	-2.0508	3502.208	150.593	3654.852
	53	92	-8.85	3495.409	147.5847	3651.844
	54	53	-10.7516	3493.508	144.6525	3648.912
	55	63	-13.2801	3490.979	141.781	3646.04
	56	87	-13.6734	3490.586	139.005	3643.264
	57	52	-18.9939	3485.265	136.2331	3640.492
	58	93	-19.1178	3485.141	133.5547	3637.814
	59	96	-19.3808	3484.879	130.9625	3635.222
	60	15	-20.6262	3483.633	128.4361	3632.695
	61	17	-27.7897	3476.47	125.875	3630.134
	62	12	-31.7636	3472.496	123.3324	3627.592
	63	95	-38.2867	3465.973	120.767	3625.026
	64	32	-40.1734	3464.086	118.2523	3622.512
	65	108	-43.0527	3461.207	115.7707	3620.03
	66	22	-47.3333	3456.926	113.2995	3617.559
	67	9	-49.5363	3454.723	110.8691	3615.128
	68	70	-50.4815	3453.778	108.4963	3612.756
	69	74	-51.4224	3452.837	106.1786	3610.438
	70	73	-52.157	3452.102	103.9167	3608.176

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
2-Lavras	71	14	-53.7666	3450.493	101.6958	3605.955
	72	101	-55.0768	3449.183	99.5184	3603.778
	73	25	-59.0208	3445.239	97.3466	3601.606
	74	62	-66.3322	3437.927	95.1347	3599.394
	75	84	-66.9472	3437.312	92.9736	3597.233
	76	61	-81.2428	3423.017	90.6813	3594.941
	77	24	-94.679	3409.58	88.274	3592.533
	78	72	-95.1691	3409.09	85.9222	3590.182
	79	16	-95.5462	3408.713	83.6251	3587.884
	80	46	-100.956	3403.303	81.3179	3585.577
	81	13	-125.35	3378.91	78.7664	3583.026
	82	34	-127.239	3377.021	76.2542	3580.513
	83	47	-134.925	3369.334	73.7098	3577.969
	84	33	-143.577	3360.682	71.1231	3575.382
	85	48	-149.66	3354.6	68.5256	3572.785
	86	19	-150.54	3353.72	65.9784	3570.238
	87	55	-153.09	3351.17	63.4603	3567.72
	88	69	-164.909	3339.35	60.8652	3565.125
	89	36	-180.895	3323.364	58.1488	3562.408
	90	20	-186.06	3318.2	55.4354	3559.695
	91	56	-194.861	3309.399	52.6849	3556.944
	92	64	-196.9	3307.359	49.972	3554.231
	93	103	-201.129	3303.13	47.272	3551.531
	94	97	-207.088	3297.171	44.5661	3548.825
	95	35	-207.679	3296.58	41.9108	3546.17
	96	27	-215.452	3288.808	39.23	3543.489
	97	26	-231.079	3273.18	36.4433	3540.703
	98	75	-241.157	3263.102	33.6106	3537.87
	99	76	-243.142	3261.117	30.8152	3535.074
	100	38	-260.166	3244.094	27.9053	3532.165
	101	105	-273.967	3230.292	24.9165	3529.176
	102	71	-295.477	3208.782	21.7754	3526.035
	103	98	-299.219	3205.04	18.6589	3522.918
	104	79	-363.804	3140.455	14.9814	3519.241
	105	39	-399.016	3105.243	11.0386	3515.298
	106	60	-448.261	3055.999	6.7056	3510.965
	107	18	-710.789	2793.47	0	3504.259

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
3-P. Minas	1	66	563.1688	4305.171	563.1688	4305.171
	2	102	410.8046	4152.807	486.9867	4228.989
	3	65	386.1942	4128.197	453.3892	4195.392
	4	3	329.0791	4071.082	422.3117	4164.314
	5	77	311.4051	4053.408	400.1304	4142.133
	6	57	295.5067	4037.509	382.6931	4124.696
	7	11	291.1511	4033.154	369.6157	4111.618
	8	81	228.7824	3970.785	352.0115	4094.014
	9	2	216.4692	3958.472	336.9512	4078.954
	10	44	201.96	3943.963	323.4521	4065.455
	11	58	200.2182	3942.221	312.249	4054.252
	12	68	188.5806	3930.583	301.9433	4043.946
	13	80	187.5184	3929.521	293.1414	4035.144
	14	1	187.4845	3929.487	285.5945	4027.597
	15	49	182.7301	3924.733	278.7369	4020.739
	16	86	167.9448	3909.947	271.8124	4013.815
	17	13	162.9927	3904.995	265.4112	4007.414
	18	83	162.0811	3904.084	259.6706	4001.673
	19	67	161.3027	3903.305	254.4934	3996.496
	20	37	158.1135	3900.116	249.6744	3991.677
	21	50	149.1969	3891.199	244.8897	3986.892
	22	40	147.9487	3889.951	240.4833	3982.486
	23	88	147.4735	3889.476	236.4394	3978.442
	24	28	139.2151	3881.218	232.3884	3974.391
	25	107	133.8498	3875.852	228.4469	3970.449
	26	5	120.0347	3862.037	224.2772	3966.28
	27	29	108.7867	3850.789	219.9997	3962.002
	28	6	106.6001	3848.603	215.9498	3957.952
	29	100	103.5478	3845.55	212.0738	3954.076
	30	82	87.5597	3829.562	207.9234	3949.926
	31	89	79.3416	3821.344	203.7756	3945.778
	32	41	76.4733	3818.476	199.7974	3941.8
	33	9	66.8753	3808.878	195.7694	3937.772
	34	30	64.256	3806.258	191.9014	3933.904
	35	59	50.5262	3792.529	187.8621	3929.865

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
3-P. Minas	36	51	43.5297	3785.532	183.8529	3925.855
	37	90	42.2698	3784.272	180.0263	3922.029
	38	21	41.9918	3783.994	176.3938	3918.396
	39	7	38.605	3780.608	172.8608	3914.863
	40	54	37.4848	3779.487	169.4764	3911.479
	41	52	34.6534	3776.656	166.188	3908.191
	42	104	31.9178	3773.92	162.9911	3904.994
	43	8	30.6606	3772.663	159.9136	3901.916
	44	42	30.5545	3772.557	156.9737	3898.976
	45	106	28.9201	3770.923	154.128	3896.131
	46	92	21.6982	3763.701	151.2491	3893.252
	47	94	18.9444	3760.947	148.4341	3890.437
	48	4	18.7531	3760.756	145.7324	3887.735
	49	53	17.0865	3759.089	143.107	3885.11
	50	87	15.8629	3757.865	140.5621	3882.565
	51	91	12.3909	3754.393	138.049	3880.051
	52	43	11.3453	3753.348	135.6123	3877.615
	53	22	7.7328	3749.735	133.1995	3875.202
	54	10	7.3625	3749.365	130.8692	3872.872
	55	85	7.084	3749.087	128.6186	3870.621
	56	96	5.6531	3747.656	126.4228	3868.425
	57	93	4.7302	3746.733	124.2878	3866.29
	58	73	-10.6615	3731.341	121.9611	3863.964
	59	63	-11.0534	3730.949	119.7066	3861.709
	60	84	-11.6113	3730.391	117.518	3859.52
	61	70	-19.5402	3722.462	115.2711	3857.274
	62	101	-40.1444	3701.858	112.7644	3854.767
	63	12	-44.282	3697.721	110.2716	3852.274
	64	32	-44.7021	3697.3	107.8502	3849.853
	65	23	-45.2939	3696.709	105.4941	3847.497
	66	108	-48.8549	3693.148	103.1555	3845.158
	67	45	-50.4838	3691.519	100.8623	3842.865
	68	31	-56.8734	3685.129	98.5427	3840.545
	69	95	-58.0781	3683.924	96.2728	3838.275
70	15	-60.2912	3681.711	94.0362	3836.039	

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
3-P. Minas	71	69	-66.7904	3675.212	91.771	3833.774
	72	24	-70.5044	3671.498	89.5172	3831.52
	73	62	-74.8968	3667.106	87.265	3829.267
	74	47	-84.9579	3657.045	84.9376	3826.94
	75	46	-88.4617	3653.541	82.6256	3824.628
	76	16	-89.6151	3652.387	80.3593	3822.362
	77	74	-93.2925	3648.71	78.1041	3820.107
	78	26	-95.0188	3646.984	75.8846	3817.887
	79	78	-101.791	3640.211	73.6355	3815.638
	80	61	-119.217	3622.786	71.2249	3813.227
	81	33	-122.136	3619.867	68.8377	3810.84
	82	17	-134.77	3607.233	66.3547	3808.357
	83	56	-136.114	3605.889	63.9153	3805.918
	84	55	-140.947	3601.055	61.4765	3803.479
	85	48	-142.502	3599.501	59.0767	3801.079
	86	18	-145.129	3596.873	56.7022	3798.705
	87	14	-146.697	3595.305	54.3643	3796.367
	88	97	-150.392	3591.611	52.0375	3794.04
	89	64	-157.26	3584.743	49.6859	3791.688
	90	34	-163.37	3578.632	47.3186	3789.321
	91	20	-163.467	3578.535	45.0023	3787.005
	92	19	-167.08	3574.922	42.697	3784.7
	93	36	-170.897	3571.105	40.4003	3782.403
	94	103	-175.696	3566.306	38.1014	3780.104
	95	72	-198.24	3543.763	35.6136	3777.616
	96	79	-201.339	3540.664	33.1453	3775.148
	97	35	-209.066	3532.937	30.6483	3772.651
	98	71	-215.035	3526.967	28.1414	3770.144
	99	105	-222.086	3519.916	25.6138	3767.616
	100	25	-237.331	3504.671	22.9844	3764.987
	101	75	-251.187	3490.816	20.2698	3762.272
	102	27	-256.914	3485.088	17.5523	3759.555
	103	76	-266.691	3475.312	14.7927	3756.795
	104	98	-318.477	3423.525	11.5881	3753.591
105	38	-326.003	3416	8.373	3750.376	
106	39	-412.202	3329.801	4.4053	3746.408	
107	60	-466.962	3275.04	0	3742.003	

“...continua...”

“TABELA 4Acont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
4-Patrocínio	1	102	505.4366	3387.998	505.4366	3387.998
	2	66	435.8185	3318.38	470.6275	3353.189
	3	3	306.8862	3189.448	416.0471	3298.609
	4	65	251.429	3133.991	374.8926	3257.454
	5	11	235.231	3117.793	346.9603	3229.522
	6	77	235.1606	3117.722	328.327	3210.889
	7	28	231.099	3113.661	314.4373	3196.999
	8	21	217.5278	3100.089	302.3236	3184.885
	9	5	208.2025	3090.764	291.8657	3174.427
	10	40	204.9696	3087.531	283.1761	3165.738
	11	80	198.9792	3081.541	275.5218	3158.083
	12	29	191.778	3074.34	268.5432	3151.105
	13	2	186.1601	3068.722	262.206	3144.768
	14	1	183.3712	3065.933	256.5749	3139.137
	15	4	179.8466	3062.408	251.4597	3134.021
	16	44	165.7493	3048.311	246.1028	3128.664
	17	81	165.1326	3047.694	241.3399	3123.902
	18	37	161.8247	3044.386	236.9224	3119.484
	19	67	159.9208	3042.482	232.8696	3115.431
	20	57	156.084	3038.646	229.0304	3111.592
	21	86	153.5372	3036.099	225.4354	3107.997
	22	68	150.1356	3032.697	222.0127	3104.574
	23	58	145.3147	3027.876	218.678	3101.24
	24	50	130.8684	3013.43	215.0193	3097.581
	25	49	118.7084	3001.27	211.1669	3093.729
	26	107	105.2619	2987.824	207.0936	3089.655
	27	88	98.7201	2981.282	203.0798	3085.641
	28	13	90.6802	2973.242	199.0655	3081.627
	29	89	88.28	2970.842	195.2453	3077.807
	30	6	86.5573	2969.119	191.6224	3074.184
	31	83	82.7783	2965.34	188.1113	3070.673
	32	82	77.6459	2960.208	184.6592	3067.221
	33	85	77.5889	2960.151	181.4147	3063.976
	34	12	69.8045	2952.366	178.132	3060.694
	35	8	67.4796	2950.041	174.9705	3057.532

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
4-Patrocínio	36	31	61.0378	2943.599	171.8057	3054.367
	37	94	47.2122	2929.774	168.4383	3051
	38	54	44.8755	2927.437	165.1867	3047.748
	39	42	43.7432	2926.305	162.0727	3044.634
	40	59	43.1529	2925.715	159.0997	3041.661
	41	90	42.1958	2924.757	156.2484	3038.81
	42	7	31.1835	2913.745	153.2707	3035.832
	43	9	31.0248	2913.586	150.4278	3032.989
	44	41	29.3019	2911.864	147.6749	3030.237
	45	87	28.9578	2911.519	145.0367	3027.598
	46	45	26.6818	2909.243	142.4638	3025.025
	47	69	24.615	2907.177	139.9564	3022.518
	48	30	22.31	2904.872	137.5054	3020.067
	49	53	21.4129	2903.975	135.1362	3017.698
	50	96	19.3349	2901.897	132.8202	3015.382
	51	101	16.8673	2899.429	130.5466	3013.108
	52	92	6.3265	2888.888	128.1577	3010.719
	53	22	4.2075	2886.769	125.819	3008.381
	54	100	3.3084	2885.87	123.5503	3006.112
	55	10	-0.3473	2882.214	121.2976	3003.859
	56	106	-7.001	2875.561	119.0066	3001.568
	57	91	-8.2578	2874.304	116.7739	2999.336
	58	51	-11.2778	2871.284	114.5661	2997.128
	59	23	-12.8878	2869.674	112.4059	2994.968
	60	104	-16.7232	2865.839	110.2537	2992.815
	61	52	-18.4939	2864.068	108.1431	2990.705
	62	43	-18.6712	2863.891	106.0977	2988.659
	63	15	-18.8473	2863.714	104.1145	2986.676
	64	108	-19.4545	2863.107	102.1837	2984.745
	65	93	-25.1681	2857.394	100.2244	2982.786
	66	62	-31.4562	2851.106	98.2293	2980.791
	67	63	-37.4004	2845.161	96.2049	2978.767
	68	95	-42.4989	2840.063	94.1652	2976.727
	69	70	-43.5223	2839.039	92.1697	2974.731
	70	73	-54.0916	2828.47	90.0803	2972.642

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
4-Patrocínio	71	24	-58.08	2824.482	87.9935	2970.555
	72	32	-59.0752	2823.486	85.9509	2968.513
	73	84	-61.207	2821.355	83.935	2966.497
	74	78	-72.5468	2810.015	81.8204	2964.382
	75	16	-77.1653	2805.396	79.7006	2962.262
	76	61	-100.679	2781.883	77.3272	2959.889
	77	74	-102.392	2780.169	74.9932	2957.555
	78	46	-102.488	2780.073	72.7178	2955.279
	79	33	-112.08	2770.482	70.3785	2952.94
	80	14	-118.178	2764.384	68.0216	2950.583
	81	17	-118.509	2764.053	65.7187	2948.28
	82	103	-123.097	2759.465	63.4161	2945.978
	83	56	-124.395	2758.167	61.1533	2943.715
	84	55	-127.39	2755.172	58.9088	2941.47
	85	71	-127.688	2754.874	56.7135	2939.275
	86	47	-128.157	2754.405	54.5639	2937.126
	87	25	-132.766	2749.796	52.4106	2934.972
	88	34	-136.001	2746.56	50.2696	2932.831
	89	48	-144.373	2738.188	48.0826	2930.644
	90	20	-145.207	2737.355	45.9349	2928.497
	91	19	-148.701	2733.86	43.7961	2926.358
	92	97	-171.574	2710.988	41.4551	2924.017
	93	64	-182.658	2699.904	39.0453	2921.607
	94	79	-194.019	2688.543	36.5659	2919.128
	95	26	-200.528	2682.034	34.0702	2916.632
	96	36	-201.932	2680.63	31.6118	2914.173
	97	35	-210.098	2672.464	29.12	2911.682
	98	72	-223.985	2658.577	26.5372	2909.099
	99	75	-239.712	2642.85	23.8479	2906.41
	100	27	-246.743	2635.819	21.142	2903.704
	101	76	-250.472	2632.089	18.4527	2901.014
	102	60	-253.787	2628.775	15.7837	2898.345
	103	38	-278.237	2604.324	12.9291	2895.491
104	105	-294.941	2587.621	9.9688	2892.53	
105	98	-301.712	2580.85	7.0004	2889.562	
106	18	-313.334	2569.228	3.9784	2886.54	
107	39	-421.713	2460.849	0	2882.562	

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
5-Uberaba	1	3	311.3752	4588.006	311.3752	4588.006
	2	7	278.379	4555.01	294.8771	4571.508
	3	44	251.1145	4527.746	280.2896	4556.921
	4	5	223.9937	4500.625	266.2156	4542.847
	5	2	205.2582	4481.889	254.0241	4530.655
	6	40	195.6097	4472.241	244.2884	4520.92
	7	29	194.7332	4471.364	237.2091	4513.84
	8	28	180.3115	4456.943	230.0969	4506.728
	9	49	180.2069	4456.838	224.5536	4501.185
	10	1	175.3779	4452.009	219.636	4496.267
	11	50	170.2978	4446.929	215.1507	4491.782
	12	57	168.5859	4445.217	211.2703	4487.901
	13	21	166.3009	4442.932	207.8111	4484.442
	14	4	163.4601	4440.091	204.6432	4481.274
	15	11	138.4309	4415.062	200.229	4476.86
	16	58	137.1896	4413.821	196.2891	4472.92
	17	6	114.8661	4391.497	191.4995	4468.131
	18	59	107.2681	4383.899	186.82	4463.451
	19	41	92.0432	4368.674	181.8317	4458.463
	20	9	86.3381	4362.969	177.057	4453.688
	21	8	54.2835	4330.915	171.2107	4447.842
	22	100	50.2251	4326.856	165.7113	4442.343
	23	52	46.9017	4323.533	160.5457	4437.177
	24	30	44.9838	4321.615	155.7306	4432.362
	25	37	44.5236	4321.155	151.2823	4427.914
	26	10	37.0333	4313.664	146.8881	4423.519
	27	31	36.2311	4312.862	142.7897	4419.421
	28	42	31.242	4307.873	138.8059	4415.437
	29	51	26.606	4303.237	134.9369	4411.568
	30	22	23.9968	4300.628	131.2389	4407.87
	31	53	14.5426	4291.174	127.4745	4404.106
	32	43	14.0034	4290.635	123.9286	4400.56
	33	45	12.4018	4289.033	120.549	4397.18
	34	12	-6.9789	4269.652	116.7981	4393.429
	35	54	-16.6155	4260.016	112.9863	4389.618

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
5-Uberaba	36	63	-28.4868	4248.144	109.0565	4385.688
	37	62	-31.4365	4245.195	105.2594	4381.891
	38	16	-46.6034	4230.028	101.263	4377.894
	39	17	-54.1277	4222.503	97.2786	4373.91
	40	32	-64.6686	4211.963	93.23	4369.861
	41	46	-75.382	4201.249	89.1175	4365.749
	42	15	-101.653	4174.978	84.5753	4361.206
	43	24	-104.876	4171.755	80.1695	4356.801
	44	61	-105.64	4170.991	75.9465	4352.578
	45	23	-106.288	4170.343	71.8968	4348.528
	46	20	-107.885	4168.746	67.9885	4344.62
	47	14	-121.19	4155.442	63.9635	4340.595
	48	56	-125.585	4151.046	60.0145	4336.646
	49	47	-125.657	4150.974	56.2253	4332.857
	50	55	-133.739	4142.892	52.4261	4329.057
	51	25	-135.211	4141.42	48.7469	4325.378
	52	19	-136.283	4140.348	45.1886	4321.82
	53	33	-138.604	4138.027	41.7208	4318.352
	54	48	-145.135	4131.497	38.2606	4314.892
	55	35	-170.925	4105.706	34.4572	4311.088
	56	34	-178.356	4098.275	30.6569	4307.288
	57	36	-201.062	4075.569	26.5917	4303.223
	58	13	-203.201	4073.43	22.6298	4299.261
	59	26	-220.82	4055.811	18.5035	4295.135
	60	64	-252.07	4024.561	13.9939	4290.625
	61	60	-265.229	4011.402	9.4165	4286.048
	62	27	-271.067	4005.564	4.8926	4281.524
	63	18	-310.917	3965.715	-0.1203	4276.511
	64	38	-366.129	3910.502	-5.8392	4270.792
	65	39	-455.174	3821.457	-12.752	4263.879

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
6-Felixlândia	1	66	578.6699	4434.101	578.6699	4434.101
	2	102	473.8345	4329.266	526.2522	4381.684
	3	37	382.2974	4237.729	478.2673	4333.699
	4	65	320.01	4175.442	438.7029	4294.135
	5	7	286.0888	4141.52	408.1801	4263.612
	6	11	280.4474	4135.879	386.8913	4242.323
	7	77	273.9138	4129.345	370.7517	4226.183
	8	29	240.0849	4095.517	354.4183	4209.85
	9	3	219.408	4074.84	339.4172	4194.849
	10	57	211.2132	4066.645	326.5968	4182.028
	11	21	207.4856	4062.917	315.7685	4171.2
	12	2	205.2773	4060.709	306.5609	4161.993
	13	40	195.6014	4051.033	298.0255	4153.457
	14	1	187.1065	4042.538	290.1028	4145.534
	15	5	183.8951	4039.327	283.0222	4138.454
	16	28	165.0992	4020.531	275.6521	4131.084
	17	4	164.9426	4020.374	269.1397	4124.571
	18	44	163.8439	4019.276	263.29	4118.722
	19	49	152.6945	4008.126	257.4691	4112.901
	20	50	148.9052	4004.337	252.041	4107.473
	21	58	104.6467	3960.078	245.0222	4100.454
	22	30	103.7463	3959.178	238.6005	4094.032
	23	67	85.2477	3940.679	231.933	4087.365
	24	69	80.681	3936.113	225.6309	4081.062
	25	100	72.332	3927.764	219.4989	4074.931
	26	68	61.5366	3916.968	213.4234	4068.855
	27	71	60.3809	3915.813	207.7552	4063.187
	28	54	44.701	3900.133	201.9318	4057.363
	29	12	42.3255	3897.757	196.4282	4051.86
	30	22	41.8154	3897.247	191.2744	4046.706
	31	9	27.5536	3882.985	185.9931	4041.425
	32	42	27.2539	3882.686	181.0325	4036.464
	33	51	24.1234	3879.555	176.2777	4031.709
	34	41	20.2835	3875.715	171.6896	4027.121
	35	53	8.7415	3864.173	167.0339	4022.466
	36	101	-7.704	3847.728	162.1801	4017.612

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
6-Felixlândia	37	45	-8.0697	3847.362	157.5788	4013.01
	38	74	-9.5639	3845.868	153.1803	4008.612
	39	31	-19.7134	3835.718	148.7471	4004.179
	40	52	-21.9887	3833.443	144.4787	3999.91
	41	43	-23.8381	3831.594	140.3734	3995.805
	42	78	-29.7986	3825.633	136.3217	3991.753
	43	17	-47.0058	3808.426	132.0583	3987.49
	44	104	-47.9504	3807.481	127.9672	3983.399
	45	70	-50.2465	3805.185	124.0069	3979.438
	46	23	-71.8678	3783.564	119.7487	3975.18
	47	13	-83.3462	3772.085	115.4275	3970.859
	48	14	-91.1186	3764.313	111.1245	3966.556
	49	46	-104.925	3750.506	106.7153	3962.147
	50	33	-115.616	3739.816	102.2687	3957.7
	51	73	-124.734	3730.698	97.8177	3953.249
	52	35	-129.912	3725.52	93.4383	3948.87
	53	24	-142.497	3712.935	88.9867	3944.418
	54	47	-146.069	3709.363	84.6338	3940.065
	55	56	-147.457	3707.975	80.414	3935.846
	56	55	-153.12	3702.312	76.2437	3931.675
	57	48	-156.949	3698.482	72.1526	3927.584
	58	32	-157.775	3697.656	68.1883	3923.62
	59	103	-176.262	3679.17	64.0451	3919.477
	60	25	-201.766	3653.666	59.6149	3915.047
	61	72	-211.171	3644.261	55.1758	3910.607
	62	26	-211.303	3644.129	50.8778	3906.309
	63	34	-214.957	3640.475	46.6582	3902.09
	64	36	-224.737	3630.694	42.4176	3897.849
	65	79	-230.694	3624.737	38.2159	3893.648
	66	75	-257.821	3597.611	33.7305	3889.162
	67	76	-275.221	3580.21	29.1193	3884.551
	68	105	-278.438	3576.994	24.5964	3880.028
	69	27	-304.893	3550.539	19.8212	3875.253
70	60	-306.924	3548.507	15.1534	3870.585	
71	38	-333.713	3521.719	10.2398	3865.671	
72	18	-398.948	3456.484	4.5566	3859.988	
73	39	-472.149	3383.283	-1.9736	3853.458	

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
7-Paracatu	1	28	373.7044	5797.561	373.7044	5797.561
	2	21	242.1196	5665.976	307.912	5731.768
	3	29	236.5475	5660.404	284.1238	5707.98
	4	4	234.9594	5658.816	271.8327	5695.689
	5	7	205.5431	5629.399	258.5748	5682.431
	6	5	197.5861	5621.442	248.41	5672.266
	7	30	120.4615	5544.318	230.1317	5653.988
	8	31	110.617	5534.473	215.1923	5639.048
	9	37	81.8352	5505.691	200.3749	5624.231
	10	11	78.5783	5502.434	188.1952	5612.051
	11	12	6.0615	5429.918	171.6376	5595.494
	12	13	-81.8468	5342.009	150.5139	5574.37
	13	32	-106.572	5317.284	130.7381	5554.594
	14	33	-166.455	5257.401	109.51	5533.366
	15	35	-174.526	5249.331	90.5743	5514.43
	16	36	-215.75	5208.106	71.429	5495.285
	17	34	-221.208	5202.648	54.215	5478.071
	18	18	-304.081	5119.775	34.3097	5458.166
	19	38	-377.793	5046.063	12.62	5436.476
	20	39	-541.903	4881.953	-15.1061	5408.75
8-Uberlândia	1	5	228.6393	3773.857	228.6393	3773.857
	2	11	222.5944	3767.812	225.6168	3770.835
	3	44	208.9714	3754.189	220.0683	3765.286
	4	29	206.2166	3751.435	216.6054	3761.823
	5	49	189.4904	3734.708	211.1824	3756.4
	6	7	180.5315	3725.749	206.0739	3751.292
	7	57	179.4316	3724.65	202.2679	3747.486
	8	28	175.3472	3720.565	198.9028	3744.121
	9	40	167.3422	3712.56	195.396	3740.614
	10	58	154.7354	3699.953	191.33	3736.548
	11	50	136.4254	3681.643	186.3386	3731.557
	12	100	76.3683	3621.586	177.1744	3722.392

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média	Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
8-Uberlândia	13	51	46.1688	3591.387	167.0971	3712.315	9- Viçosa	1	102	502.3616	4534.522	502.3616	4534.522
	14	52	44.6448	3589.863	158.3505	3703.568		2	66	489.3477	4521.508	495.8546	4528.015
	15	59	40.0251	3585.243	150.4621	3695.68		3	7	293.2008	4325.361	428.3034	4460.463
	16	30	35.566	3580.784	143.2811	3688.499		4	65	292.7629	4324.923	394.4183	4426.578
	17	54	29.9848	3575.203	136.6166	3681.835		5	77	281.807	4313.967	371.896	4404.056
	18	53	11.9595	3557.177	129.6912	3674.909		6	57	277.1009	4309.261	356.0968	4388.257
	19	43	4.1755	3549.393	123.0852	3668.303		7	5	259.1552	4291.315	342.248	4374.408
	20	63	-24.9934	3520.225	115.6812	3660.899		8	28	232.8985	4265.059	328.5793	4360.739
	21	31	-25.4705	3519.747	108.9597	3654.178		9	40	224.9494	4257.109	317.0649	4349.225
	22	62	-36.837	3508.381	102.3326	3647.551		10	67	194.7449	4226.905	304.8329	4336.993
	23	61	-90.703	3454.515	93.9397	3639.158		11	11	188.6895	4220.85	294.2744	4326.434
	24	12	-97.7948	3447.423	85.9508	3631.169		12	44	185.1313	4217.291	285.1791	4317.339
	25	13	-102.17	3443.048	78.426	3623.644		13	50	184.2932	4216.453	277.4187	4309.579
	26	55	-124.078	3421.14	70.6374	3615.855		14	29	157.8886	4190.049	268.8808	4301.041
	27	56	-127.605	3417.613	63.2951	3608.513		15	49	152.0611	4184.221	261.0928	4293.253
	28	64	-209.799	3335.419	53.5417	3598.76		16	68	112.7713	4144.931	251.8227	4283.983
	29	60	-311.423	3233.795	40.9567	3586.175		17	100	74.6299	4106.79	241.3996	4273.56

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média	Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
9-Viçosa	1	102	502.3616	4534.522	502.3616	4534.522	9-Viçosa	25	101	10.2674	4042.427	174.0965	4206.257
	2	66	489.3477	4521.508	495.8546	4528.015		26	62	5.6909	4037.851	167.6194	4199.779
	3	7	293.2008	4325.361	428.3034	4460.463		27	104	-0.9833	4031.177	161.3748	4193.535
	4	65	292.7629	4324.923	394.4183	4426.578		28	69	-15.9737	4016.186	155.041	4187.201
	5	77	281.807	4313.967	371.896	4404.056		29	51	-22.8524	4009.308	148.9067	4181.067
	6	57	277.1009	4309.261	356.0968	4388.257		30	53	-37.8472	3994.313	142.6816	4174.842
	7	5	259.1552	4291.315	342.248	4374.408		31	78	-43.903	3988.257	136.6627	4168.823
	8	28	232.8985	4265.059	328.5793	4360.739		32	73	-54.7623	3977.398	130.6807	4162.841
	9	40	224.9494	4257.109	317.0649	4349.225		33	52	-57.8175	3974.343	124.9686	4157.129
	10	67	194.7449	4226.905	304.8329	4336.993		34	56	-60.5492	3971.611	119.5122	4151.672
	11	11	188.6895	4220.85	294.2744	4326.434		35	71	-69.1864	3962.974	114.1208	4146.281
	12	44	185.1313	4217.291	285.1791	4317.339		36	70	-77.9305	3954.23	108.7861	4140.946
	13	50	184.2932	4216.453	277.4187	4309.579		37	13	-93.0226	3939.137	103.3318	4135.492
	14	29	157.8886	4190.049	268.8808	4301.041		38	72	-96.1323	3936.028	98.0827	4130.243
	15	49	152.0611	4184.221	261.0928	4293.253		39	63	-103.838	3928.322	92.9053	4125.065
	16	68	112.7713	4144.931	251.8227	4283.983		40	74	-115.752	3916.409	87.6889	4119.849
	17	100	74.6299	4106.79	241.3996	4273.56		41	55	-122.541	3909.619	82.5613	4114.721
	18	31	53.6216	4085.782	230.9675	4263.128		42	61	-130.533	3901.627	77.4876	4109.648
	19	58	50.3808	4082.541	221.463	4253.623		43	103	-220.131	3812.029	70.5663	4102.726
	20	30	39.1785	4071.339	212.3487	4244.509		44	64	-220.753	3811.407	63.9454	4096.105
	21	43	36.6505	4068.811	203.9821	4236.142		45	75	-270.859	3761.301	56.5053	4088.665
	22	54	22.5096	4054.67	195.7334	4227.893		46	105	-274.161	3757.999	49.3169	4081.477
	23	12	19.8656	4052.026	188.087	4220.247		47	76	-285.592	3746.568	42.1912	4074.351
	24	59	16.1452	4048.305	180.9227	4213.083		48	79	-321.287	3710.874	34.6187	4066.779
						49	60	-359.289	3672.871	26.5798	4058.74		

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
10-Piumhi	1	66	521.1295	4143.211	521.1295	4143.211
	2	102	426.3378	4048.419	473.7336	4095.815
	3	65	300.5673	3922.649	416.0115	4038.093
	4	81	279.5089	3901.59	381.8859	4003.967
	5	7	241.3985	3863.48	353.7884	3975.87
	6	67	203.5483	3825.63	328.7484	3950.83
	7	86	203.3244	3825.406	310.8307	3932.912
	8	49	186.7113	3808.793	295.3157	3917.397
	9	88	181.4606	3803.542	282.6652	3904.746
	10	57	179.5346	3801.616	272.3521	3894.433
	11	77	174.4537	3796.535	263.4523	3885.534
	12	50	165.5578	3787.639	255.2944	3877.376
	13	80	153.718	3775.799	247.4808	3869.562
	14	107	124.1179	3746.199	238.6692	3860.75
	15	11	111.6668	3733.748	230.2024	3852.284
	16	89	102.0038	3724.085	222.19	3844.271
	17	100	99.8596	3721.941	214.994	3837.075
	18	83	91.6997	3713.781	208.1444	3830.226
	19	68	89.4626	3711.544	201.898	3823.979
	20	90	76.4348	3698.516	195.6248	3817.706
	21	94	54.058	3676.139	188.8835	3810.965
	22	82	53.4308	3675.512	182.7266	3804.808
	23	85	29.0299	3651.111	176.0441	3798.125
	24	12	25.898	3647.979	169.788	3791.869
	25	69	23.6261	3645.707	163.9415	3786.023

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
10-Piumhi	26	106	22.7267	3644.808	158.5102	3780.591
	27	96	17.7611	3639.842	153.2973	3775.379
	28	92	12.8758	3634.957	148.2822	3770.363
	29	78	7.702	3629.783	143.4346	3765.516
	30	87	5.8345	3627.916	138.848	3760.929
	31	84	-2.1886	3619.893	134.2984	3756.38
	32	91	-16.5317	3605.55	129.5849	3751.666
	33	101	-25.9504	3596.131	124.8718	3746.953
	34	71	-26.1966	3595.885	120.4286	3742.51
	35	74	-30.1226	3591.959	116.1271	3738.208
	36	93	-33.1456	3588.936	111.9806	3734.062
	37	31	-37.658	3584.423	107.9364	3730.018
	38	70	-39.8545	3582.227	104.0471	3726.128
	39	108	-61.255	3560.826	99.8086	3721.89
	40	73	-75.4454	3546.636	95.4273	3717.509
	41	95	-83.1467	3538.935	91.0718	3713.153
	42	13	-127.502	3494.579	85.8677	3707.949
	43	97	-149.016	3473.066	80.4052	3702.487
	44	72	-183.784	3438.297	74.4009	3696.482
	45	103	-201.032	3421.05	68.2802	3690.361
	46	79	-228.021	3394.06	61.8389	3683.92
	47	98	-246.009	3376.072	55.2889	3677.37
	48	76	-299.871	3322.21	47.8897	3669.971
	49	60	-303.951	3318.131	40.7093	3662.791
	50	75	-320.181	3301.901	33.4915	3655.573

“...continua...”

“TABELA 4A cont”

Local	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
11-S.S. Paraíso	1	66	565.7	3351.602	565.7	3351.602
	2	7	237.8211	3023.723	401.7605	3187.663
	3	80	181.7082	2967.61	328.4097	3114.312
	4	81	180.2704	2966.172	291.3749	3077.277
	5	77	171.3783	2957.28	267.3756	3053.278
	6	86	137.1933	2923.095	245.6785	3031.581
	7	68	136.5879	2922.49	230.0942	3015.996
	8	83	124.99	2910.892	216.9561	3002.858
	9	49	120.634	2906.536	206.2537	2992.156
	10	85	111.8454	2897.747	196.8128	2982.715
	11	107	100.7235	2886.626	188.0774	2973.979
	12	89	91.0994	2877.001	179.9959	2965.898
	13	94	89.5206	2875.423	173.0363	2958.938
	14	82	76.8782	2862.78	166.1679	2952.07
	15	50	73.6227	2859.525	159.9982	2945.9
	16	13	72.6653	2858.567	154.5399	2940.442
	17	88	71.3595	2857.262	149.6469	2935.549
	18	92	66.6006	2852.503	145.0332	2930.935
	19	90	57.1702	2843.072	140.4089	2926.311
	20	96	26.6013	2812.503	134.7185	2920.621
	21	31	15.3793	2801.281	129.0357	2914.938
	22	91	7.0131	2792.915	123.4892	2909.391
	23	93	-2.4264	2783.476	118.0146	2903.917
	24	12	-3.425	2782.477	112.9546	2898.857
	25	87	-20.7024	2765.2	107.6083	2893.51
	26	78	-72.9232	2712.979	100.6648	2886.567
	27	108	-74.1546	2711.747	94.19	2880.092
	28	95	-97.8457	2688.056	87.3316	2873.234
	29	97	-138.338	2647.565	79.5499	2865.452
	30	79	-210.797	2575.105	69.8717	2855.774
	31	98	-301.146	2484.756	57.9034	2843.805

TABELA 5A Média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para todos os genótipos para estabilidade e produtividade, simultaneamente. 1997/98; 2007/08.

Ordem	Genótipo	MHVG	Ordem	Genótipo	MHVG	Ordem	Genótipo	MHVG
1	102	3965.741	37	6	3535.043	73	48	3348.175
2	28	3935.505	38	13	3534.42	74	88	3344.388
3	11	3932.204	39	68	3528.835	75	107	3341.556
4	66	3925.639	40	9	3527.016	76	83	3341.33
5	29	3898.994	41	34	3516.492	77	78	3338.518
6	5	3892.993	42	45	3513.253	78	89	3329.961
7	21	3881.946	43	63	3500.779	79	64	3327.784
8	37	3847.533	44	22	3495.714	80	82	3323.55
9	4	3831.195	45	35	3489.675	81	25	3319.029
10	7	3791.941	46	101	3487.769	82	72	3314.667
11	65	3784.609	47	36	3484.725	83	26	3311.524
12	3	3776.567	48	69	3476.992	84	85	3308.308
13	40	3766.649	49	62	3467.467	85	103	3306.198
14	44	3753.627	50	81	3466.091	86	18	3302.346
15	30	3753.368	51	8	3465.003	87	84	3296.164
16	57	3752.084	52	23	3456.975	88	90	3290.545
17	2	3714.473	53	104	3447.157	89	19	3283.842
18	1	3695.561	54	10	3445.668	90	94	3273.407
19	58	3693.045	55	80	3442.747	91	20	3269.626
20	67	3676.623	56	70	3432.093	92	92	3263.204
21	77	3657.676	57	61	3429.698	93	91	3248.429
22	100	3645.53	58	55	3424.786	94	87	3239.819
23	50	3625.989	59	73	3424.17	95	96	3239.439
24	49	3622.241	60	56	3420.484	96	39	3235.545
25	32	3615.206	61	74	3419.997	97	60	3232.367
26	31	3606.478	62	24	3405.928	98	75	3230.553
27	54	3586.409	63	46	3405.45	99	93	3228.004
28	51	3585.388	64	17	3398.827	100	27	3219.183
29	53	3570.769	65	86	3397.698	101	76	3216.6
30	43	3570.457	66	15	3392.43	102	105	3190.089
31	12	3562.912	67	14	3380.038	103	108	3179.803
32	52	3559.97	68	47	3372.806	104	95	3166.132
33	59	3553.601	69	38	3371.094	105	79	3139.943
34	33	3553.113	70	71	3356.575	106	97	3055.706
35	41	3542.118	71	16	3353.608	107	98	2920.339
36	42	3535.275	72	106	3352.976			

TABELA 6A Performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) e PRVG multiplicada pela média geral (MG) de todos os genótipos superiores para adaptabilidade e produtividade, simultaneamente. 1997/98 a 2007/08.

Ordem	Genótipo	PRVG	PRVG*MG	Ordem	Genótipo	PRVG	PRVG*MG
1	66	1.1583	4079.218	37	41	1.0131	3567.687
2	102	1.1346	3995.643	38	94	1.0125	3565.846
3	65	1.0842	3818.14	39	42	1.0105	3558.653
4	77	1.0812	3807.834	40	92	1.0095	3555.285
5	3	1.0784	3797.954	41	8	1.009	3553.335
6	81	1.0734	3780.121	42	59	1.0089	3553.054
7	80	1.065	3750.679	43	9	1.0088	3552.737
8	28	1.0619	3739.594	44	51	1.0066	3544.804
9	11	1.0617	3738.862	45	54	1.0063	3544.026
10	2	1.0609	3736.197	46	91	1.0056	3541.332
11	7	1.0568	3721.725	47	106	1.0052	3540.141
12	40	1.0565	3720.566	48	31	1.0051	3539.64
13	1	1.0553	3716.624	49	45	1.0042	3536.586
14	44	1.0532	3709.138	50	10	1.004	3535.844
15	67	1.0525	3706.754	51	87	1.0029	3531.933
16	57	1.0519	3704.421	52	96	1.0025	3530.366
17	21	1.0519	3704.41	53	43	1.0024	3530.034
18	29	1.0518	3704.311	54	53	1.0019	3528.55
19	86	1.0518	3704.077	55	22	1	3521.559
20	5	1.0501	3698.298	56	52	0.9996	3520.359
21	50	1.0447	3679.294	57	93	0.9992	3518.76
22	49	1.0436	3675.347	58	101	0.9988	3517.559
23	37	1.0428	3672.626	59	69	0.9964	3508.87
24	68	1.042	3669.738	60	104	0.9944	3502.022
25	4	1.0391	3659.492	61	12	0.9939	3500.157
26	58	1.0363	3649.442	62	63	0.9929	3496.893
27	88	1.036	3648.346	63	84	0.9884	3480.968
28	83	1.0343	3642.586	64	78	0.9882	3480.088
29	107	1.0343	3642.414	65	23	0.9877	3478.531
30	89	1.0303	3628.585	66	15	0.9872	3476.744
31	6	1.0292	3624.496	67	62	0.9848	3468.226
32	82	1.0287	3622.717	68	108	0.9845	3467.254
33	85	1.0229	3602.324	69	13	0.9843	3466.412
34	100	1.0215	3597.364	70	70	0.9839	3464.973
35	90	1.0183	3586.286	71	73	0.9814	3456.224
36	30	1.0141	3571.442	72	32	0.981	3454.916

“...continua...”

“TABELA 6A cont”

Ordem	Genótipo	PRVG	PRVG*MG
73	74	0.9806	3453.454
74	95	0.9806	3453.294
75	16	0.9773	3441.662
76	46	0.9742	3430.808
77	24	0.9737	3428.938
78	17	0.9736	3428.584
79	61	0.9731	3427.021
80	14	0.9673	3406.721
81	47	0.965	3398.44
82	33	0.9649	3398.278
83	71	0.9643	3396.05
84	55	0.9619	3387.377
85	56	0.9613	3385.408
86	48	0.958	3373.749
87	19	0.9571	3370.578
88	34	0.9548	3362.521
89	20	0.9536	3358.22
90	72	0.9514	3350.451
91	25	0.9505	3347.413
92	35	0.9496	3344.322
93	26	0.9478	3337.728
94	103	0.9474	3336.483
95	36	0.9473	3336.172
96	97	0.9466	3333.629
97	64	0.9445	3326.273
98	79	0.9285	3269.824
99	75	0.9262	3261.912
100	76	0.9225	3248.709
101	27	0.9222	3247.566
102	105	0.9215	3245.196
103	38	0.9161	3226.289
104	60	0.9066	3192.916
105	98	0.9058	3189.855
106	18	0.9028	3179.43
107	39	0.881	3102.552

TABELA 7A Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) e MHPRVG multiplicada pela média geral (MG) de todos os genótipos superiores para estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente. 1997/98 ; 2007/08.

Ordem	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG	Ordem	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	66	1.1575	4076.395	37	41	1.013	3567.556
2	102	1.1342	3994.305	38	94	1.0124	3565.472
3	65	1.0834	3815.337	39	42	1.0105	3558.593
4	77	1.0807	3806.093	40	92	1.0094	3554.897
5	3	1.0782	3796.95	41	8	1.0089	3553.052
6	81	1.0732	3779.479	42	59	1.0088	3552.699
7	80	1.0648	3749.908	43	9	1.0087	3552.295
8	28	1.0614	3738.006	44	51	1.0065	3544.602
9	11	1.0609	3736.066	45	54	1.0063	3543.899
10	2	1.0607	3735.647	46	91	1.0055	3540.996
11	40	1.0563	3720.014	47	106	1.0052	3540.044
12	7	1.0562	3719.587	48	31	1.0049	3539.092
13	1	1.0552	3716.14	49	45	1.0041	3535.992
14	44	1.0531	3708.89	50	10	1.004	3535.679
15	67	1.0523	3705.796	51	87	1.0028	3531.754
16	86	1.0518	3704.021	52	96	1.0024	3530.271
17	57	1.0517	3703.77	53	43	1.0023	3529.913
18	29	1.0517	3703.667	54	53	1.0019	3528.453
19	21	1.0514	3702.91	55	22	0.9999	3521.333
20	5	1.0499	3697.311	56	52	0.9995	3520.056
21	50	1.0446	3678.867	57	93	0.9991	3518.464
22	49	1.0436	3675.186	58	101	0.9987	3517.154
23	37	1.0421	3670.155	59	69	0.9959	3507.289
24	68	1.0418	3668.925	60	104	0.9943	3501.613
25	4	1.0389	3658.624	61	12	0.9934	3498.324
26	58	1.0361	3648.685	62	63	0.9928	3496.538
27	88	1.0359	3648.151	63	84	0.9884	3480.721
28	107	1.0343	3642.399	64	78	0.9878	3478.909
29	83	1.0343	3642.372	65	23	0.9877	3478.268
30	89	1.0303	3628.42	66	15	0.9872	3476.587
31	6	1.0292	3624.461	67	62	0.9847	3467.69
32	82	1.0286	3622.438	68	108	0.9845	3467.121
33	85	1.0227	3601.661	69	70	0.9838	3464.708
34	100	1.0214	3596.922	70	13	0.9832	3462.523

“TABELA 7A cont”

Ordem	Genotipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
71	73	0.9813	3455.943
72	32	0.9809	3454.584
73	95	0.9805	3453.068
74	74	0.9805	3453.038
75	16	0.9772	3441.532
76	46	0.9742	3430.692
77	24	0.9736	3428.8
78	17	0.9733	3427.653
79	61	0.9731	3426.883
80	14	0.9672	3406.26
81	47	0.9649	3398.259
82	33	0.9649	3398.21
83	71	0.9633	3392.372
84	55	0.9618	3387.28
85	56	0.9611	3384.832
86	48	0.958	3373.645
87	19	0.957	3370.43
88	34	0.9548	3362.383
89	20	0.9534	3357.712
90	72	0.9511	3349.391
91	25	0.95	3345.56
92	35	0.9494	3343.578
93	26	0.9475	3336.96
94	103	0.9473	3336.283
95	36	0.9472	3335.854
96	97	0.9465	3333.186
97	64	0.9445	3326.129
98	79	0.9282	3269.016
99	75	0.9262	3261.658
100	76	0.9224	3248.456
101	27	0.9219	3246.54
102	105	0.9213	3244.4
103	38	0.916	3226.021
104	60	0.9062	3191.372
105	98	0.9055	3188.853
106	18	0.8999	3169.309
107	39	0.8807	3101.623

TABELA 8A Ordem, genótipo, valor genotípico (VG), acurácia, limite inferior e superior do intervalo de confiança (LIIC e LSIC, respectivamente), para produtividade de grãos ($t\ ha^{-1}$) de todos os genótipos de arroz. 1997/98 a 2007/08

Ordem	Genótipo	VG	Acurácia	LIIC	LSIC	Média fenotípica
1	66	4023.892	0.8242	3757.2	4290.585	4259.25
2	102	3957.782	0.7034	3623.03	4292.533	4682.429
3	65	3795.32	0.763	3490.884	4099.757	4257.4
4	77	3782.358	0.7952	3496.8	4067.916	3931.44
5	3	3773.785	0.6782	3427.669	4119.9	4164.818
6	81	3743.121	0.6884	3401.498	4084.745	3619.333
7	28	3741.73	0.8095	3465.187	4018.273	3795.321
8	11	3731.258	0.8623	3492.732	3969.785	3860.522
9	7	3720.393	0.8812	3497.718	3943.067	3757.035
10	2	3717.044	0.6782	3370.928	4063.159	4038.546
11	80	3714.562	0.6884	3372.939	4056.186	3558.083
12	40	3710.342	0.7718	3410.887	4009.796	3659.762
13	29	3704.995	0.7718	3405.521	4004.468	3840.524
14	44	3701.056	0.7107	3369.703	4032.408	3736.143
15	57	3700.443	0.8044	3420.613	3980.272	3942.926
16	21	3699.327	0.7598	3393.094	4005.559	3871.79
17	1	3698.462	0.6782	3352.347	4044.578	3998
18	5	3698.32	0.846	3447.173	3949.467	3749.769
19	67	3690.655	0.7089	3358.472	4022.837	4262.5
20	86	3677.603	0.6903	3336.854	4018.352	3442.25
21	50	3672.096	0.8084	3394.864	3949.328	3518.556
22	49	3668.642	0.864	3431.498	3905.785	3698.723
23	37	3665.396	0.5903	3285.231	4045.561	4269.143
24	4	3658.851	0.7533	3349.112	3968.591	3942.389
25	68	3653.401	0.7964	3368.557	3938.246	3566.44
26	58	3642.924	0.7109	3311.665	3974.184	3995.714
27	88	3631.916	0.5683	3244.393	4019.438	3686.667
28	83	3625.047	0.6884	3283.423	3966.67	3381.417
29	107	3624.634	0.5689	3237.298	4011.971	3197.5
30	6	3613.329	0.542	3217.533	4009.125	3954.6
31	89	3611.563	0.5683	3224.04	3999.086	3626.5
32	82	3607.384	0.6884	3265.761	3949.008	3342.25
33	100	3594.647	0.713	3264.432	3924.862	3612.571
34	85	3586.471	0.6903	3245.722	3927.22	3258
35	90	3575.988	0.5683	3188.465	3963.511	3521.333

“...continua...”

“TABELA 8A cont”

Ordem	Genótipo	VG	Acurácia	LIIC	LSIC	Média fenotípica
36	30	3575.232	0.7718	3275.758	3874.706	3633.762
37	41	3565.554	0.5689	3178.211	3952.898	3315.333
38	94	3557.045	0.5683	3169.522	3944.568	3465.333
39	42	3555.124	0.5689	3167.781	3942.468	3284.5
40	59	3553.317	0.5906	3173.24	3933.393	3377.286
41	9	3551.82	0.6782	3205.705	3897.936	3694.182
42	8	3549.962	0.542	3154.166	3945.758	3748.6
43	92	3548.363	0.5683	3160.84	3935.886	3439.667
44	51	3544.097	0.6084	3170.312	3917.883	3592.75
45	54	3542.02	0.6084	3168.235	3915.806	3587.375
46	31	3541.07	0.832	3279.762	3802.378	3418.394
47	106	3538.931	0.543	3143.439	3934.423	3426
48	91	3538.158	0.5683	3150.636	3925.681	3409.5
49	10	3536.119	0.542	3140.323	3931.915	3703.6
50	45	3534.208	0.5689	3146.865	3921.551	3222.667
51	87	3530.313	0.5689	3142.977	3917.65	2918.667
52	43	3530.132	0.7718	3230.678	3829.587	3366.095
53	96	3528.236	0.5683	3140.713	3915.759	3380.167
54	53	3527.191	0.7195	3200.084	3854.298	3431.8
55	22	3523.177	0.5686	3135.741	3910.614	3614.167
56	52	3521.299	0.6084	3147.513	3895.085	3533.75
57	93	3518.708	0.5683	3131.185	3906.231	3352
58	101	3515.999	0.5903	3135.815	3896.182	3641.286
59	69	3508.961	0.763	3204.525	3813.397	3763.2
60	104	3505.409	0.5875	3124.267	3886.552	4194.143
61	12	3502.645	0.8959	3293.394	3711.896	3496.127
62	63	3496.657	0.5906	3116.581	3876.733	3221.714
63	84	3488.276	0.5652	3099.752	3876.8	3348.5
64	78	3486.486	0.7577	3179.113	3793.86	3487.053
65	23	3479.146	0.5686	3091.709	3866.582	3484
66	15	3478.781	0.542	3082.985	3874.577	3517.2
67	108	3475.739	0.5689	3088.402	3863.076	2757.333
68	62	3473.921	0.5906	3093.844	3853.997	3159.286
69	70	3470.005	0.5903	3089.821	3850.189	3515
70	95	3464.472	0.5683	3076.949	3851.995	3191.667
71	13	3461.239	0.8894	3245.977	3676.502	3482.877
72	73	3461.212	0.5903	3081.029	3841.396	3490.857

“...continua...”

“TABELA 8A cont”

Ordem	Genótipo	VG	Acurácia	LIIC	LSIC	Média fenotípica
73	74	3459.547	0.5903	3079.364	3839.731	3486.286
74	32	3453.43	0.5903	3073.266	3833.595	3687.143
75	16	3451.896	0.542	3056.1	3847.692	3429.8
76	17	3439.974	0.6782	3093.859	3786.09	3460.818
77	46	3438.872	0.5689	3051.529	3826.215	2940.833
78	24	3435.058	0.5686	3047.621	3822.495	3353.667
79	61	3431.829	0.5906	3051.753	3811.906	3043.714
80	14	3417.345	0.6782	3071.23	3763.461	3409.546
81	71	3409.606	0.7089	3077.424	3741.789	3713.429
82	47	3409.104	0.5689	3021.761	3796.447	2852.833
83	33	3399.217	0.5903	3019.052	3779.381	3538.286
84	55	3393.974	0.6084	3020.188	3767.76	3204.25
85	56	3393.878	0.6084	3020.092	3767.663	3204
86	19	3388.221	0.542	2992.425	3784.017	3222.8
87	48	3386.384	0.5689	2999.041	3773.727	2785.667
88	20	3379.116	0.542	2983.32	3774.912	3193.2
89	72	3365.765	0.7089	3033.582	3697.947	3645.357
90	25	3363.119	0.5686	2975.682	3750.556	3141
91	97	3362.934	0.5683	2975.411	3750.457	2891.5
92	34	3362.328	0.5903	2982.163	3742.493	3437
93	26	3352.858	0.5686	2965.422	3740.295	3110.667
94	35	3351.038	0.5903	2970.873	3731.203	3406
95	103	3348.975	0.6974	3011.41	3686.539	3539.308
96	36	3339.644	0.5903	2959.479	3719.809	3374.714
97	64	3337.397	0.5906	2957.321	3717.473	2784.429
98	79	3291.29	0.7577	2983.917	3598.663	3180.579
99	75	3280.777	0.5903	2900.593	3660.96	2995.429
100	105	3272.531	0.5875	2891.389	3653.674	3550.571
101	27	3271.504	0.5686	2884.068	3658.941	2870.167
102	76	3269.174	0.5903	2888.99	3649.358	2963.571
103	98	3242.679	0.5683	2855.156	3630.202	2536
104	38	3227.574	0.5903	2847.409	3607.739	3067
105	60	3204.997	0.7719	2905.578	3504.416	3193.524
106	18	3191.286	0.7918	2903.593	3478.979	3077.208
107	39	3107.387	0.5903	2727.222	3487.552	2737