


SUELY RIBEIRO LIMA



**AVALIAÇÃO DA EFICIÊNCIA DO PROGRAMA DE
MELHORAMENTO DE MILHO DA EMBRAPA EM RIO BRANCO,
ACRE**

RIO BRANCO - AC

2020

SUELY RIBEIRO LIMA

**AVALIAÇÃO DA EFICIÊNCIA DO PROGRAMA DE
MELHORAMENTO DE MILHO DA EMBRAPA EM RIO BRANCO,
ACRE**

Tese apresentada ao curso de Pós-graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de doutora em Agronomia.

Orientador: Professor Dr. Vanderley Borges dos Santos

RIO BRANCO – AC

2020

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da UFAC

- L732a Lima, Suely Ribeiro, 1990 -
Avaliação da eficiência do programa de melhoramento de milho da Embrapa em Rio Branco, Acre / Suely Ribeiro Lima; orientador: Dr. Vandrley Borges dos Santos. – 2020.
117 f.; 30 cm.
- Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Acre, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de concentração em Produção Vegetal, Rio Branco, 2020.
Inclui referências bibliográficas e apêndices.
1. Zea mays L. 2. modelos mistos. 3. progresso genético. I. Santos, Vandrley Borges dos. II. Título.

CDD: 338.1

SUELY RIBEIRO LIMA

AVALIAÇÃO DA EFICIÊNCIA DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE MILHO DA EMBRAPA EM RIO BRANCO, ACRE

Tese apresentada ao curso de Pós-graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Acre, como parte das exigências para obtenção do título de doutora em Agronomia.

APROVADA em 12 de maio de 2020

BANCA EXAMINADORA



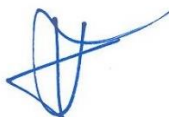
Dr. Vanderley Borges dos Santos (**Orientador**)
Universidade Federal do Acre



Dr. Antônio Gilson Gomes Mesquita (**Membro**)
Universidade Federal do Acre



Dr. Idésio Luis Franke (**Membro**)
Embrapa Acre



Dr. Jacson Rondinelli da Silva Negreiros (**Membro**)
Embrapa Acre



Dr. Paulo Márcio Beber (**Membro**)
IFAC

A minha família.
A Lily que foi minha companhia de estudo durante todo período de
pós-graduação.
Ao meu orientador, Vanderley Borges dos Santos, por todo apoio.

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Deus por ter me capacitado para vencer mais esta etapa importante da minha vida, e por me confortar em momentos de aflição durante esse período.

À minha família que sempre me incentivou a seguir em frente e a não desistir.

Ao meu orientador Dr. Vanderley Borges dos Santos, agradeço pelos ensinamentos, dedicação ao me orientar durante o período de mestrado e doutorado.

A todos os professores que neste período contribuíram para ampliação dos meus conhecimentos.

Aos amigos da Pós-Graduação que seguiram junto comigo nessa empreitada que é se tornar um doutor no nosso país.

A Empresa de pesquisa Embrapa Acre pelo fornecimento dos dados para pesquisa.

Ao pesquisador da Embrapa/UFV Dr. Marcos Deon Vilela de Resende pela ajuda na montagem e análise dos dados de pesquisa.

À Universidade Federal do Acre pela oportunidade de ingressar no Programa de Pós-Graduação em Agronomia, e assim me tornar doutora.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

A todos os amigos, em especial à minha amiga Allanna Andrade e demais colegas, que de alguma forma contribuíram para que eu seguisse em frente, e que direta ou indiretamente ajudaram na realização de mais este sonho, meu muito OBRIGADA !!

"O sucesso nasce do querer, da determinação e persistência em chegar a um objetivo. Mesmo não atingindo o alvo, quem busca e vence obstáculos, no mínimo fará coisas admiráveis"
(José de Alencar)

RESUMO

A cultura do milho assume um importante papel socioeconômico na agricultura mundial. Uma das técnicas utilizadas que tem evoluído em programas de melhoramento vegetal trata-se da análise via modelos mistos. A seleção de cultivares utilizando a metodologia permite inferências mais precisas e realista acerca da avaliação genotípica, informando sobre o correto ordenamento dos genótipos para fim de seleção. Dessa forma, todo programa de melhoramento deve ser periodicamente avaliado estimando-se os ganhos genéticos e quantificando a eficiência das melhorias obtidas durante um determinado período de avaliação. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência do programa de melhoramento de milho da Embrapa em Rio Branco, Acre. Os ensaios foram conduzidos no campo experimental da Embrapa Acre. Os delineamentos estatísticos utilizados foram em látice retangular 5x6 com duas repetições. Foram utilizados os dados de produtividade de grãos dos genótipos testados no ensaio nacional de milho da Embrapa Milho e Sorgo, nos anos de 2013-2014; 2014-2015; 2015-2016; 2017-2018. Foi utilizada a metodologia de modelos mistos, em que os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita – REML e os valores genotípicos preditos pelo método da melhor predição linear não viesado – BLUP. Utilizou-se o modelo 52 com delineamento em blocos incompletos em vários anos e uma observação por parcela – MHPRVG, com auxílio do software Selegem REML/BLUP. Foram calculados os valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) e acurácia seletiva. Para estimação do progresso genético foram consideradas o número e média de genótipos incluídos, mantidos e excluídos em cada ano. Foi determinado a porcentagem de renovação (%R) e o balanço do ganho genético e ambiental nos quatro anos de avaliação. Para realização dessas análises, foi utilizado o programa Genes. A metodologia de modelos mistos foi eficiente na avaliação dos ensaios de valor de cultivo e uso, auxiliando na seleção e descarte de cultivares em cada ano agrícola. Os genótipos BRS 1055 e HTCMS-SP1 apresentam ótima estabilidade e performance produtiva. A condução do programa de melhoramento de milho da Embrapa Acre entre 2013 a 2018 foi eficiente na seleção e eliminação de genótipos para produtividade de grãos, podendo ser ajustadas estratégias para obtenção de uma maior eficiência no programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Zea mays* L. modelos mistos. progresso genético.

ABSTRACT

Corn culture plays an important socio-economic role in world agriculture. One of the techniques used that has evolved in breeding programs is the analysis using mixed models. The selection of cultivars using the methodology allows more accurate and realistic inferences about the genotypic evaluation, informing about the correct ordering of the genotypes for the purpose of selection. Thus, any breeding program must be periodically evaluated by estimating genetic gains and quantifying the efficiency of improvements obtained during a given evaluation period. Thus, this study aimed to evaluate the efficiency of Embrapa's maize breeding program in Rio Branco, Acre. The tests were conducted in the Embrapa Acre experimental field. The statistical design used was in a 5x6 rectangular lattice with two replications. The grain yield data of the genotypes tested were used in the national corn test of Embrapa Milho e Sorgo, in the years 2013-2014; 2014-2015; 2015-2016; 2017-2018. The mixed model methodology was used, in which the genetic parameters were estimated by the method of maximum restricted likelihood - REML and the genotypic values predicted by the method of the best unbiased unbiased prediction - BLUP. Model 52 was used, with an incomplete block design in several years and one observation per plot - MHPRVG, with the aid of the Selegem REML / BLUP software. The values of the harmonic mean of the genotypic values (MHVG) and selective accuracy were calculated. To estimate genetic progress, the number and average of genotypes included, maintained and excluded in each year were considered. The percentage of renewal (% R) and the balance of genetic and environmental gain in the four years of evaluation were determined. To perform these analyzes, the Genes program was used. The mixed model methodology was efficient in the evaluation of cultivation and use value tests, helping in the selection and disposal of cultivars in each agricultural year. The BRS 1055 and HTCMS-SP1 genotypes have excellent stability and productive performance. Conducting Embrapa Acre's maize breeding program between 2013 and 2018 was efficient in the selection and elimination of genotypes for grain productivity, and strategies can be adjusted to obtain greater efficiency in the breeding program.

Key-words: *Zea mays* L. mixed models. genetic progress.

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1 -	Genótipos de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, referentes a quatro anos, Rio Branco, Acre, 2020	59
Tabela 2 -	Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes aos quatro anos, Rio Branco, Acre, 2020	62
Tabela 3 -	Genótipos de milho selecionados com seus respectivos tipos, Rio Branco, Acre, 2020	66
Tabela 4 -	Seleção dos genótipos superiores de milho utilizadas nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020	70
Tabela 5 -	Média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para os 20 genótipos superiores para estabilidade e produtividade, simultaneamente, avaliado no Estado do Acre, entre as safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020	73
Tabela 6 -	Ordem, genótipo, limite inferior e superior do intervalo de confiança (LIIC e LSIC, respectivamente) e acurácia, para produtividade de grãos (Kg ha ⁻¹), dos 20 melhores genótipos de milho avaliado no Estado do Acre, entre as safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020	76

CAPÍTULO 2

Tabela 1 -	Genótipos de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, referentes a quatro anos, Rio Branco, Acre, 2020	89
Tabela 2 -	Dinamismo do programa de melhoramento de milho, fornecendo a taxa de genótipos incluídos, excluídos, mantidos e renovados no período de quatro anos, Rio Branco, AC, 2020	93
Tabela 3 -	Balanço do ganho genético e ambiental do programa de melhoramento nas quatro safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020	95

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	12
2 REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS SOBRE A CULTURA DO MILHO	15
2.2 ECOFISIOLOGIA DO MILHO	16
2.2.1 Aspectos produtivos do milho	18
2.2.2 Manejo da cultura do milho	20
2.3 CULTIVARES DE MILHO	24
2.4. IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE	26
2.5 SELEÇÃO VIA REML/BLUP	27
2.5.1 Ordenamento de genótipos e Acurácia de seleção por REML/BLUP	30
2.6 PROGRESSO GENÉTICO E AMBIENTAL	31
2.7 CULTIVO DE MILHO NO ACRE	33
REFERÊNCIAS	38
3 CAPÍTULO I	53
SELEÇÃO GENOTÍPICA DE VARIEDADES DE MILHO VIA MODELOS MISTOS	54
RESUMO	55
ABSTRACT	56
1 INTRODUÇÃO	57
2 MATERIAL E MÉTODOS	58
2.1 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS	58
2.2 ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS	60
2.2.1 Estimativa da acurácia de seleção	62
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	63
3.1 SELEÇÃO GENOTÍPICA – TODOS OS ANOS	63
3.2 SELEÇÃO GENOTÍPICA POR ANO	69
3.3 ESTABILIDADE DOS VALORES GENOTÍPICOS – MHVG	73
3.4 ACURÁCIA DE SELEÇÃO	75
4 CONCLUSÕES	78
REFERÊNCIAS	79
4 CAPÍTULO II	83
PROGRESSO GENÉTICO DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE VARIEDADES DE MILHO DA EMBRAPA NO ACRE	83

RESUMO	84
ABSTRACT	85
1 INTRODUÇÃO	86
2 MATERIAL E MÉTODOS	88
2.1 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS	88
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	93
4 CONCLUSÕES	97
REFERÊNCIAS	98
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	100
APÊNDICES	101
ANEXOS	103

1 INTRODUÇÃO GERAL

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

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

A condução de programas de melhoramento gera esforços e investimentos que são mantidos por vários anos, sendo um dos objetivos desenvolver cultivares adaptadas para cada região produtora. Para esse fim, são utilizadas ferramentas estatísticas e genéticas para uma correta seleção. Sendo necessário que o melhoramento de dada espécie vegetal seja avaliado quanto ao seu progresso com a seleção e os ganhos genéticos, ou seja, se o mesmo está sendo eficiente com a seleção de ganhos genotípicos e quanto a melhoria do ambiente, ou local, de seleção. Oportuno destacar que, segundo Borges et al. (2009), o progresso genético tem o sentido de estimar o desempenho na elevação das médias dos genótipos selecionados de um ano para o imediatamente seguinte.

Com a finalidade de se avaliar o progresso genético do melhoramento de dada espécie vegetal, alguns métodos genético-estatísticos foram desenvolvidos com a finalidade de quantificar a eficiência e efetuar os ajustes necessários, a fim de gerar economia de recursos e definições estratégicas dentro do programa. A metodologia de análise de variância de Fisher que é baseada em caracteres fenotípicos foi utilizada por anos no melhoramento de plantas, sob a qual surgiram diversos métodos para análise estatística de dados de melhoramento vegetal, com base em componentes de variância pelas esperanças dos quadrados médio.

Com o avanço da computação e pesquisas estatístico-genéticas, surgiram novas metodologias para se estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos (FREITAS et al., 2013). Nesse aspecto, uma das técnicas aplicadas no melhoramento de plantas nos últimos anos trata-se da metodologia de modelos mistos ou REML/BLUP (BORGES et al., 2010). Por esse método, que considera os genótipos sempre como de efeito aleatório e os efeitos de bloco, ambientes e outros; como de efeito fixos, dependendo do modelo. Estes quando considerados como fixos são estimados por meio do melhor estimador não viesado *Best Linear Unbiased Estimator* - BLUE (BORGES et al., 2010).

O método REML (*Restricted Maximum Likelihood*) é utilizado para estimar os componentes de variância, a partir dos quais são estimados parâmetros genéticos necessários para predição dos valores genéticos ou genotípicos. Já o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) prediz os valores genotípicos através do melhor preditor linear não viesado (RESENDE, 2002).

O grande problema no melhoramento genético é o conhecimento do valor genético do indivíduo, para que a seleção genotípica seja realizada com a máxima acurácia. Para uma correta seleção genotípica, os parâmetros genéticos e os componentes de variância devem ser estimados de forma acurada (GOMES JÚNIOR et al., 2015). A metodologia de modelos mistos REML/BLUP tem desempenhado um papel fundamental no melhoramento genético de plantas, promovendo seleção genética e maior ganho genético em diversas culturas. Como a cultura do milho registram-se (ARNHOLD et al., 2012; FRITSCHÉ-NETO et al., 2012; MENDES et al., 2012).

Devido a maior acurácia da metodologia de modelos mistos, seu uso leva à seleção de populações com maiores ganhos e mais produtivas. Nesse sentido incentivos a ampliação e uso de métodos estatísticos cada vez mais eficientes e precisos na seleção de genótipos (RESENDE JÚNIOR et al., 2013) como o método REML/BLUP devem ser realizados.

Todos os anos são lançadas novas cultivares, surgindo a preocupação em averiguar os avanços obtidos em relação aos materiais genéticos anteriores. Com o sentido de autoavaliação, torna-se necessário verificar o progresso genético, corrigindo eventuais falhas nas metas, estimando os ganhos genéticos e avanços tecnológicos obtidos por anos (BARBOSA NETO et al., 2000). Tanto a estimativa do

progresso genético e ambiental via ANOVA quanto da acurácia na seleção genotípica via modelos mistos podem ser utilizadas para avaliar a eficiência do melhoramento de dada espécie vegetal.

Em parceria com a Embrapa Milho e Sorgo a Embrapa Acre conduz ensaios de valor de cultivo e uso - VCU, juntamente com outras instituições de pesquisas como universidades, buscando selecionar novos genótipos para o Estado do Acre.

Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência do programa de melhoramento de milho da Embrapa em Rio Branco, Acre.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Devido à importância econômica que o milho (*Zea mays* L.) desempenha na agricultura mundial, o uso de tecnologias modernas abrem oportunidades para o desenvolvimento de novas áreas de pesquisa e aplicação na cultura (HANASHIRO et al., 2013). Nos próximos subitens serão abordados temas relacionados a espécie *Zea mays* como botânica, adubação, genética e técnicas modernas utilizadas no melhoramento genético da cultura.

2.1 ASPECTOS SOCIOECONÔMICOS SOBRE A CULTURA DO MILHO

O milho constitui-se em um dos mais importantes cereais cultivados e consumidos no mundo, por apresentar considerado potencial produtivo, composição química, valor nutricional e multiplicidade de aplicações (OLIVEIRA et al., 2017a). Tem contribuindo principalmente na alimentação animal, onde apresenta seu maior uso e em menor proporção na dieta humana, sendo empregado também no setor industrial (GALVÃO et al., 2014). Assumindo, portanto, relevante papel socioeconômico.

Hoje no mercado a maioria dos produtos comercializados apresentam na sua constituição traços de milho, chegando ao consumidor de forma indireta na composição de outros produtos (NUNES et al., 2014). O brasileiro consome em média 20 quilos anuais o que é baixo dado a importância nutricional que o alimento possui. O uso se estende ainda às indústrias bioquímicas, farmacêuticas, têxtil e outras, onde os produtos são extraídos através de processos de moagem seca e moagem úmida (ABIMILHO, 2018).

Cerca de 60% do milho produzido no mundo é destinado a alimentação animal, sendo utilizado na forma de grãos, farelos, silagem ou através do uso de rações. No Brasil a produção é destinada principalmente aos setores avícola, de suinocultura e pecuária representando em torno de 60% da produção nacional (ABIMILHO, 2018).

A produção brasileira estima em 40 milhões de toneladas o volume de milho exportado no país. No Brasil a área plantada em grãos de milho na Safra 2018/19, foi de 17.496,2 em mil hectares, com uma produtividade média de 5.718 kg ha⁻¹ com estimativa de produção de 100.046,3 em mil toneladas. Para a safra 2019/20, segue a estimativa de 68,1 milhões de toneladas, com forte presença das usinas de etanol

de milho (CONAB, 2019). No Brasil a cultura é cultivada em quase todo o território nacional.

2.2 ECOFISIOLOGIA DO MILHO

O milho é uma planta C4 de origem tropical de ampla adaptação, sendo considerada uma gramínea anual, poliplóide, pertencente à família Poaceae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L. Foi domesticado entre 8.000 a 10.000 mil anos atrás, de acordo com evidências pelos povos indígenas nas américas, sendo posteriormente disseminado pelo mundo (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). Apesar da divergência relacionada ao seu local de domesticação, evidências sugerem o México como seu local de origem, onde são encontrados seus ancestrais selvagens mais próximos: *Teosintos* e *Tripsacum* (WET; HARLAN, 1972).

Os grãos de milho são classificados botanicamente como uma cariopse estando dividido em: pericarpo, endosperma gérmen e ponta. Os grãos apresentam diversas cores, porém os mais comuns e encontrados são os de coloração amarela. O peso do grão varia de 250 a 300 mg, sua composição em base seca pode variar, mas de forma geral apresentam 72% de amido, 9,5% proteína, 9% fibra e 4% de óleo (PAES, 2006). Estas variações podem ser causadas por vários fatores relacionados ao material genético utilizado, tipos de solos, adubação, clima, manejo e tipo de armazenamento (CORTE REAL et al., 2014).

Para um eficiente manejo da cultura o conhecimento das fases de desenvolvimento da planta é essencial. Os estádios fenológicos são iguais para todas as cultivares diferindo no intervalo de tempo entre um estágio e outro, como o manejo, fotoperíodo, ano e local em que o plantio é realizado, determinando, portanto, os períodos críticos de cada fase da cultura (MAGALHÃES et al., 2002; SILVA et al., 2012).

Os estádios fenológicos do milho são divididos em estádios vegetativos que se subdividem, em três subperíodos que correspondem da sementeira a emergência, emergência a diferenciação dos primórdios florais e diferenciação dos primórdios florais ao florescimento. Os estádios reprodutivos se subdividem em três subperíodos compreendidos do florescimento a polinização, da polinização à maturação fisiológica e da maturação fisiológica à colheita (ROSA et al., 2017).

Os estádios vegetativos são designados de VE- emergência e o número de folhas emitidas que ocorrem do V1 - primeira folha até o V18- décima oitava folha que representa a última folha antes do VT - pendoamento. E composto pelos estádios reprodutivos da cultura correspondendo da A – antese - abrimento das flores e seus respectivos estádios R1 - florescimento e fecundação, R2 - grão leitoso, R3- grão pastoso, R4 - grão farináceo, R5 - grão farináceo-duro e R6 - maturidade fisiológica (HANWAY, 1993; WAGNER et al., 2011).

No cultivo do milho, o conhecimento de cada fase de desenvolvimento da planta é primordial para um correto manejo da cultura (SILVA et al., 2006). A temperatura ótima para desenvolvimento da planta de milho é de 30°C com temperatura mínima para desenvolvimento de 10°C (EDWIGES et al., 2017).

Segundo Mozambani (2009) a temperatura e luz têm efeito decisivo na fase que corresponde da emergência a diferenciação dos primórdios florais atuando de maneira distinta na morfologia dos diferentes cultivares de milho. A época de maior exigência luminosa ocorre no pré-florescimento e no enchimento de grãos, no início da fase reprodutiva (RODRIGUES et al., 2011).

A resposta da planta ao estresse hídrico também tem sido estudada utilizando como ferramenta os estádios fenológicos da cultura. O milho é considerado uma cultura exigente em água, o consumo pela planta durante o seu ciclo está em torno de 600 mm não excedendo 2,5 mm/dia nos estádios iniciais de crescimento (CRUZ et al., 2006). Segundo Melo et al. (2018) os genótipos de milho apresentaram comportamentos distintos quanto à tolerância ao estresse hídrico.

Apesar do déficit hídrico ocasionar danos e perdas em todas as fases de desenvolvimento da cultura, a produção de grãos pode ser afetada principalmente quando ocorre no início da floração e desenvolvimento da inflorescência, ocorrendo redução no crescimento das plantas e diminuição do índice de área foliar e de biomassa, prejudicando o desenvolvimento da planta e limitando a produção de grãos na espiga (BERGAMASCHI et al., 2006).

De acordo com Silva et al. (2009) a maior demanda por água no solo ocorre durante o período de desenvolvimento da cultura correlacionando-se positivamente com a produção de grãos. Alguns mecanismos são desenvolvidos pela planta nesses períodos. Segundo Souza et al. (2016), genótipos de milho tolerantes a seca, apresentam sistema radicular mais desenvolvidos e maiores proporções de aerênquima. De acordo com Costa et al. (2008), o déficit hídrico irá afetar

negativamente a produção de matéria seca da parte aérea da planta ocasionando perdas na produção.

Diante do cenário de mudanças ambientais o estudo de genótipos resistentes ao déficit hídrico torna-se alternativa viável para ser utilizado em regiões com limitação de recursos hídricos. No mercado são encontrados diversos híbridos que por meio do melhoramento genético são tolerantes a períodos longos de estiagem, prometendo garantia de produtividade em situação de forte estresse hídrico (BIANCHE et al., 2016).

2.2.1 Aspectos produtivos do milho

Apesar da cultura se desenvolver em diversos tipos de solo os mais recomendados para cultivo do milho são os latossolos de textura média com teores de argila entre 30% à 35% com boa drenagem e que apresentem boa disponibilidade de nutrientes. Solos arenosos devem ser evitados por apresentar intensa lixiviação, assim como, solos com argilas expansivas também não são recomendados por dificultar o estabelecimento do sistema radicular (SANTANA et al., 2012).

A adoção do sistema de plantio direto na cultura do milho deve ser preferível quando comparado ao método convencional. Segundo Oliveira et al. (2017a), o sistema de plantio direto-SPD sobre a palha de *Brachiaria brizantha* proporciona maior rendimento de grãos quando comparado ao preparo convencional do solo. Trabalhos como os realizados por Kaneko et al. (2010), demonstram que o solo manejado com sistema de plantio direto, nos 11 anos de implantação, proporciona maior produtividade de grãos e rentabilidade quando comparado com o cultivo convencional com uso de grade pesada mais niveladora e com escarificador mais niveladora.

O uso de fertilizantes químicos na adubação de milho é essencial para o incremento da produtividade da cultura (GALVÃO et al., 2014). As adubações podem ser realizadas na semeadura e em cobertura, estando entre os principais nutrientes utilizados o NPK. A não obtenção de um ponto máximo na produtividade de grãos indica que as doses aplicadas não atenderam as exigências da cultivar para expressar o seu máximo potencial produtivo (SILVA et al., 2017).

De forma geral, a adubação nitrogenada deve ser aplicada de 35 a 50 kg ha⁻¹ de N no período da semeadura e em cobertura quando as plantas apresentarem de três a quatro folhas, com tolerância máxima de oito folhas. Quando necessária uma

aplicação acima de 150 kg ha^{-1} de N e o solo apresentar na sua composição o teor de argila alto acima de 35% a aplicação deverá ser realizada de forma parcelada evitando perdas por processo de volatilização (FANCELLI, 2010). Segundo Rojas et al. (2012), as perdas por volatilização são superiores em SPD, devido a maior atividade da uréase na camada superficial.

De acordo com Santos et al. (2010), a aplicação do N na pré-semeadura do milho, 15 dias antes do plantio demonstrou não ser recomendável, de forma que a maior produtividade e o melhor aproveitamento do N foram obtidos com a aplicação no estágio de quatro folhas expandida do milho em SPD. De acordo com Rocha et al. (2014) a adubação nitrogenada aplicada em total na pré-semeadura do milho como estratégia de evitar a imobilização microbiana, demonstrou ser tão eficiente quanto a aplicação no estágio vegetativo da cultura, elevando a produtividade em latossolo de textura muito argilosa em SPD.

Segundo Lange et al. (2010), o parcelamento da adubação em pré-semeadura e em cobertura ocasiona um incremento na produtividade do milho em SPD. Resultados semelhantes foram encontrados por Kaneko et al. (2010), indicando que o parcelamento da adubação altera a produtividade de grãos e as concentrações de nitrogênio, fósforo, cálcio e enxofre na planta. De acordo com Cruz et al. (2011c), a aplicação de nitrogênio em cobertura quase sempre maximiza o rendimento de milho, independentes das precipitações pluviais serem normal ou excessiva.

Alguns trabalhos como os realizados por Cruz et al. (2008), discordam relatando que o parcelamento da adubação nitrogenada em cobertura em SPD não é necessária, cujo resultados obtidos no número de fileiras de grãos por espiga são influenciados pela adubação aos 15 dias antes da semeadura, independente do parcelamento. A hipótese de ocorrer ausência de diferença estatística independente do uso parcelado da adubação de acordo com Rocha et al. (2014), é justificada pela quantidade suficiente de nitrogênio que é ofertado para planta de milho durante todo o seu ciclo, advindas de um SPD consolidado com alto teor de matéria orgânica, somado as condições favoráveis e ao uso de cultivares com alta resposta produtiva.

Segundo Andrade et al. (2012), a aplicação de maiores taxas de nitrogênio na cultura do milho acarretará em maiores rendimentos médios de produção, onde uma taxa de 160 kg ha^{-1} de nitrogênio provenientes de fertilizantes minerais proporcionou rendimento médio de 5.768 kg ha^{-1} . De maneira diferente trabalhos como os realizados

por Melo et al. (2011), relataram que doses elevadas de nitrogênio causam um alto consumo pela planta, aumentando a concentração de nitrogênio na parte aérea ocasionando crescimento excessivo e tombamento da planta, além de diminuir o rendimento de grãos.

Aliado a aplicação de nitrogênio, deve-se considerar de forma geral a utilização de 60 a 100 kg ha⁻¹ de P₂O₅ utilizando-se de formulações contendo cálcio para cultura do milho. No SPD é possível aumentar a disponibilidade de P de forma gradual por meio da adubação fosfatada corretiva. Deve-se aplicar ao máximo 50 kg ha⁻¹ de K₂O na forma de KCL na semeadura, levando em consideração a distância de 8 cm e quando necessárias doses superiores, deve-se optar pelo parcelamento em cobertura. É recomendado a aplicação de 30 a 40 kg ha⁻¹ de enxofre para obtenção de produção acima de 8 t ha⁻¹. A deficiência de enxofre na planta predispõe a uma maior incidência de doenças em raízes e colmo, além de menor valor biológico de proteína. Deve-se aplicar de 25 a 40 g ha⁻¹ de molibdênio via foliar nos estádios v4 e v6, pois o molibdênio atua no metabolismo do nitrato e qualquer deficiência poderá comprometer o metabolismo do nitrogênio. O fornecimento de cálcio e magnésio deve ser suprido pela correção do solo com uso de calagem, quando necessário a aplicação de gesso tem se mostrado efetiva em camadas superficiais em SPD (CRUZ et al., 2011a; FANCELLI, 2010; FERREIRA et al., 2001; FIRMINO et al., 2017; KURIHARA et al., 2014).

2.2.2 Manejo da cultura do milho

Devido ao melhoramento realizado nos genótipos de milho que são lançados no mercado nos últimos anos, os agricultores têm adotado, com sucesso populações acima 60.000 plantas ha⁻¹ e espaçamento entre linhas de 0,40 m (DOURADO NETO et al. 2003; KAPPES et al., 2011; LIMA et al., 2016).

A semeadura do milho deve ser realizada levando em consideração o zoneamento agrícola - ZARC que fornece informações sobre o melhor período para o plantio de milho na safra bem como na safrinha. A época de semeadura deve coincidir o período de floração com dias mais longos do ano e o enchimento de grãos com o período de temperatura mais elevadas. No caso das regiões tropicais a distribuição das chuvas é fator limitante para determina o melhor período (CRUZ et al., 2011b).

Trabalhos como os realizados por Nascimento et al. (2011) confirmam que a época de semeadura e o ciclo vegetativo do cultivar influencia na produtividade e nos componentes de produção da cultura do milho, devendo-se levar em consideração o clima, solo e a escolha do material genético.

O milho é considerado altamente sensível a variações na densidade de plantas. Para cada sistema de cultivo existe uma população que otimiza a produção de grãos (CRUZ et al., 2006). De acordo com Cruz et al. (2011b), o número de plantas ótimo por área varia de acordo com o grau de competição intraespecífica entre as plantas, dependendo da cultivar, disponibilidade hídrica e do nível de fertilidade do solo. Condições de solos favoráveis e adequada disponibilidade hídrica de acordo com Sangoi et al. (2010), permitem a obtenção de altas produtividades de milho, mesmo com o uso de baixa densidade.

Um dos requisitos para conseguir a densidade desejada está relacionado com a regulação correta da plantadeira. Hoje no mercado existem vários modelos tanto de semeadora como adubadoras e o uso de 20% a mais de sementes, compensando possíveis perdas por danos mecânicos, má germinação, doenças e pragas (CRUZ et al., 2011c).

Segundo Melo et al. (2011), uma das características que influenciam na expressão máxima do potencial produtivo do milho se relaciona com o sombreamento dentro da cultura que é ocasionado pelo aumento da densidade de planta. Os autores estudando cultivares de milho em SPD com diferentes doses de nitrogênio verificaram que não houve interferência no aproveitamento da luminosidade com densidade de plantas superiores a 83.000 plantas ha⁻¹. De acordo com Sangoi et al. (2011), a redução no espaçamento entre linhas aumenta a interceptação da radiação solar no início do ciclo da cultura do milho, mas não interfere na produtividade de grãos.

De acordo com Stacciarini et al. (2010), outra característica que merece atenção com o aumento da densidade populacional na cultura do milho, está relacionada com a redução do diâmetro de colmo, isto pode ser atribuído à maior competição pela luz, provocando maior crescimento em altura o que pode ocasionar acamamento da planta. Estes resultados diferem dos apresentados por Vazquez et al. (2012), que não verificou problemas ocasionados pelo acamamento dos híbridos, justificando possíveis resultados a arquitetura ereta das plantas, as características genéticas dos genótipos e a fertilidade do solo.

Entre as características que são influenciadas pelo aumento da população de plantas segundo Kopper et al. (2017), estão o número de fileira por espiga e o número de grãos por espiga que quando submetidos a competição intraespecífica podem prejudicar na formação da espiga e este fato é justificado pelo aumento da densidade de plantas que leva a intensificação da competição pelos recursos.

Associado à densidade de plantio está o espaçamento entrelinhas que é muito variado, mas os mais empregados estão em torno de 80-90 cm. Entretanto, verificou-se uma redução no espaçamento nos últimos anos chegando a 45-50 cm o que é possível devido ao avanço em plataformas que são adaptáveis às semeadoras e colhedoras o qual podem ser utilizadas em diversas culturas permitindo maior praticidade (CRUZ et al., 2011c).

Outro fator atribuído ao aumento da densidade de plantio está associado a disponibilidade de genótipos melhorados que são frequentemente introduzidos no mercado que apresentam características como menor altura de planta e inserção de espiga, menor esterilidade de plantas, genótipos mais precoces com folhas de angulação mais ereta e elevado potencial produtivo, que quando associado a sistemas de cultivos como SPD e integração lavoura pecuária - ILP podem proporcionar um incremento na produção de grãos ainda maior, tornando-se necessário sempre atualizar as recomendações de prática de manejo (MODOLO et al., 2010).

Trabalhos como os realizados por Farinelli et al. (2012), indicam que a redução do espaçamento entre linhas para 40 cm promove maior produtividade média de grãos. Segundo Takasu et al. (2013), a redução do espaçamento entrelinhas de 0,90 para 0,45 m acarreta em plantas de menor porte, possivelmente devido a maior competição intraespecífica dos híbridos por água, nutriente e radiação solar, dessa forma, promovendo o incremento na densidade populacional do milho ocorre a redução na altura de plantas e o aumento da produtividade de grãos.

Em relação a profundidade de semeadura as sementes devem ficar entre 3 a 5 cm de profundidade. Em SPD a cobertura morta pode retardar o processo de emergência das plântulas dependendo da profundidade da semeadura (CRUZ et al., 2010). Segundo Bottega et al. (2014), a ocorrência de falhas na semeadura resulta em prejuízos na produção, devendo-se levar em consideração que a maior velocidade de deslocamento do trator-semeadora ocasiona redução da média de espaçamento

normal entre plantas, porém não há relação entre profundidade de semeadura e velocidade de deslocamento do conjunto de semeadora adubadora.

Hoje no mercado existem uma variedade de produtos químicos que podem ser utilizados no controle plantas daninhas, pragas e doenças. Segundo Dan et al. (2010) a interferência causada pelas plantas daninhas influencia de forma negativa, proporcionando redução de 23% na produtividade da cultura. Existem hoje no mercado tecnologias como o milho RR resistente a molécula do glyphosate ao qual é largamente empregado como alternativa no controle de plantas daninhas, tanto de folhas largas como estreitas (ALBRECHT et al., 2014).

A aplicação do glyphosate de maneira isolada nem sempre apresenta resultados satisfatórios, pois algumas espécies apresentam tolerância ou adquiriram resistência com o decorrer das aplicações, que pode estar relacionado a vários fatores, como a utilização incorreta da molécula e manejo da cultura (GREEN; OWEN, 2010). Existe hoje no Brasil registro de oito casos de resistência de plantas daninhas ao glyphosate, o qual é provocado pela seleção e resistência dentro das populações de *Amaranthus palmeri*, *Conyza bonariensis*, *C. canadensis*, *C. sumatrensis*, *Chloris elata*, *Digitaria insularis*, *Eleusine indica* e *Lolium perenne ssp. Multiflorum* (TAKANO et al., 2017).

De acordo com Adegas et al. (2011) o uso de gramínicos seletivos como nicosulfuron, tembotrione e mesotrione, sendo o último seletivo na cultura do milho, apresentam resultados satisfatórios para o controle de espécies de folhas estreitas. As associações de alguns herbicidas são utilizadas na cultura do milho em pós-emergência para o controle de espécies que adquiriram resistência ao glyphosate podendo citar a mistura de atrazine mais mesotrione como alternativa no controle de *Digitaria insularis* (GEMELLI et al., 2013).

Segundo Moraes et al. (2013), resíduos de cultura de cobertura utilizados para aumentar a fertilidade do solo podem afetar o crescimento de várias plantas daninhas por suprimir a germinação e crescimento pela presença de aleloquímicos. Segundo os autores a cobertura de Azevém, em geral reduz o número de plantas emergidas favorecendo o desempenho produtivo da cultura do milho. De acordo com Lamego et al. (2015), a palhada de capim-andropogon, siratro, calopogônio, milho, dente-de-burro, sesbânia e mucuna-verde são coberturas que proporcionam uma baixa infestação e diversidade de plantas daninhas, devido a produção de metabólitos

secundários denominados aleloquímicos os quais são liberados no ambiente em função da decomposição dos resíduos.

2.3 CULTIVARES DE MILHO

O incremento de produtividade na cultura do milho nos últimos anos se fundamenta nos avanços tecnológicos na área de melhoramento genético onde, parte dessa tecnologia tem sido empregada na melhoria do principal insumo que são as sementes utilizadas (VIAN et al., 2016).

Segundo o levantamento realizado pela Embrapa Milho e Sorgo foram disponibilizados na safra 2016/17 315 cultivares de milho, de maneira que 214 genótipos apresentam alguma tecnologia transgênica. Além da diversidade de sementes transgênicas, foram disponibilizados 213 Híbridos Simples (HS), 53 Híbridos Triplos (HT), 19 Híbridos Duplos (HD), 16 Variedades (V), 10 Híbridos Simples modificados (HSm) e dois Híbridos Triplos modificados (HTm). Das 315 cultivares relacionadas, 214 são precoces, 82 superprecoces, 10 semiprecoces, cinco hiperprecoces e apenas quatro de ciclo normal (PEREIRA FILHO; BORGHI, 2016).

Todos os anos são lançados uma grande quantidade de cultivares, devido as exigências do mercado por uma maior produção o qual é variável e depende da interação entre fatores genéticos, ambientais e de manejo, sendo, portanto, necessário a realização de estudos de adaptabilidade e estabilidade desses genótipos nos diferentes ambientes (KAPPES et al., 2011).

Segundo Arnhold et al. (2010), os tipos de sementes encontradas no mercado são identificados como híbridos ou variedades, em média, os híbridos simples são superiores em produtividade aos triplos e duplos em 11% e 20%, respectivamente e os híbridos triplos, superiores aos duplos, apesar de a diferença nem sempre ser estatisticamente significativa.

De acordo com Miranda Filhos e Viégas (1987), no mercado é possível se encontrar tipos de híbridos sintetizado de diferentes formas:

- Os híbridos simples são obtidos do cruzamento de duas linhagens. As sementes têm custo mais elevado, porém são mais uniformes e produtivos quando comparado com os outros tipos de híbridos;

- O híbrido simples modificado utiliza-se como genitor feminino o híbrido formado pelo cruzamento de duas linhagens aparentadas ou progênies afins e um outro genitor masculino como linhagem B;

- Os híbridos duplos são obtidos do cruzamento de dois híbridos simples ou do cruzamento entre quatro linhagens. Apresentam menor uniformidade, no entanto possui alta estabilidade. Machado et al. (2008) verificaram que os híbridos duplos se apresentam, em média, como mais estáveis, contudo, identificaram-se híbridos simples tão estáveis quanto os duplos;

- Os híbridos triplos resultam do cruzamento de híbrido simples com uma terceira linhagem. A terceira linhagem considerada polinizadora deve fornecer grande quantidade de pólen, garantindo uma boa produção de grãos. No caso do híbrido triplo modificado substitui-se apenas a linhagem masculina por um híbrido entre linhagens aparentadas;

- Os híbridos “top cross” são obtidos do cruzamento entre híbridos x variedades e entre variedades x linhagens, com a finalidade de se avaliar a capacidade geral de combinação. Também podem ser utilizados nos cruzamentos entre uma linhagem x testador de base genética ampla ou restrita, que podem ser uma variedade, linhagem ou híbrido;

- O híbrido intervarietal resultam do cruzamento entre duas variedades. Possuem ampla capacidade de adaptação, maior variabilidade genética em relação aos híbridos de linhagem, porém apresentam uma maior desuniformidade, sendo pouco utilizado.

As variedades de polinização livre também muito utilizadas em programas de melhoramento são obtidas de um conjunto de plantas com características comuns, sendo um material geneticamente estável e que pode ser utilizado por várias safras (CRUZ et al., 2010).

Os programas de melhoramento além de utilizarem populações como base para extrair linhagens superiores, através do uso de pesquisas avançadas já é possível se encontrar variedades com médias tão produtivas como as verificadas em híbridos comerciais (ARAUJO et al., 2013; OLIVEIRA et al., 2017b). Essa pode ser considerada como uma estratégia para os médios e pequenos produtores pelo preço mais barato das sementes e a possibilidade de reutilização de grãos como semente.

De acordo com Araújo et al. (2013), a expressão do potencial produtivo depende dos níveis tecnológicos de manejo adotado, dos genótipos utilizados, seja variedades ou híbridos. Dessa forma a escolha do principal insumo que é a semente, dependerá do nível tecnológico que se pretende adotar e das práticas de manejo.

2.4 IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE

Os caracteres quantitativos são controlados por vários genes cada um com pequenos efeitos sobre o fenótipo. Sabe-se que os fatores ambientais afetam a expressão fenotípica, caracterizando a relação: F (fenótipo) = G (genótipo) + A (ambiente). Avaliando estes genótipos em dois ou mais ambientes, surge um terceiro componente que é a interação genótipo x ambiente ($G \times A$). Assim, tem-se $F=G+A+GA$ que devem ser avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes (BUENO et al., 2006).

O comportamento dos genótipos pode responder a variações ambientais previsíveis as quais podem ser controladas, e variando de maneira sistemática e imprevisíveis, contribuindo para interações dupla genótipos x ambiente e genótipos x anos, ou até mais complexas como genótipos x ambiente x anos (ALLARD; BRADSHAW, 1964; FEHR, 1987). Nesse sentido, uma característica vegetal importante é a plasticidade fenotípica. A plasticidade fenotípica varia sua resposta fenotípica para se ajustar a variações ambientais. Essa característica foi explicada por Rodrigues e Kerbauy (2009). Conforme estes autores, as plantas são organismos sésseis capazes de adequarem-se às diferentes condições ambientais por apresentarem uma considerável plasticidade de desenvolvimento, conferida, principalmente, pelos meristemas.

De acordo com Baker (1988), as interações genótipo-ambiente existem quando a diferença entre genótipos não é consistente de um ambiente para o outro, sendo classificada como simples e complexas. A interação simples ocorre quando os genótipos se comportam de maneira semelhante em quaisquer dos ambientes testados. No caso das interações complexas ocorre a falta de correlação genética entre os genótipos nos diversos ambientes, apresentando diferentes respostas a variação ambiental, influenciando nas recomendações das cultivares (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Duarte e Vescovsky (1999), relatam que em caso da não existência de correlação entre $G \times A$, as cultivares poderão ser recomendadas de maneira generalizada para diferentes ambientes de cultivo. Obtendo-se interações

significativas entre genótipos e ambiente, outro aspecto a ser analisado é a predição dos ganhos de seleção, em que é possível selecionar em um ambiente e obter respostas no mesmo, e ou selecionar em um ambiente e obter resposta em outro qualquer (CARGNIN et al., 2006).

O cultivo de milho é realizado em uma ampla variedade de ambientes e com o uso de diferentes níveis tecnológicos. Todos os anos são lançados no mercado uma grande variedade de cultivares melhoradas para diversas características agronômicas. Dessa maneira, são necessários estudos sobre interações genótipos x ambiente e genótipos x anos, ou até mais complexas como genótipos x ambiente x anos; como também da adaptabilidade e estabilidade, sempre que possível (MENDES et al., 2012). Portanto o estudo de adaptabilidade e estabilidade fornecerá informações sobre o comportamento dos genótipos em diferentes condições ambientais

2.5 SELEÇÃO VIA REML/BLUP

Apesar de se tratar de uma metodologia nova no melhoramento vegetal apresentando aplicações mais precisas em relação à análise de variância obtida pela ANOVA, os modelos mistos foram estudados por Fisher em 1918 com ênfase em genética quantitativa, denominado de modelo de componente de variância (SCHEFFÉ, 1959). O método foi utilizado primeiramente no melhoramento animal e no Brasil começou a ser utilizado no melhoramento vegetal a partir de 1993 (RESENDE et al. 1993, 1996).

Os modelos lineares mistos são aqueles que enquadram fatores de efeito fixos e aleatórios. Assim, a definição do modelo linear está condicionada ao objetivo da pesquisa (BORGES et al., 2010). No modelo fixo, todos os níveis de um determinado fator estão presentes no experimento, estando restrito ao nível do fator em estudo. No modelo aleatório os níveis de um fator de uma população em estudo correspondem a uma amostra da população estando a inferência ampliada para população de referência (FRITSCH NETO et al., 2012). Estas três modelagens são denominadas tipo I ou modelo fixo, tipo II modelo aleatório e tipo III modelagem de tipo mista (HENDERSON, 1975).

Segundo Andrade (2013), os modelos fixos devem estimar o próprio efeito fixo, enquanto os aleatórios estimam os componentes de variância, bem como as próprias

variáveis aleatórias. Já em modelos mistos a escolha do modelo estatístico requer um bom ajuste por parte do pesquisador, de maneira que, para se proceder a modelagem deve-se construir as matrizes de incidência dos fatores presentes no modelo para os efeitos fixos, afim de se aproximar o valor predito do observado e modelar a matriz de covariância para os fatores de efeito aleatórios, determinando o comportamento das variâncias e covariâncias sobre o efeito da variável aleatória (CAMARINHA FILHO 2002).

De acordo com Resende (2007), uma maneira de se eliminar efeitos residuais contidos em dados fenotípicos no melhoramento genético de plantas é considerando efeitos de genótipos sempre como aleatórios, pois caso contrário a seleção se torna fenotípica. Efeitos ambientais como bloco, locais e anos podem ser considerados como fixos ou aleatórios dependendo do objetivo do experimento (RESENDE, 2004).

Quando se trabalha com novos genótipos, como os híbridos de milho, os melhoristas necessitam testar um grande número de linhas parentais e suas possíveis combinações, utilizando o método proposto por Henderson (1974), torna-se possível predizer com o uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) os valores genotípicos preditos (BUZINARO et al., 2018).

Atualmente REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/ melhor preditor linear não viesado) conhecido como metodologia de modelos mistos é a análise padrão para a estimação de parâmetros genéticos e seleção em várias espécies anuais e perenes (VIANA et al., 2010). Por esse método, o REML (*Restricted Maximum Likelihood*) estima os componentes de variância de forma fidedigna, enquanto os valores genotípicos (efeito aleatório) são preditos pelo BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) e os efeitos de bloco, local e ano, quando fixos, são estimados por meio do melhor estimador não viesado BLUE (*Best Linear Unbiased Estimator*) (RODRIGUES et al., 2013).

O método BLUP foi proposto por Henderson para predizer os efeitos aleatórios do modelo, sendo uma ótima estratégia em experimentos desbalanceados (RESENDE, 2002). Segundo Piepho et al. (2008), o BLUP é calculado com base nas estimativas dos componentes de variância do modelo que podem ser obtidas pelo método REML. De maneira geral, tanto a predição genotípica quando a estimação dos efeitos fixos depende de uma correta estimação dos componentes de variância (PERRI; IEMMA, 1999).

Diversos métodos têm sido propostos para se estimar os componentes de variância como o método da máxima verossimilhança - ML proposto por Hatley e Rao (1967), método da estimação quadrática não-viesada de variância mínima – MIVQUE descrito em Rao (1971) e o método REML proposto por Patterson e Thompson (1971), que permite a obtenção dos componentes de variância em dados desbalanceados (RESENDE, 2004). Segundo Perri e lemma (1999), o método REML permitem a estimação dos componentes de variâncias mesmo quando os dados não apresentam normalidade, fornecendo estimativas não negativas dos componentes de variância e estimadores não viesados.

A avaliação de materiais genéticos como ocorrem em ensaios de VCU tem o objetivo de inferir sobre os valores genotípicos e selecionar os genótipos baseados nesses valores, ou seja, com base nos verdadeiros valores de cultivo e uso, sem a influência de efeitos ambientais, blocos e parcelas, mesmo quando em mesmo ambiente, pois estes efeitos estão embutidos nas médias fenotípicas e a seleção genotípica se baseia em características fenotípicas (RESENDE, 2008). Segundo Gomes Junior et al. (2015), por essa metodologia é possível prever os valores genotípicos com alta acurácia seletiva.

Em experimentos de campo, especialmente no melhoramento genético de plantas podem ocorrer perda de plantas na parcela devido a fatores diversos como, quantidades desiguais de sementes, experimento com diferentes números de repetições, com diferentes unidades de medidas e diferentes desenhos experimentais e a avaliação de vários genótipos em diferentes ambientes e anos. Este procedimento via REML/BLUP lida com esses desequilíbrios levando a estimativas e previsões acuradas de parâmetros e seleção genotípica (RESENDE, 2016). Utilizando os modelos lineares mistos em melhoramento genético é possível se fazer a predição de efeitos aleatórios, na presença de efeitos fixos, pelos BLUP'S (CAMARINHA FILHO, 2002).

O método REML/BLUP permite comparar indivíduos ou variedades ao longo de gerações e anos, além disso possibilita a realização de uma correlação de forma simultânea dos efeitos ambientais, estimativas de componentes de variância e predição dos valores genéticos de forma acurada, também é possível analisar dados com repetidas medições, diferentes anos, ambientes e desenho experimental (RESENDE et al., 2012a).

Embora o uso de técnicas modernas tenha a tendência de ser mais eficientes, seu uso não elimina a necessidade da caracterização fenotípica, sendo necessário associar o uso de novas tecnologias com programas convencionais (ANNICCHIARICO et al., 2015).

Os programas de melhoramento de milho buscam selecionar cultivares com características agronômicas adequadas para diversos sistemas de produção, sendo, portanto, a metodologia de modelos mistos bastante empregada em trabalhos de melhoramento genético de plantas (ARNHOLD et al., 2012; CARVALHO et al., 2005; FRITSCHÉ-NETO et al., 2012; MACHADO et al., 2010; MENDES et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2017b).

2.5.1 Ordenamento de genótipos e Acurácia de seleção por REML/BLUP

Como se consideram os efeitos de genótipos como aleatório e blocos como fixos, o interesse está no ordenamento das predições dos valores genéticos (aleatórios) para auxiliar a seleção (TOMÉ et al., 2002). 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 (RESENDE, 2002; BORGES et al., 2010). O que se obtém é um ordenamento dos genótipos, pela ordem decrescente de seus valores genotípicos. Para medir a confiabilidade do ordenamento dos melhores genótipos nos ambientes testados, utiliza-se correlação genotípica média do desempenho dos materiais genéticos através dos ambientes, a qual é estabelecida por Resende (2007), como \hat{r}_{gloc} .

Pelo método ANOVA, o uso do coeficiente de variação CVs é o que tem sido mais usado como forma de avaliação da precisão experimental, pois trata-se de uma medida de dispersão utilizada para se testar a qualidade do experimento (SCHMILDT et al., 2017). O coeficiente de precisão experimental é outro parâmetro relacionado à precisão experimental, o qual foi proposto por Pimentel Gomes (1985). Esta metodologia já foi questionada por Cargnelutti Filho e Storck (2007), em ensaios de cultivares de milho por depender apenas da variação residual, servindo para comparar experimentos com médias semelhantes.

Os ensaios de valor de cultivo e uso – VCU abordados no melhoramento genético devem ser avaliados do ponto de vista genético e estatístico, avaliando-se a qualidade do experimento e selecionando cultivares com base em valores genotípicos e não apenas sob a perspectiva estatística. Assim, um dos parâmetros recentemente adotados para avaliação experimental tem sido a acurácia seletiva (RESENDE, 2002). De maneira diferente como ocorre com o uso dos CVs que dependem da variação residual e do número de repetições, a acurácia seletiva aborda as variações de natureza genética e residual em relação ao caráter que está sendo avaliado (RESENDE; DUARTE, 2007).

A acurácia seletiva (r_{aa}) refere-se à correlação entre o verdadeiro valor genotípico e aqueles preditos a partir das informações dos experimentos (HENDERSON, 1984). A acurácia varia de 0 a 1, de maneira que, quanto mais próximo de 100% mais acurado é o experimento. Ela é classificada por Resende e Duarte, (2007) 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 ($r_{aa} < 0,50$).

2.6 PROGRESSO GENÉTICO E AMBIENTAL

O aumento na produtividade de grãos em milho tem sido atribuído aos avanços no melhoramento genético nos últimos anos. Segundo Rogers et al. (2015), a quantificação e identificação dessas características é de extrema importância para a obtenção do progresso genético.

O progresso genético é uma medida de estimativas de ganhos genéticos e avanços tecnológicos em um programa de melhoramento por um determinado período (CRUZ, 1998). Os programas de melhoramento devem ser periodicamente submetidos a uma análise, a fim de se avaliar sua eficiência, aprimorar novas ações de pesquisa, buscando solucionar problemas e traçar novas estratégias de seleção (BORGES et al., 2009).

Em genética quantitativa é comum o termo ganho por seleção que são obtidas pelo contraste entre as médias das populações melhoradas e a média da população base (CAVASIM; BORÉM, 1999). De maneira diferente, o progresso genético em programas de melhoramento é medido pela diferença dos genótipos testados em um

ano para o imediatamente anterior (SANTOS, 2009). Assim todos os anos são introduzidos, mantidos e excluídos novos genótipos nos ensaios.

Para estimação do progresso genético em programas de melhoramento, diferentes métodos podem ser utilizados. De acordo com Chiorato (2008), são designados em métodos diretos que avaliam novos genótipos com genótipos recomendados no passado em experimentos com repetições e em um mesmo ano agrícola e métodos indiretos que avaliam genótipos por vários anos em diferentes ambientes, sendo utilizadas cultivares testemunhas como forma de comparar com os novos genótipos testados. Alguns métodos, que serão mencionados a seguir, se destacam na literatura na estimação do progresso genético em melhoramento de plantas (CARGNIN, 2007).

Segundo Moresco (2003) o método de Vencovsky et al. (1986), é medido pelo contraste entre a média de todos os tratamentos de um dado ano com a do ano anterior. Nestes experimentos, considera-se o fato de que de um ano para o seguinte, uns tantos tratamentos são mantidos e outros substituídos por materiais novos.

Alguns autores propuseram modificações no método original de Vencovsky et al. (1986). Segundo o método de Fernandes (1988), o ganho é estimado pelo contraste entre a média geral dos tratamentos de um dado ano com a do ano anterior, subtraindo o efeito de ano, que é estimado pela diferença entre a média dos genótipos comuns nos dois anos consecutivos. Outra modificação realizada foi a eliminação da correlação dos erros experimentais entre os anos avaliados (CHIORATO, 2008).

Outra modificação da metodologia de Vencovsky et al. (1986), e Fernandes, (1988) foram atualizadas no método de Breseghello et al. (1988). Este método consiste em uma análise conjunta da série de dados dos experimentos regionais por meio de um modelo linear generalizado, a fim de se obter médias ajustadas dos genótipos e a matriz de covariância dessas médias, após é realizado o cálculo da média aritmética das médias ajustadas obtidas na análise conjunta, comparando os anos analisados, obtendo-se, portanto, a estimativa do progresso genético médio por regressão (SANTOS, 2009; CHIORATO, 2008).

Outra metodologia adotada na estimação do progresso genético, trata-se do método da regressão com dados originais descrito por Abreu et al. (1994), em que estabelece uma equação de regressão linear para cultivar testemunha e uma equação para as outras cultivares testadas (ABREU et al., 1994; SANTOS, 2009).

Outro método utilizado é o da regressão com médias ajustadas proposto por Fonseca Júnior (1997), que utilizam equações de modelo mistos e consideram os tratamentos como de efeito fixos e o ambiente como aleatório. Este método não se aplica a metodologia de modelos mistos que considera sempre tratamento como aleatórios (FARIAS et al., 2007; MORESCO, 2003; SANTOS, 2009). Com os avanços da estatística são realizadas novas modificações e surgem novas metodologias.

Na literatura é possível identificar vários estudos em culturas de importância econômica que visam determinar o progresso genético no decorrer dos anos, como: soja (KOESTER et al., 2014; DE FELIPE et al., 2016; LI et al., 2017; TODESCHINE et al., 2019); feijoeiro (CHIORATO et al., 2010; BARILI et al., 2016); trigo (BECHE et al., 2014; ZHANG et al., 2016); arroz (BORGES et al., 2009; DO VALE et al., 2012) e milho (DUVICK, 2005; STORCK et al., 2005; MACHADO et al., 2010).

2.7 CULTIVO DE MILHO NO ACRE

O Acre concentra sua produção de milho na primeira safra (estação das águas). A área cultivada foi de 47,5 mil hectares na safra 2018–2019 com produtividade de 2.042 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019).

Diversos trabalhos conduzidos em áreas experimentais apresentam rendimento médio bem acima da média nacional. Lima (2013), cultivando um híbrido simples em Rio Branco, AC, em uma altitude de 205 m, alcançou produtividades médias de 5.160 kg ha⁻¹ a 6.350 kg ha⁻¹. Paiva (2011), em Senador Guimard, AC, em altitude similar, cultivando um híbrido duplo obteve produtividades de 3.634 kg ha⁻¹ a 4.418 kg ha⁻¹. Nascimento (2017a), cultivando dois híbridos simples no município de Senador Guimard no espaçamento de 40 cm entre linhas, obteve produtividades de 11.500 kg ha⁻¹ a 12.000 kg ha⁻¹.

O Acre ampliou a área cultivada com o milho nos últimos anos, seguindo a tendência do mercado mundial. Esses aumentos são relacionados aos planos do governo estadual de incentivo à expansão da criação de suínos, aves e peixes e também à renovação de pastagens utilizando a cultura do milho em consórcio, no sistema de integração lavoura-pecuária (QUEIROZ et al., 2014; QUEIROZ et al., 2015).

Existe uma demanda crescente para o consumo do milho no Acre, o que pode ser comprovado pelos aumentos da importação do produto de outros estados nos

últimos anos, assim como de área cultivada e da produção de grãos. A área cultivada aumentou de 27.903 hectares em 2009 chegando a 36.837 hectares em 2016 (IBGE, 2017b).

Embora o consumo seja crescente, a baixa produtividade da cultura do milho no Acre dificulta o atendimento da demanda interna pelo produto. Na regional Juruá o consumo estimado é de 600 sacas de 60 quilos por semana, totalizando 26 mil sacas por ano (KLEIN; COSTA, 2016). Existe uma tendência de comprar milho proveniente do Mato Grosso, sendo justificado pelo preço da saca de milho no Acre que é de R\$ 40,00 (50 kg), enquanto em Mato Grosso é de R\$ 30,00 (60 kg) (SAFRAS, 2018).

Grande parte do milho no Acre é produzida nas pequenas propriedades onde também ocorre o maior consumo dessa produção seja na alimentação animal ou humana. Em condições que se empregam baixas tecnologias de cultivo, o desempenho agrônômico de qualquer cultura agrícola é baixo, isto tem relação direta com as baixas condições financeiras dos pequenos agricultores (CARPENTIERI-PIPOLO et al., 2010).

A cultura de milho no Acre apresentou nos últimos anos agrícolas rendimentos medianos. Trabalhos indicam que é possível superar esses baixos níveis de produtividade, Bravin e Oliveira (2014) obtiveram rendimentos médios entre 6.000 kg ha⁻¹ e 8.000 kg ha⁻¹, trabalhando com adubação nitrogenada em milho e capim-xaraés sob plantio direto e preparo convencional em sistema agrossilvipastoril. Trabalhos visando a introdução de cultivares de milho mais produtivas e adaptadas as condições edafoclimáticas do Acre são encontrados na literatura (CAMPOS et al., 1988; COSTA et al., 1997; FARIAS NETO et al., 1988; NASCIMENTO, 2017b).

Os Latossolos são os mais recomendados para o cultivo do milho totalizam 515 mil hectares e representam aproximadamente 3,15% da área do Estado (AMARAL et al., 2013). Em razão dessas condições de baixa fertilidade natural, esses solos necessitam da adoção da calagem e adubações para obter boas produtividades. O zinco (Zn) tem sido o micronutriente com maior número de relatos na literatura como limitante para cultura do milho em Latossolos e normalmente há respostas positivas quando aplicado (CARNEIRO et al., 2008).

Verifica-se a ocorrência de Latossolos, de maneira especial, no entorno da Rodovia BR 317 em direção ao Município de Capixaba, AC, com várias áreas de topografia plana a suave ondulada. No sentido contrário da BR 317, em direção ao

Município de Boca do Acre, AM, também se observam amplas áreas de relevo totalmente favoráveis à implantação da cultura com o predomínio de Latossolos na maioria delas (ACRE, 2005; QUEIROZ et al., 2015).

A adoção do sistema de plantio direto na palha (SPDP) também é uma alternativa técnica para o cultivo da cultura no Estado. Estudos de Costa et al. (2014a), na produção familiar de milho e mandioca no Vale do Juruá no Estado do Acre demonstram que a agricultura conservacionista, compreendendo, sobretudo, o plantio direto e o uso de insumos (calcário e adubo), na produção de milho, em épocas alternativas de cultivo, obteve-se uma produtividade crescente nos sistemas com plantio direto e uso de calcário e adubação fosfatada.

No Acre a cultura do milho apresenta destaque em áreas de Integração Lavoura, Pecuária e Floresta (ILPF), em virtude da incorporação com uma forrageira proporcionar aumento na oferta de palhada para a manutenção do plantio direto, com possibilidade em obtenção da produtividade satisfatória de grãos (FERREIRA et al., 2015). Bravin e Oliveira (2014) realizaram estudos com o objetivo de avaliar o desempenho agrônomo das culturas do milho e do capim-xaraés (*Urochloa brizantha* 'Xaraés') em consórcio, cultivadas em plantio direto e convencional, em sistema agrossilvipastoril, com a aplicação de diferentes doses de nitrogênio em cobertura no leste do Estado. A produtividade de grãos de milho respondeu linearmente à aplicação de N em área de plantio convencional.

O Zoneamento Agrícola de Risco Climático para a cultura do milho no Acre, ano-safra 2017/2018 (MAPA, 2017b), indica as cultivares para o plantio no Estado, e estas são divididas em três grupos. Há oferta de diferentes cultivares de milho no mercado local, desde variedades, híbridos duplos para baixa tecnologia e até híbridos simples transgênicos utilizados nos sistemas de alta tecnologia.

Quanto ao espaçamento das lavouras, nota-se basicamente a adoção dos 90 cm entrelinhas de plantio e não havendo muita variação. Os espaçamentos reduzidos têm sido pouco usados na região, com exceção de alguns produtores que utilizam 45 cm nas entrelinhas. Nascimento (2017a), trabalhando com três híbridos de milho em diferentes espaçamentos no município de Senador Guiomard/AC, obteve produtividade superior ($p < 0,05$) no espaçamento de 40 cm ($12,806 \text{ t ha}^{-1}$), quando comparado ao espaçamento de 95 cm ($7,529 \text{ t ha}^{-1}$).

O uso de adubação é comum nos plantios mecanizados, mas, com doses abaixo das necessidades da cultura, possivelmente por não ser utilizada a análise de

solo para esse fim e ainda pela distância dos centros produtores, que encarece o preço de insumos no Estado, chegando a custar o dobro do valor praticado na região Centro-Oeste e Sudeste do País. A cultura do milho, em cultivo solteiro ou consorciado, é altamente exigente em nitrogênio, em razão das características intrínsecas da espécie, o que torna esse nutriente limitante na produção quando não suprido de forma adequada durante os estádios cruciais de desenvolvimento da cultura (COSTA et al., 2014b; FERREIRA et al., 2015).

Em relação as pragas de campo, os lepidópteros são os principais causadores de danos a cultura, devido ao seu hábito alimentar das suas fases imaturas. Fazolin e Silva (1996) em trabalho de relato do ataque de pragas na cultura do milho registraram o ataque das seguintes espécies no Acre: *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797), *Agrodis ipsilon* (Hufnagel, 1776), *Diafraea saccharalis* (Fabr., 1794) e *Helicoverpa zea* (Bod., 1850). Não existem relatos atuais na literatura que indiquem os níveis de dano econômico provocados por estes insetos em plantios de milho no Acre, todavia, os grandes produtores que utilizam material com resistência ao ataque de lagartas desfolhadoras, não relatam o ataque desses insetos em seus plantios.

No armazenamento de grãos, uma das pragas mais destrutivas é o *Sitophilus zeamais* Motschulsky, 1855 (Coleoptera: Curculionidae) conhecido popularmente como caruncho-do-milho. *S. zeamais* é uma praga de importância primária por atacar grãos intactos. É uma praga polifágica, atacando produtos como trigo, arroz, milho, cevada e triticale (FARONI; SOUSA, 2006; LORINI, 2008). Na Amazônia Ocidental, particularmente no Acre, a produção de milho é realizada em pequenas propriedades rurais e a incidência de ataque do caruncho-do-milho é severa. Diversos trabalhos são encontrados na literatura indicando métodos alternativos de controle para o *S. zeamais* no Estado (FAZOLIN et al., 2009; 2010; 2012).

Segundo dados do Censo Agropecuário de 2006, a pequena produção ocorre em 10.083 estabelecimentos familiares, responsáveis por 77% da produção do milho no Acre (IBGE, 2006). Conforme esse Censo, o milho era armazenado nas propriedades em paióis e pequenos depósitos. Dados atuais sobre a produção familiar no Estado não são fornecidos pelos órgãos responsáveis.

Existem seis silos graneleiros localizados em seis municípios do Acre, Senador Guimard com capacidade de armazenamento de 5.500 t, Plácido de Castro com 5.300 t, Rio Branco com 2.910 t, Brasiléia com 5.820 t, Acrelândia com 607,7 t e Capixaba com capacidade de 2.910 t, sendo cinco administrados por cooperativas de

agricultores e um pelo governo estadual. A capacidade estática dos silos totaliza 25.350 toneladas. Tendo como base a produtividade média obtida no Estado, esses silos seriam capazes de armazenar a produção de 10.470 hectares, ou seja, 23% da área cultivada, considerando-se uma área cultivada de 46,5 mil hectares (SEAP, 2017). Os silos que existem no Estado são novos e apenas no de Senador Guimard não se faz o teste do percentual de impurezas no recebimento das cargas.

O melhoramento genético de milho no Estado poderá disponibilizar cultivares adaptadas as condições edafoclimáticas e as necessidades dos agricultores.

REFERÊNCIAS

ACRE. Governo do Estado. Programa Estadual de Zoneamento Ecológico Econômico do Estado do Acre. **Zoneamento Ecológico Econômico - ZEE/AC 2ª fase**. Rio Branco: SECTMA, 2005.

ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; MARTINS, L. A. Progresso do melhoramento genético do feijoeiro nas décadas de setenta a oitenta nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 29, n. 1, p. 105-112, jan. 1994.

ADEGAS, F. S.; VOLL, E.; GAZZIERO, D. L. P. Manejo de plantas daninhas em milho safrinha em cultivo solteiro ou consorciado à *Brachiaria ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 46, n. 10, p. 1226-1233, out. 2011.

ALBRECHT, A. J. P.; ALBRECHT, L. P.; BARROSO, A. A. M.; VICTORIA FILHO, R. O milho RR2 e o glyphosate: Uma revisão. **Revista Brasileira de Herbicidas**, Paraná, v. 13, n. 1, p. 58-67, jan./abr. 2014.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype x environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, sept./oct. 1964.

AMARAL, E. F. do; ARAÚJO, E. A. de; LANI, J. L.; RODRIGUES, T. E.; OLIVEIRA, H. de; MELO, A. W. F. de; AMARAL, E. F.; SILVA, J. R. T. da; RIBEIRO NETO, M. A.; BARDALES, N. G. Ocorrência e distribuição das principais classes de solos do Estado do Acre. In: ANJOS, L. H. C. dos; SILVA, L. M. da; WADT, P. G. S.; LUMBRERAS, J. F.; PEREIRA, M. G. I. (Ed.). **Guia de campo da IX Reunião Brasileira de Classificação e Correlação de Solos: solos sedimentares em sistemas amazônicos – potencialidades e demandas de pesquisa**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. 204 p.

ANDRADE, C. de L. T. de; AMARAL, T. A.; DUARTE, J. de O.; GARCIA, J. C.; SILVA, D. de F.; MARTINS, P. C. Simulated yield and net return of maize crop fertilized with different sources and rates of nitrogen. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, MG, v. 11, n. 3, p. 254-267, jul./set. 2012.

ANDRADE, V. T. **Implicações da modelagem estatística na seleção de progênies de cafeeiro**. Lavras, 2013. Dissertação (Mestrado), Universidade Federal de Lavras, 2013.

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

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

ARNHOLD, E.; PACHECO, C. A. P.; CARVALHO, H. W. L. de; SILVA, R. G.; OLIVEIRA JÚNIOR, E. A. de. Produtividade de híbridos de milho em região de fronteira agrícola no nordeste do Maranhão. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, PE, v. 5, n. 4, p. 468-473, out./dez. 2010.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDUSTRIAS DO MILHO- ABIMILHO. **Oferta e Demanda do Milho do Brasil**. 2018. < <http://www.abimilho.com.br/estatisticas>>. Acesso em: 11 setembro 2018.

BAKER, R. J. Tests for crossover genotype-environmental interactions. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 45, n. 2, p. 405-410, apr. 1988.

BARBOSA NETO, J. F.; MATIELLO, R. R.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, J. M. S.; PEGORARO, D. G.; SCHNEIDER, F.; SORDI, M. E. B.; VACARO, E. Progresso genético no melhoramento da aveia-branca no sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n. 8, p. 1605-1612, agos. 2000.

BARILI, L. D.; VALE, N. M. do; CARENEIRO, J. E. de S.; SILVA, F. F.; SILVA, F. L.da. Five decades of black common bean genetic breeding in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 46, n. 3, p. 259-266, Jul./Sep. 2016.

BECHE, E.; BENIN, G.; DA SILVA, C.L.; MUNARO, L.B.; MARCHESE, J.A. Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century. **European Journal of Agronomy**, Amsterdam, v. 61, n. 1, p. 49-59, nov. 2014.

BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G. A.; COMIRAN, F.; BERGONCI, J. I.; MULLER, A. G.; FRANÇA, S.; SANTOS, A. O.; RADIN, B.; BIANCHI, S.; PEREIRA, P. G. Déficit hídrico e produtividade na cultura do milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 41, n. 2, p. 243-249, fev. 2006.

BIANCHE, L.; GERMINA, G. H.; SILVA, M. de A. Adaptação das Plantas ao Déficit Hídrico. **Acta Iguazu**, Cascavel, v. 5, n. 4, p. 15-32, out./dez. 2016.

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

BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M. D. V. de; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas Gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 27, n. 3, p. 478-490, set. 2009.

BOTTEGA, E. L.; BRAIDO, R.; PIAZZETTA, L.; OLIVEIRA NETO, A. M. de; GUERRA, N. Efeitos da profundidade e velocidade de semeadura na implantação da cultura do milho. **Pesquisa agropecuária**, Pernambuco, v. 19, n. 2, p. 74-78, jul./dez. 2014.

BRAVIN, M. P.; OLIVEIRA, T. K. de. Adubação nitrogenada em milho e capim-xaraés sob plantio direto e preparo convencional em sistema agrossilvipastoril. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 49, n. 10, p. 762-770, out. 2014.

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. 1988.

BUENO, L. C. de S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. de. **Melhoramento genético de plantas princípios e procedimentos**. 2 ed. Lavras, MG: UFLA. 2006.

BUZINARO, R.; OLIVEIRA, G. H. F. de; AMARAL, C. B. do; SOUZA JUNIOR, C. L. de; MORO, G. V. Diallel mixed-model analyses to select superior maize parental lines for *Azospirillum brasilense* and nitrogen-use efficiency. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 18, n. 4, p. 382-389, oct./nov. 2018.

CAMARINHA FILHO, J. A. **Modelos lineares mistos: estrutura de matrizes de variância e covariância e seleção de modelos**. Piracicaba, 2002. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2002.

CAMPOS, I. S.; FARIAS NETO, J. T. de; GAMA, E. E. G. e; LODI, N. V. **Avaliação de genótipos de milho no Estado do Acre**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 1988. 6 p. (Pesquisa em andamento, 62).

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

CARGNIM, A. **Melhoramento de plantas: progresso genético e ambiental**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrado, 2007. 19 p. (Documentos, 183).

CARGNIN, A.; SOUZA, M. A. de; CARNEIRO, P. C. S.; SOFIATTI, V. Interação entre genótipos e ambientes e implicações em ganhos com seleção em trigo. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 41, n. 6, p. 987-993, jun. 2006.

CARNEIRO, L. V.; FURTINI NETO, A. E.; RESENDE, A. V. de; CURI, N.; SANTOS, J. Z. L.; LAGO, F. J. do. Fontes, doses e modos de aplicação de fósforo na interação fósforo-zinco em milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 32, n. 4, p. 1133-1141, jul./ago. 2008.

CARPENTIERI-PIPOLO, V.; SOUZA, A. de; SILVA, D. A. da; BARRETO, T. P.; GARBUGLI, D. D.; FERREIRA, J. M. Avaliação de cultivares de milho crioulo em sistema de baixo nível tecnológico. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 2, p. 229-233. Abr./jun. 2010.

CARVALHO, H. W. L. de; CARDOSO, M. J.; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M. X. dos, TABOSA, J. N.; SOUZA, E. M. de. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no nordeste brasileiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 40, n. 5, p. 471-477, maio. 2005.

CAVASSIM, J. E.; BORÉM, A. Ganhos em características morfológicas por seleção em populações de trigo. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 56, n. 4, out./dez. 1999.

CHIORATO, A. F. **Progresso genético para produtividade do feijoeiro no programa de melhoramento do Instituto Agrônomo (IAC) entre 1989 e 2007**. 2008. 85 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". São Paulo, 2008.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; VENCOSKY, R.; FONSECA JUNIOR, N. S.; PINHEIRO, J. B. Genetic gain in the breeding program of common beans at IAC from 1989 to 2007. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v.10, n. 4, p.329-336, dec. 2010.

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

CORTE REAL, G. S. C. P.; COUTO, H. P.; MATOS, M. B.; LYRA, M. S.; GOMES, A. V. C.; FERREIRA, S. R. R. Valores nutricionais do milho de diferentes qualidades para frangas de reposição na fase de recria. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 2, p.546-554, 2014.

COSTA, F. S.; FILHO, M. D. C.; SANTIAGO, A. C. C.; MAGALHÃES, I. B.; CORDEIRO, L. S.; LIMA, A. P.; MAIA, G. R.; SILVA, E. P.; KLEIN, M. A.; SILVA, F. A. C.; BARDALES, N.; QUEIROZ, L. R.; BRITO, E. S. **Agricultura conservacionista na produção familiar de mandioca e milho no Juruá, Estado do Acre: efeitos da adoção nos resultados de safras 2006 a 2014**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 2014a. 10 p. (Comunicado técnico, 186).

COSTA, J. G. da; CAMPOS, I. S.; MORAES, R. N. de S. **Novas variedades de milho recomendadas para o Estado do Acre**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 1997. 2 p. (Comunicado técnico, 79).

COSTA, J. R. da; PINHO, J. L. N. de; PARRY, M. M. Produção de matéria seca de cultivares de milho sob diferentes níveis de estresse hídrico. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, PB, v. 12, n. 5, p. 443–450, mar. 2008.

COSTA, N. R.; ANDREOTTI, M.; FERNANDES, J. C.; CAVASANO, F. A.; ULIAN, N. A.; PARIZ, C. M.; SANTOS, F. G. Acúmulo de nutrientes e decomposição da palhada de braquiárias em função do manejo de corte e produção do milho em sucessão. **Revista Brasileira de Ciências Agrônomicas**; Recife, PE, v. 9, n. 2, p. 166-73, fev. 2014b.

CRUZ, C. D. **Programa genes biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006.

CRUZ, C. D. Programa GENES - Aplicativo Computacional em Estatística Aplicada à Genética (GENES - Software for Experimental Statistics in Genetics). **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 21, n. 1, online, mar. 1998.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. F. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, J. C.; ALVARENGA, R. C.; VIANA, J. H. M.; PEREIRA FILHO, I. A. P.; ALBUQUERQUE FILHO, M. R. de; SANTANA, D. P. **Sistema de Plantio Direto de milho**. Brasília, DF: Agência Embrapa de informações tecnológicas, 2011a. Versão eletrônica (Árvore do conhecimento).

Cruz, J. C., DUARTE, J. DE O., GARCIA, J. C., PEREIRA FILHO, I. A. (2010), **Cultivares**. In: Embrapa Milho e Sorgo. Sistemas de Produção. 1. 7ed. Versão eletrônica.

CRUZ, J. C.; PEREIRA, I. A. P.; ALBURQUERQUE FILHO, M. R. **Espaçamento e densidade**. Brasília, DF: Agência Embrapa de informações tecnológicas, 2011b. Versão eletrônica (Árvore do conhecimento).

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. P.; ALVARINGA, R. C.; GONTIJO NETO, M. M.; VIANA, J. H. M.; OLIVEIRA, M. F. de; MATRANGOLO, W. J. R.; ALBUQUERQUE FILHO, M. R. de. **Cultivo do milho**. Sete Lagoas, MG: Embrapa milho e sorgo, 2010. 10 p. (Sistema de produção, 2).

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. P.; ALVARINGA, R. C.; GONTIJO NETO, M. M.; VIANA, J. H. M.; OLIVEIRA, M. F. de; SANTANA, D. P. **Manejo da cultura do milho**. Sete Lagoas, MG: Embrapa milho e sorgo, 2006. 12 p. (Circular técnica, 87).

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; PIMENTEL, M. A. G.; COELHO, A. M.; KARAM, D.; CRUZ, I.; GARCIA, J. C.; MOREIRA, J. J. A. A.; OLIVEIRA, M. F. de; GONTIJO NETO, M. M.; ALBURQUERQUE, P. E. P. de; VIANA, P. A.; MENDES, S. M.; COSTA, R. V.; MATRANGOLO, W. J. R. **Produção de milho na agricultura familiar**. Embrapa Milho e Sorgo, 2011c. p. 42. (Circular Técnica, 159).

CRUZ, S. C. S.; PEREIRA, F. R. da S.; Santos, J. R.; ALBUQUERQUE, A. W. de; SILVA, E. T. da. Parcelamento da adubação nitrogenada na cultura do milho irrigado em sistema plantio direto. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 12, n. 4, p. 370–375, jan. 2008.

DAN, H. de A.; BARROSO, A. L. de L.; DAN, L. G. de M.; FINOTTI, T. R.; FELDKIRCHER, C.; SANTOS, V. S. Controle de plantas daninhas na cultura do milho por meio de herbicidas aplicados em pré-emergência. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 4, p. 388-393, out./dez. 2010.

DE FELIPE, M.; GERDE, J. A.; ROTUNDO, J. L. soybean genetic gain in maturity groups III to V in Argentina from 1980 to 2015. **Crop Science**, Madison, v. 56, n. 6, p. 1–12, jan. 2016.

DOURADO NETO, D. D.; PALHARES, M.; VIEIRA, P. A.; MANFRON, P. A.; MEDEIROS, S. L. P.; ROMANO, M. R. EFEITO DA POPULAÇÃO DE PLANTAS E DO ESPAÇAMENTO SOBRE A PRODUTIVIDADE DE MILHO. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, MG, v. 2, n. 3, p. 63-77, jul./ago. 2003.

DO VALE, J. C.; SOARES, P. C.; CORNÉLIO, V. M. O.; REIS, M. S.; BORGES, V.; BISI, R. B.; SOARES, A. A.; FRITSCHÉ-NETO, R. Contribuição genética na produtividade do arroz irrigado em Minas Gerais no período de 1998 a 2010. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 4, p. 460-466, dez. 2012.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipo x ambiente uma introdução a análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999.

DUVICK, D.N. The contribution of breeding to yield advances in maize *Zea mays* L. **Advances in Agronomy Academic Press**, Salt Lake City, v. 86, n. 1, p. 83-145. 2005.

EDWIGES, M.; DALLACORT, R.; DE MARCO, K.; SANTI, A.; FENNER, W. Produtividade e características agrônômicas do milho em épocas de semeadura para segunda safra em tangará da serra, MT. **Enciclopédia biosfera**, Goiânia, v. 14 n. 26; p. 561, dez. 2017.

FANCELLI, A.L. **Boas práticas para o uso eficiente de fertilizantes na cultura do milho**. Piracicaba: International Plant Nutrition Institute Brazil, 2010. p. 1-16. (Informações Agrônômicas, 131).

FAOSTAT- Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Countries by Commodity**. 2016. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/em/#rankings/Countries_by_commodity>. Acesso em: 27 setembro 2018.

FARIAS, A. P.; FONSECA JÚNIOR, N. da S.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. de. Ganho genético na cultura da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 1, p. 71-78, jan./mar. 2007.

FARIAS NETO, J. T. de; CAMPOS, I. S.; LODI, N. V. **Melhoramento de populações de milho para o Acre**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 1988. 2 p. (Pesquisa em andamento, 58).

FARINELLI, R.; PENARIOL, F. G.; FORNASIERI FILHO, D. Características agrônômicas e produtividade de cultivares de milho em diferentes espaçamentos entre linhas e densidades populacionais. **Científica**, Jaboticabal, v. 40, n. 1, p. 21-27, jan./abr. 2012.

FARONI, L. R. D. A.; SOUSA, A. H. Aspectos biológicos e taxonômicos dos principais insetos-praga de produtos armazenados. In: ALMEIDA, F. de A. C.; DUARTE, M. E. M.; MATA, E. R. M. C. (Org.). **Tecnologia de armazenagem em sementes**. Campina Grande: UFCG, 2006. p. 371-402.

FAZOLIN, M.; COSTA, C. R. da; CAVALCANTE, A. S. da S.; ESTRELA, J. L. V.; ALBUQUERQUE, E. S. de; DAMACENO, J. E. de O. **Cipó-vick**: adaptação do uso tradicional comparado à fosfina no controle do gorgulho-do-milho em paíóis. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 2009. 44 p. (Documentos, 115).

FAZOLIN, M.; COSTA, C. R. da; DAMACENO, J. E. O.; ALBUQUERQUE, E. S. de; CAVALCANTE, A. S. S.; ESTRELA, J. L. V. Fumigação de milho para o controle do

gorgulho utilizando caule de *Tanaecium nocturnum* (Bignoniaceae). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 1, p. 1-6, jan. 2010.

FAZOLIN, M.; ESTRELA, J. L. V.; COSTA, C. R. da. Determinação da concentração de talos de Kangarà Kanê para o controle de *Sitophilus zeamais* Mots., 1855. **Magistra**, Cruz das almas, v. 24, n. 3, p. 239-246, jul./sep. 2012.

FAZOLIN, M.; SILVA, W. S. da. **Comportamento de pragas de importância econômica em culturas anuais, componentes de sistemas agroflorestais**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 1996. 26 p. (Boletim de pesquisa, 14).

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York. Macmillan, 1987. 487 p.

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, 1988.

FERREIRA, A. C. B.; ARAÚJO, G. A. A.; PEREIRA, P. R. G.; CARDOSO, A. A. Características agronômicas e nutricionais do milho adubado com nitrogênio, molibdênio e zinco. **Scientia Agricola**, Viçosa, MG, v. 58, v. 1, p. 131-138, jan./mar. 2001.

FERREIRA, R. R. M.; AMARAL, E. F. do; COSTA, F. de S.; OLIVEIRA, T. K. de. **Calagem do solo e adubação no Estado do Acre: uso atual e perspectivas futuras**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 2015. 31 p. (Documentos, 140).

FIRMINO, R. S.; BUSO, W. H. D.; SILVA, L. B.; GOMES, L. L.; SILVA, S. M. da C. Desempenho agronômico de milho com diferentes doses de nitrogênio e molibdênio. **Revista Mirante**, Anápolis, GO, v. 10, n. 2, jul. 2017 (edição extra).

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

FREITAS, E. G.; PASTINA, M. M.; GAZAFFI, R.; PINTO, L. R.; XAVIER, M. A.; LANDELL, M. G. A.; GARCIA, A. A. F. Modelos mistos para seleção de genótipos superiores e de futuros genitores de cana-de-açúcar. **In: Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria**, 58. Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica, Campina Grande, 15 p. 2013.

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

GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V.; TROGELLO, E.; FRITSCHÉ NETO, R. Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 61, suplemento, p. 819-828, nov./dez. 2014.

GEMELLI, A.; OLIVEIRA JUNIOR, R. S.; CONSTANTIN, J.; BRAZ, G. B. P.; JUMES, T. M. C.; GHENO, E. A.; RIOS, F. A.; FRANCHINI, L. H. M. Estratégias para o controle de capim-amargoso (*Digitaria insularis*) resistente ao glyphosate na cultura milho safrinha. **Revista Brasileira de Herbicidas**, Paraná, v. 12, n. 2, p. 162-170, maio/ago. 2013.

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

Green, J. M.; Owen, M. D. Herbicide-resistant crops: utilities and limitations for herbicide-resistant weed management. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, München, v. 59, n.11, p. 5819-5829, jun. 2010.

HANASHIRO, R. K.; MINGOTTE, F. L. C.; FORNASIERI FILHO, D.; Desempenho fenológico, morfológico e agrônômico de cultivares de milho em Jaboticabal-SP. **Científica**, Jaboticabal, v. 41, n. 2, p.226–234, maio/ago. 2013.

HARTLEY, H.O.; RAO, J.N.K. Maximum likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. **Biometrika**, Oxford, v. 54, n. 1 p. 93-108, jun. 1967.

HANWAY, J. J. **How a corn plant develops**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1993. 26 p. (Special Report, 48).

Henderson, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph, 1984. 462 p.

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

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo agropecuário 2006**. Rio de Janeiro: IBGE, 2006. 267 p.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo agropecuário 2017**. Rio de Janeiro: IBGE, 2017. 108 p.

KAPPES, C.; ANDRADE, A. da C.; ARF, O.; OLIVEIRA, A. C. de; ARF, M. V.; FERREIRA, J. P. Desempenho de híbridos de milho em diferentes arranjos espaciais de plantas. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 2, p. 334-343, abr./jun. 2011.

KANEKO, F. H.; ARF, O.; GITTI, D. de C.; ARF, M. V.; CHIODEROLI, C. A.; KAPPES, C. Manejo do solo e do nitrogênio em milho cultivado em espaçamentos reduzido e tradicional. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 3, p. 677-686, jul./set. 2010.

KAPPES, C.; ANDRADE, A. da C.; ARF, O.; OLIVEIRA, A. C. de; ARF, M. V.; FERREIRA, J. P. Desempenho de híbridos de milho em diferentes arranjos espaciais de plantas. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 2, p. 334-343, abr./jun. 2011.

KLEIN, M. A.; COSTA, F. de S. **Manejo conservacionista do solo e produtividade de milho no Juruá**. 2016. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/159325/1/26307.pdf>>. Acesso em: 25 novembro 2018.

KOESTER, R.P.; SKONECZKA, J.A.; CARY, T.R.; DIERS, B.W.; AINSWORTH, E.A. Historical gains in soybean (*Glycine max* Merr.) seed yield are driven by linear increases in light interception, energy conversion, and partitioning efficiencies. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 65, n. 12, p. 3311-3321, jul. 2014.

KOPPER, C. V.; MEERT, L.; KRENSKI, A.; BORGHI, W. A.; OLIVEIRA NETO, A. M. de; FIGUEIREDO, A. S. T. Produtividade de milho segunda safra em função de diferentes velocidades de semeadura e densidade de plantas. **Pesquisa agropecuária**, Pernambuco, PE, v. 22, n. 1, 2017.

KURIHARA, C. H.; SILVA, W. M.; TSUJIGUSHI, B. P.; SILVA, J. V. de S.; DIAS, M. M. **Adubação Fosfatada no Sistema Plantio Direto**. Dourados, MS: Embrapa agropecuária oeste, 2014. 4 p. (Circular técnica, 26).

LAMEGO, F. P.; CARATTI, F. C.; REINEHR, M.; GALLON, M.; LUISSANTI, A.; BASSO, C. J. Potencial de supressão de plantas daninhas por plantas de cobertura de verão. **Comunicata Scientiae**, Piauí, v. 6, n. 1, p. 97-105, Jan./Mar. 2015.

LANGE, A.; LARA CABEZAS, W. A. R.; TRIVELIN, P. C. O. Sulfato de amônio e uréia em cobertura no milho em semeadura direta no Cerrado. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 57, n. 6, p. 817-824, nov./dez. 2010.

LI, S.; TENG, F.; RAO, D.; YAO, X.; ZHANG, H.; WANG, H.; SONG, S.; MARTIN, S. K.; XIE, F. Agronomic traits of soybean cultivars released in different decades after grafting recordyield cultivar as rootstock. **Plant Breeding**, v. 136, n. 2, p. 133-138, feb. 2017.

LIMA, A. A. de. **Arranjos de plantio do milho e doses de nitrogênio em cobertura na formação de pastagem em Integração lavoura-pecuária em Rio Branco-AC**. 2012. 56 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2013.

LIMA, S. F. de; ALVAREZ, R. de C. F.; CONTARDI, L. M. Influência do espaçamento entre linhas em características fitotécnicas e acúmulo de massa seca de híbridos de milho. **Ambiência**, Guarapuava, PR, v. 12, n. 4, p. 1027-1039, set./dez. 2016.

LORINI, I. Manejo Integrado de Pragas de Grãos de Cereais Armazenados. Passo Fundo: **Embrapa Trigo**, 72 p. 2008.

MACHADO, J. C.; SOUZA, J. C. de; RAMALHO, M. A. P.; LIMA, J. L. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos de milho oriundos de um mesmo conjunto gênico. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 627-631, jul./set. 2008.

MACHADO, J. R. de A.; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; MEIRELLES, W. F.; PARENTONI, S. N.; SILVA, A. R.; EMYGDIO, B. M.; TEIXEIRA, M. C. C. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho para região**

subtropical via modelos mistos. Sete Lagoas, MG: Embrapa milho e sorgo, 2010. 23 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento).

MAPA - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Zoneamento agrícola de risco climático para a cultura de milho 1ª safra no Estado do Acre, ano-safra 2017/2018.** 2017b. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/assuntos/risco-seguro/risco-agropecuario/portarias/safra-vigente/acre>>. Acesso em: 25 setembro 2018.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; CARNEIRO, N. P.; PAIVA, E. **Fisiologia do milho.** Sete Lagoas, MG: Embrapa milho e sorgo, 2002. 23 p. (Circular técnica, 22).

MELO, A. V. de; SANTOS, V. M. de; VARANDA, M. A. F.; CARDOSO, D. P.; RAMOS DIAS, M. A. Desempenho agrônômico de genótipos de milho submetidos ao estresse hídrico no sul do estado do Tocantins. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, MG, v. 17, n. 2, p. 177-189, jan./mar. 2018.

MELO, F. B.; CORÁ, J. E.; CARDOSO, M. J. Fertilização nitrogenada, densidade de plantas e rendimento de milho cultivado no sistema plantio direto. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 42, n. 1. p. 27-31, jan./mar. 2011.

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

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. **Milho híbrido.** In: Paterniani, E.; Viégas, G. P. (Eds) Melhoramento e produção do milho. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, p. 277-340, 1987.

MODOLO, A. J.; CARNIELETTO, R.; KOLLING, E. M.; TROGELLO, E.; SGARBOSSA, M. Desempenho de híbridos de milho na Região Sudoeste do Paraná sob diferentes espaçamentos entre linhas. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 41, n. 3, p. 435-441, jul./set. 2010.

MORAES, P. V. D. de; AGOSTINETTO, D.; PANOZZO, L. E.; OLIVEIRA, C.; VIGNOLO, G. K.; MARKUS, C. Manejo de plantas de cobertura no controle de plantas daninha e desempenho produtivo da cultura do milho. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 2, p. 497-508, mar./abr. 2013.

MORESCO, E. R. **Progresso genético no melhoramento do algodoeiro no Estado de Mato Grosso.** 2003. 76 f. Tese (doutorado em agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. São Paulo, 2003.

MOZAMBANI, A. E.; BICUDO, S. J. Efeito da temperatura e da luz no desenvolvimento de plântulas de milho. **Nucleus**, Ituverava, SP, v. 6, n. 1, p. 211-222, abr. 2009.

NASCIMENTO, F. M.; BICUDO, S. J.; RODRIGUES, J. G.; FURTADO, M. B.; CAMPOS, S. Produtividade de genótipos de milho em resposta à época de semeadura. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 58, n. 2, p. 193-201, mar/abr, 2011.

NASCIMENTO, L. de O. **Caracterização ecofisiológica e produtividade de híbridos de milho em diferentes espaçamentos no município de Senador Guomard, Acre.** 2017. 64 f. Dissertação (Mestrado em Ciência, Inovação e Tecnologia para a Amazônia) – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2017a.

NASCIMENTO, M. M. do. **Caracterização morfofisiológica e agrônômica de variedades de milho em Rio Branco, Acre.** 2017. Monografia (Graduação em Engenharia Agrônômica) – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2017b.

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

NUNES, A. N.; SIMÕES, E. de O.; FORMIGONI, A. da S.; BRUSTOLINI, A. P. L.; SCOTTÁ, B. A.; FONTES, D. de O. O milho processado e diferentes técnicas de determinação do amido na alimentação de suínos. **Revista eletrônica nutritime**, Viçosa, MG, v. 11, n. 4, p. 3508- 3514, Jul./Ago. 2014.

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

OLIVEIRA, M. S.; ROCHA, A.; SULYOK, M.; KRŠKA, R.; MALLMANN, C. A. Natural mycotoxin contamination of maize (*Zea mays* L.) in the South region of Brazil. **Food Control**, v. 73, n. 1, p. 127-132, mar. 2017a.

PAES, M. C. D. **Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho.** Sete Lagos, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 6 p. (Circular Técnica, 75).

PAIVA, C. T. C. **Cultivo de milho em plantio direto e convencional com diferentes doses de adubação nitrogenada em cobertura.** 2011. 33 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Acre, Rio Branco, AC, 2011.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento de milho. In: Borém, A. **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 1999. 817 p.

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

PEREIRA FILHO, I. A.; BORGHI, E. **Mercado de Sementes de Milho no Brasil Safra 2016/2017.** Sete Lagos, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2016. 28 p. (Documentos, 202).

PERRI, S. H. V.; IEMMA, A. F. Procedimento "MIXED" do SAS® para análise de modelos mistos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 56, n. 4, online, out./dez. 1999.

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, p. 209-228, July, 2008.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 12. ed. Piracicaba: Livraria Nobel, 1985. 467p.

QUEIROZ, L. R.; COSTA, F. de S.; MARINHO, J. T. de S.; OLIVEIRA, T. K. de. Diagnóstico do sistema de produção de milho no Estado do Acre. In: **XXX CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO**, 30, 2014, Salvador. Anais... Salvador, 2014.

QUEIROZ, L. R.; COSTA, F. de S.; OLIVEIRA, T. K. de; MARINHO, J. T. de S. **Aspectos da cultura do milho no Estado do Acre**. Rio Branco, AC: Embrapa Acre, 2015. 30 p. (Documento, 136).

RAO, C. R. Minimum variance quadratic unbiased estimation of variance components. **Journal of Multivariate Analysis**, New York, v.1, n. 3, p.445-456, set. 1971.

RESENDE JUNIOR, M. F. R.; ALVES, A. A.; SÁNCHEZ, C. F. B.; RESENDE, M. D. V. de; CRUZ, C. D. Seleção genômica ampla. In: CRUZ, C. D.; SALGADO, C. C.; BHERING, L. L. (Ed). **Genômica aplicada**. Viçosa, MG: UFV, 2013. 424 p.

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

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65 p. (Documento, 100).

RESENDE, M. D. V. **Selegem- REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

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

RESENDE, M. D. V. de; 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, set. 2007.

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. Estimacão 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. de; SILVA, F. F. e; LOPES, P. S.; AZEVEDO, C. F. **Seleção genômica ampla (GWS) via modelos mistos (REML/BLUP), inferência bayesiana (MCMC), regressão aleatória multivariada e estatística espacial.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa/Departamento de Estatística, 2012a. 291 p.

RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B. do; JANK, L. **Melhoramento de forrageiras tropicais.** Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2008. 293 p.

RODRIGUES, M. A.; KERBAUY, G.B. Meristemas: fontes de juventude e plasticidade no desenvolvimento vegetal. **Hoehnea.** 2009, vol.36, n.4, p.525-550.

ROCHA, K. F. CASSOL, L. C.; PIVA, J. T.; ARRUDA, J. H.; MINATO, E. A.; FAVERSANI, J. C. Épocas de aplicação de nitrogênio na cultura do milho num latossolo vermelho muito argiloso sob plantio direto. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, MG, v. 13, n. 3, p. 273-284, jul./set. 2014.

RODRIGUES, L. R.; SILVA, P. R. F. **Indicações técnicas para o cultivo do milho e do sorgo no Rio Grande do Sul: Safras 2011/2012 e 2012/2013.** Porto Alegre: Fepagro, 2011. 140 p.

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

ROGERS, J.; CHEN, P.; SHI, A.; ZHANG, B.; SCABOO, A.; SMITH, F.; ZENG, A. Agronomic performance and genetic progress of selected historical soybean varieties in the southern USA. **Plant Breeding**, v. 134, n. 1, p.85-93, dec. 2015.

ROJAS, C. A. L.; BAYER, C.; FONTOURA, S. M. V.; WEBER, M. A.; VIEIRO, F. Volatilização de Amônia da Ureia Alterada por Sistemas de Preparo de Solo e Plantas de Cobertura Invernais no Centro-Sul do Paraná. **Revista Brasileira Ciência Solo**, Viçosa, MG, v. 36, n. 1, p. 261-270, jan./fev. 2012.

ROSA, A. P. A. da; EMYGDIO, B. M.; BISPO, N. B. Indicações técnicas para o cultivo de milho e de sorgo no Rio Grande do Sul: safras 2017/2018 e 2018/2019. In: **LXII Reunião Técnica Anual da Pesquisa do Milho; XLV Reunião Técnica Anual da Pesquisa do Sorgo, Sertão, RS, 17 a 19 de julho de 2017.** – Brasília, DF : Embrapa, 2017.

SAFRAS. **Safras e mercado.** 2018. Disponível em: < <http://www.canalrural.com.br/cotacao/milho/>>. Acesso em: 25 maio 2018.

SANGOI, L.; SCHWEITZER, C.; SCHMITT, A.; PICOLI JUNIOR, G. J.; VARGAS, V. P.; VIEIRA, J.; SIEGA, E.; CARNIEL, G. Perfilhamento e prolificidade como características estabilizadoras do rendimento de grãos do milho, em diferentes densidades. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, MG, v. 9, n. 3, p. 254-265, set./dez. 2010.

SANGOI, L.; SCHWEITZER, C.; SILVA, P. R. F. da; SCHMITT, A.; VARGAS, V. P.; CASA, R. T.; SOUZA, C. A. de. Perfilhamento, área foliar e produtividade do milho sob

diferentes arranjos espaciais. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 46, n. 6, p. 609-616, jun. 2011.

SANTANA, D. P.; LANDAU, E. C.; SANS, L. M. A. **Clima e solo**. Sete Lagos, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2012. (Sistema de Produção, 8).

SANTOS, M. M.; GALVÃO, J. C. C.; SILVA, I. R.; MIRANDA, G. V.; FINGER, F. L. Épocas de aplicação de nitrogênio em cobertura na cultura do milho em plantio direto, e alocação do nitrogênio (15N) na planta. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, MG, v. 34, n. 4, p. 1185-1194, 2010.

SANTOS, V. B. dos. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos**. 2009. 153 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais, 2009.

SCHEFFÉ, H. **The analysis of variance**. New York: John Wiley, 1959. 477 p.

SCHMILDT, E. R.; SILVA, W.; AMBROSIO, T. de J.; SCHMILDT, O.; NASCIMENTO, A. L.; FERNANDES, A. A. Coeficiente de variação como medida da precisão em experimentos de alface. **Revista Agro@mbiente On-line**, Boa Vista, RR, v. 11, n. 4, p. 290-295, out./dez. 2017.

SEAP - Secretaria de Estado de Agricultura, Governo do Estado do Acre. **Produção de milho beneficiado e armazenado nos silos graneleiros e armazéns do Estado do Acre 2016/2017**. Rio Branco, AC: SEAP, 2017.

SILVA, A. V. C. da. **I Ciclo de Palestras sobre o Uso de Marcadores Moleculares na Pesquisa Agropecuária**. Aracajú, SE: Embrapa Tabuleiros costeiros, 2012. 70 p. (Ciclo de palestra, 1).

SILVA, M. M. da; LIBARDI, P. L.; FERNANDES, F. C. S. Nitrogen doses and water balance components at phenological stages of corn. **Scientia Agricola**, Piracicaba, SP, v. 66, n. 4, p. 515-521, Jul/Aug, 2009.

SILVA, W. C.; MOTA, A. M. D.; SILVA, C. S. da; BRITO, L. L. M. de; SILVA, J. M. F. da; CAMARA, F. T. da. Resposta do milho a doses de NPK na semeadura e de N em cobertura em sistema de plantio convencional. **Revista Espacios**, Caracas, v. 38, n. 36, p. 21, mar. 2017.

SILVA, W. J. da; SANS, L. M. A.; MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. Exigências climáticas do milho em Sistema Plantio Direto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 233, p. 14-25, jul./ago. 2006.

SOUZA, T. C. de; MAGALHÃES, P. C.; CASTRO, E. M. de; DUARTE, V. P.; LAVINSKY, A. O. Corn root morphoanatomy at different development stages and yield under water stress. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 51, n. 4, p. 330-339, abr. 2016.

STACCIARINI, T. de C. V.; CASTRO, P. H. C. de; BORGES, M. A.; GUERIN, H. F.; MORAES, P. A. C.; GOTARDO, M. Avaliação de caracteres agrônômicos da cultura

do milho mediante a redução do espaçamento entre linhas e aumento da densidade populacional. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 57, n. 4, p. 516-519, jul/ago. 2010.

STORCK, L.; BISOGNIN, D. A.; CARGNELUTTI FILHO, A. Ganho genético decorrente da substituição anual de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.40, n. 9, p.881-886, set. 2005.

Takano, H. K.; Oliveira Junior, R. S.; Constantin, J.; Braz, G. B. P.; Gheno, E. A. Goosegrass resistant to glyphosate in Brazil. **Planta Daninha**, Viçosa, MG, v. 35, n. 1, p.1-9, jan./mar. 2017.

TAKASU, A. T.; RODRIGUES, R. A. F.; GOES, R. J.; ARF, O.; HAGA, K. I. Desempenho agrônômico do milho sob diferentes arranjos populacionais e espaçamento entrelinhas. **Revista Agrarian**, Dourados, v. 7, n. 23, p. 34-41, jun. 2013.

TODESCHINI, M. H.; MILIOLI, A. S.; ROSA, A. C.; DALLACORTE, L. V.; PANHO, M. C.; MARCHESE, J. A.; BENIN, G. Soybean genetic progress in South Brazil: physiological, phenological and agronomic traits. **Euphytica**, Wageningen, v. 215, n. 7, p. 215-124, jun. 2019.

TOMÉ, M. A.; BUENO FILHO, J. S. S.; FERREIRA, D. F. Blocos fixos ou aleatórios? O caso do ensaio em látex no melhoramento vegetal. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 3, p. 576-584, 2002.

VAZQUEZ, G. H.; GARCIA, F. P.; ASSIS, A. A. V. de. Influência do espaçamento na produtividade de híbridos de milho sob alta densidade populacional. **Engenharia de Biosistema**, Tupã, v. 6 n. 2, p. 79-88, mai/ago. 2012.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A. R.; GARCIA, J. C.; TEXEIRA, 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.

VIAN, A. L.; SANTI, A. L.; AMADO, T. J. C.; CHERUBIN, M. R.; SIMON, D. H.; DAMIAN, J. M.; BREDEMEIER, C. Variabilidade espacial da produtividade de milho irrigado e sua correlação com variáveis explicativas de planta. **Ciência Rural**, Santa Maria, RS, v. 46, n. 3, p. 464-471, mar, 2016.

VIANA, J. M. S.; ALMEIDA, I. F. de; RESENDE, M. D. V.; FARIA, V. R.; SILVA, F. F. BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of annual crops. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, n. 1, p. 31-39, july. 2010.

WAGNER, M. V.; JADOSKI, S. O.; LIMA, A. dos S.; MAGGI, M. F.; POTT, C. A.; SUCHORONCZEK, A. Avaliação do ciclo fenológico da cultura do milho em função da soma térmica em Guarapuava, Sul do Brasil. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias**, Guarapuava-PR, v. 4, n. 1, p. 135–149, jan./abr. 2011.

WET, J. M. I.; HARLAN, J. R. Origin of maize: The tripartite hypothesis. **Euphytica**, Wageningen, v. 21, n. 2, p. 271-279. Jun. 1972.

ZHANG, Y.; XU, W.; WANG, H.; DONG, H.; QI, X.; ZHAO, M.; FANG, Y.; GAO, C.; HU, L. Progress in genetic improvement of grain yield and related physiological traits of Chinese wheat in Henan Province. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 199, n. 1, p. 117 -128, dec. 2016.

3 CAPÍTULO I

SELEÇÃO GENOTÍPICA DE VARIEDADES DE MILHO VIA MODELOS MISTOS

RESUMO

O milho é uma das espécies que compõe o agronegócio brasileiro. Uma das técnicas utilizadas em programas de melhoramento vegetal trata-se da análise via modelos mistos. A seleção de cultivares em ensaios de valor de cultivo e uso - VCU utilizando essa metodologia permitem inferências mais precisas e realista acerca da avaliação genotípica, permitindo informar sobre o correto ordenamento dos genótipos para fim de seleção. O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de milho, em quatro safras do programa de melhoramento da Embrapa Acre, utilizando a metodologia de modelos mistos - REML/BLUP. Os ensaios foram conduzidos no campo Experimental da Embrapa Acre. O delineamento estatístico utilizado foi em látice retangular 5x6 com duas repetições. Foram utilizados os dados de produtividade de grãos dos genótipos testados no ensaio nacional de milho da Embrapa Milho e Sorgo, nos anos de 2013-2014; 2014-2015; 2015-2016; 2017-2018. Foi utilizada a metodologia de modelos mistos, em que os parâmetros genéticos foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita – REML e os valores genotípicos preditos pelo método da melhor predição linear não viesado – BLUP. Utilizou-se o modelo 52 com delineamento em blocos incompletos em vários locais e uma observação por parcela – MHPRVG, com auxílio do software Selegem REML/BLUP. Foram calculados os valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) e acurácia seletiva. A seleção dos dez genótipos superiores proporcionou um ganho de 22,95%. Nos quatro anos de ensaio verificou-se que as variedades não superaram as médias de produção dos híbridos. O ordenamento dos genótipos coincidiu nos quatro anos de avaliação indicando comportamento amplo das cultivares avaliadas. Os cinco genótipos que apresentaram melhor desempenho produtivo e estabilidade foram HTMV-1, HTCMS699, HTCMS-SP1, BRS 1055 e HTCMS771. Todos os valores da acurácia estão situados nas classes de moderada a alta inferindo que o processo de seleção foi efetivo. A metodologia de modelos mistos foi eficiente na avaliação dos ensaios de valor de cultivo e uso, auxiliando na seleção e descarte dos genótipos a cada ano agrícola. Os genótipos BRS 1055 e HTCMS-SP1 apresentam ótima estabilidade e performance produtiva, podendo ser uma alternativa de cultivo.

Palavras chaves: *Zea mays* L., produtividade, REML/BLUP

ABSTRACT

Corn is one of the species that make up Brazilian agribusiness. One of the techniques used in plant breeding programs is analysis using mixed models. The selection of cultivars in tests of cultivation and use value - VCU using this methodology allows more precise and realistic inferences about the genotypic evaluation, allowing to inform about the correct ordering of the genotypes for the purpose of selection. The objective of this work was to select maize genotypes, in four harvests of Embrapa Acre breeding program, using the mixed model methodology - REML / BLUP. The tests were conducted in the Experimental field of Embrapa Acre. The statistical design used was in a 5x6 rectangular lattice with two replications. The grain yield data of the genotypes tested were used in the national corn test of Embrapa Milho e Sorgo, in the years 2013-2014; 2014-2015; 2015-2016; 2017-2018. The mixed model methodology was used, in which the genetic parameters were estimated by the method of maximum restricted likelihood - REML and the genotypic values predicted by the method of the best unbiased unbiased prediction - BLUP. Model 52 was used, with incomplete block design in several locations and one observation per plot - MHPRVG, with the aid of the Selegem REML / BLUP software. The values of the harmonic mean of the genotypic values (MHVG) and selective accuracy were calculated. The selection of the top ten genotypes provided a gain of 22.95%. In the four years of testing it was found that the varieties did not exceed the average production of the hybrids. The ordering of the genotypes coincided in the four years of evaluation, indicating broad behavior of the cultivars evaluated. The five genotypes that showed the best productive performance and stability were HTMV-1, HTCMS699, HTCMS-SP1, BRS 1055 and HTCMS771. All accuracy values are in the moderate to high classes, inferring that the selection process was effective. The mixed model methodology was efficient in evaluating the cultivation and use value tests, assisting in the selection and disposal of genotypes each agricultural year. The genotypes BRS 1055 and HTCMS-SP1 present excellent stability and productive performance, and can be an alternative for cultivation.

Key words: *Zea mays* L., productivity, REML / BLUP

1 INTRODUÇÃO

O milho é uma das espécies que compõe o agronegócio brasileiro. Altas produtividades são cada vez mais necessárias tendo em vista a demanda sempre crescente. A Embrapa milho e sorgo desenvolve pesquisas testando milho em diversas regiões do Brasil, realizando ensaios de valor de cultivo e uso – VCU. Pesquisas para escolha adequada de genótipos é essencial, pois estas serão utilizadas em vários anos de cultivos.

Os ensaios de avaliação de cultivares devem ser realizados com base em abordagens estatístico-genéticas e não apenas perspectivas estatísticas que utilizam valores fenotípicos médios (BORGES et al., 2010). Uma das técnicas utilizadas que tem evoluído em programas de melhoramento vegetal trata-se da análise via modelos mistos. Nessa técnica, os componentes de variância do modelo são estimados pelo REML, do inglês *restricted maximum likelihood* (máxima verossimilhança restrita ou residual) e os valores genotípicos pelo BLUP, *linear unbiased prediction* (melhor preditor linear não viesado) (VIANA et al., 2010).

Em razão da grande diversidade de cultivares disponível no mercado, torna-se interessante que o agricultor tenha a opção de adquirir sementes de variedades de polinização livre ou variedades híbridas de acordo com cada nível tecnológico. Variedades de polinização livre tem como vantagem a possibilidade de uso por mais de um ano de plantio, o que a torna imprescindível aos agricultores de menor nível tecnológico. Este fato exige maior precisão na seleção

Dessa forma, a correta seleção por valores genéticos ordenados utilizando a metodologia de modelos mistos, permitem inferências mais precisas e realista acerca da avaliação genotípica, informando sobre o correto ordenamento dos genótipos para fim de seleção.

O método REML/BLUP permite selecionar genótipos com base em valores genotípicos preditos com alta acurácia, sendo de grande aplicabilidade em ensaios de VCU. Trabalhos com milho com uso desta técnica foram realizados por Silva (2016), Oliveira et al. (2017a), em sorgo por Andrade et al. (2016), em mandioca por Moreto et a. (2017). Portanto, o objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de milho (*Zea mays* L.), em quatro safras do programa de melhoramento da Embrapa Acre, utilizando a metodologia de modelos mistos via REML/BLUP.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram instalados no campo experimental da Embrapa Acre, em Rio Branco, Acre situado em uma área de Latossolo Vermelho-amarelo com latitude 10°01'24," S e longitude 67°42'27" W e altitude de 178 m. O clima predominante da região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Aw (quente e úmido, com um período seco anual de três meses), com temperatura média das máximas de 30,9 °C e mínima de 20,8 °C, precipitação anual de 1700 mm e umidade relativa do ar em torno de 83% (AGRITEMPO, 2016).

2.1 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS

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

Com base nos resultados da análise de solo realizou-se adubação de 300 kg ha⁻¹ do formulado N-P-K 10-30-10 e a adubação de cobertura foi realizada no estágio V4 com 200 kg ha⁻¹ do formulado 20-00-20 e uma segunda parcela de cobertura no estágio V6 com 300 kg ha⁻¹ de sulfato de amônia.

Os tratos culturais consistiram em capina manual para o controle de ervas daninhas, sendo uma próxima ao estágio V4 e a segunda por ocasião do estágio V7. Quando necessário também foi realizada uma aplicação de inseticida para controle da lagarta do cartucho utilizando o inseticida Lanate na dose de 1L ha⁻¹.

Foram utilizados os dados de produtividade de grãos dos genótipos utilizados no ensaio nacional de milho da Embrapa Milho e Sorgo, nos anos de 2013-2014 (plantio em 23/11/2013 e colheita em 21/03/2014); 2014-2015 (plantio em 17/12/2014 e colheita em 17/04/2015); 2015-2016 (plantio em 16/12/2015 e colheita em 18/05/2016); 2017-2018 (plantio em 07/12/2017 e colheita em

27/03/2018) (Tabela 1). Totalizando 138 genótipos, sendo 78 comuns aos quatro anos.

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

Genótipos			
2013/2014	2014/1015	2015/1016	2018/2019
Sint 10795	BRS 1055	BRS 1055	BR2121QPM
Sint 10697	BRS Caimbé	BRS Caimbé	HTC697
			Sint10771-
Sint 10707	BRS 4103	BRS 4103	BRS4107
Sint 10805	BR 106	BR 106	AL2015
Sint 10731	Sint 10771	Sint 10771	Sint Super Prec1
Sint 10781	Sint 10717	Sint 10717	MC 20
Sint 10723	Sint 10795	Sint 10795	BRS3046
Sint 10699	Sint 10697	Sint 10697	Sint 10717
Sint. Mult. TL	Sint 10707	Sint 10707	MC60
Sintético RxS Spod	MC 20	MC 20	HIV 2564260
BRS 4104 - Sint. Pro Vit			
A	MC 50	VCREJ 201	98CV02
2E530	Sint 10781	Sint 10781	UFVM200(HS)C1
HIV0908	Sintetico 256 L	Sintetico 256 L	AL AVARÉ
AL2012	Sint 10699	Sint 10699	PC0905
		VLS BS	
AL2010	VLS BS 42C60	42C60	BRS Gorutuba
HDS NE 4x3			
(2K1265)	Sint RxS Spod	Eldorado	HI(771xHTMV1)
BRS Gorutuba	BRS 4104 - Sint Pro Vit A	MC 21	HTC795
Guepa	2E530	2E530	HTC707
Capo	AL2013	AL Paraguaçu	BR5037-Cruzeta-G19
Sint Super-Precoce			
1	AL2014	AL 2014	HI(707xHTMV1)
Caatingueiro	AL Avaré	AL Avaré	Sint 10795-BRS4105
MG053xHA	MC 6028	MC 6028	HTCms-CAPO
MS003xHB	BRS Gorutuba	SintPF 104	PC0904
3H842	Guepa	SintPF 7008	HTC771
BRS1055	Capo	SintPF 7021	HIV 473451
	Sint Super-Precoce	Sint Super –	
BRS Caimbé	1	Prec. 1	HTC717
BRS 4103	Sint 10783	SintPF 7031	HTCms15672
BR 106	HTCMS-SP1	HTCMS-SP1	HTC781
Sint 10771	HTCMS771	HTCMS771	CAPO
Sint 10717	HTCMS717	HTCMS717	HTC-SP1
-	HTCMS795	HTCMS795	Potiguar-G13
-	HTCMS697	HTCMS697	HSmsxHTMV1
-	HTCMS707	HTCMS707	MC 50
-	HTCMS781	HTCMS781	BRS 1055
-	HTCMS699	HTCMS699	UFVM 100(HS)C1
-	Sintetico 1X	HTMV-1	Sint10771-BRS4107

A variável rendimento de grãos foi determinado a partir da pesagem de todos os grãos obtidos na área útil da parcela, após a secagem, trilha e limpeza de todas as plantas. O peso originalmente obtido foi submetido a correção de umidade para 13% de acordo com a expressão:

$$P = \frac{P_c \cdot (100 - U_0)}{87}$$

87

Em que:

P: peso corrigido

P_c: peso de campo

U₀: umidade dos grãos após a colheita

- Peso de Grãos debulhados da parcela, em g
- Umidade dos grãos na ocasião da colheita

2.2 ANÁLISES GENÉTICO-ESTATÍSTICAS

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

Para cada ano foram realizadas análises individuais, para verificar a heterogeneidade de variância, utilizando o seguinte modelo estatístico:

$$Y = Xb + Zg + e$$

em que:

Y= vetor de dados

b: vetor de dados dos efeitos de bloco (fixos), somados a média geral;

g: vetor de dados dos efeitos aleatórios de genótipos;

e: vetor de erros aleatórios; e

X e Z: representam as matrizes de incidência para os vetores b e g, respectivamente.

Foi realizada a análise conjunta considerando os genótipos e anos, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y=Xb+Zg+Qga+e$$

em que:

Y= vetor de dados

b: vetor de dados dos efeitos de bloco (fixos), somados a média geral;

g: vetor de dados dos efeitos aleatórios de genótipos;

ga: Vetor dos efeitos da interação genótipo x ano aleatórios

e: vetor de erros aleatórios; e

X, Z e Q: representam as matrizes de incidência para os vetores b, g e ga respectivamente.

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

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

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

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

Os valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para avaliação da estabilidade, para todos os genótipos foram obtidos conforme a expressão:

$$MHVG = \frac{l}{\sum_{i=1} \frac{1}{VG_j}}$$

em que:

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

2.2.1 Estimativa da acurácia de seleção

A acurácia seletiva foi obtida pela seguinte expressão (RESENDE, 2002; RESENDE; DUARTE, 2007):

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \sqrt{\frac{1 - PEV}{\sigma^2_g}}$$

em que:

PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos;

σ^2_g : variância genotípica

Para realização das análises genético estatístico utilizou-se o software Selegem REML/BLUP.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de deviance (ANADEV) para a variável produção de grãos em quatro safras é apresentada no Apêndice A.

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

3.1 SELEÇÃO GENOTÍPICA – TODOS OS ANOS

Na Tabela 2 está disposto os genótipos avaliados, bem como seus respectivos efeitos genotípicos (g), os valores genotípicos preditos (u+g), o ganho genotípico médio com a seleção, as novas médias melhoradas e os valores genotípicos médios (u+g+gem) para o caractere rendimento de grãos avaliados em quatro anos. Foi adotado a seleção dos 20 primeiros genótipos, simplificando a apresentação dos resultados. A seleção genotípica de todos os anos está apresentada no Anexo A.

Tabela 2 – Seleção dos genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a quatro anos em Rio Branco, Acre, 2020

Ordem	Genótipos	Produtividade (kg ha ⁻¹)				
		g	u+g	Ganho	Nova média	u+g+gem
1	HTCMS-SP1	965,23	3500,27	965,23	3500,27	3572,24
2	BRS 1055	954,62	3489,65	959,93	3494,96	3560,84
3	HTCMS 771	872,82	3407,85	930,89	3465,92	3472,93
4	HTMV-1	846,55	3381,58	909,80	3444,84	3444,71
5	HTCMS 697	843,28	3378,32	896,50	3431,53	3441,20
6	HTCMS 707	704,42	3239,45	864,49	3399,52	3291,98
7	HTCMS 699	669,98	3205,01	836,70	3371,73	3254,97
8	2 E530	599,40	3134,43	807,04	3342,07	3179,13
9	3H842	555,40	3090,43	779,08	3314,11	3131,85

Tabela 2 – Seleção dos genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a quatro anos em Rio Branco, Acre, 2020

(Conclusão)

Ordem	Genótipos	Produtividade (kg ha ⁻¹)				
		g	u+g	Ganho	Nova média	u+g+gem
10	HTCMS 717	539,53	3074,56	755,12	3290,16	3114,80
11	HTCMS795	498,04	3033,08	731,75	3266,78	3070,22
12	HTCMS781	440,37	2975,40	707,47	3242,50	3008,25
13	HI(771xHTMV1)	370,89	2905,92	681,58	3216,61	2933,58
14	Sint 10699	365,11	2900,14	658,97	3194,01	2927,37
15	AL2013	349,89	2884,92	638,37	3173,40	2911,01
16	AL Avaré	292,61	2827,65	616,76	3151,79	2849,47
17	BRS 3046	292,53	2827,56	597,69	3132,72	2849,38
18	Sint10771- BRS4107	281,95	2816,98	580,14	3115,18	2838,01
19	PC0904	277,09	2812,12	564,19	3099,228	2832,78
20	HI(707xHTMV1)	241,57	2776,61	548,06	3083,10	2794,62
...
78	BRS 4103	726,61	1808,42	0,000	2535,03	1754,24

g: efeito dos genótipos; u+g: valores genotípicos preditos; u+g+gem: valores genotípicos médios nos vários ambientes/anos.

Utilizando o método proposto por Resende (1999, 2002, 2007a), foi possível prever os valores genotípicos u+g para cada genótipo somando-se cada efeito genotípico (g) à média geral do experimento (Tabela 2). O ganho genético obtido no decorrer dos anos equivale à média dos vetores dos efeitos genéticos preditos para cada genótipo selecionado. A nova média trata-se da média geral somada ao ganho genético obtido.

Nota-se que os 20 genótipos seguem a mesma ordem pelos valores preditos (u+g) e os valores genotípicos médios nos diferentes anos (u+g+gem). Contudo, mesmo os valores preditos (u+g), sendo livre da interação genótipo x ambiente, os valores genotípicos médios nos vários anos (u+g+gem) são superiores no estudo por capitalizarem a interação média de todos os anos.

De acordo com Santos (2009), é possível se recomendar cultivares para outras regiões que não participaram da rede de ensaios, pois os valores genotípicos ($u+g$) são valores livres da interação genótipo x ambiente, já os valores genotípicos médios $u+g+gem$ limitam-se aos locais de ensaios por capitalizar a interação média dos anos em que os genótipos foram avaliados.

Ao selecionar o décimo genótipos em destaque, observa-se que o valor genotípico predito ($u+g$) é de 3074,56 kg ha⁻¹ e que há um ganho de 755,12 kg ha⁻¹, com a nova média passando a ser de 3290.155 e o valor genotípico médio nos vários anos de, 3114,80 kg ha⁻¹. Para se obter o ganho em porcentagem basta dividi-lo pela nova média e multiplicá-lo por 100 (SOARES et al., 2009). Portanto, a seleção das dez cultivares superiores proporciona um ganho de 22,95%. Caso selecione-se apenas as duas primeiras HTCMS-SP1 e BRS 1055, o ganho seria de 27,47%.

A identificação de materiais superiores pela média geral do experimento dentro de programas de melhoramentos, permite descartar materiais com médias inferiores, economizando tempo e recurso na pesquisa (LUCIUS et al., 2014). Nesse sentido pela metodologia de modelos mistos é possível raquear os valores genotípicos dos experimentos.

Nos programas de melhoramento de milho é comum serem inseridos nos ensaios de variedades materiais superiores obtidos de cruzamentos e híbrido já estabelecidos, a fim de se comparar as médias de produção dos genótipos considerados agronomicamente superiores com os novos genótipos testados. Todos os anos são inseridos novos genótipos e retirado os materiais com médias inferiores, determinando o dinamismo dentro do programa de melhoramento. Observa-se que a introdução de novos genótipos foi dinâmica gerando ganhos de alto valores.

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

Tabela 3 – Genótipos de milho superiores com seus respectivos tipos, Rio Branco, Acre, 2020

Ordem	Genótipos	Tipos
1	HTCMS-SP1	Híbrido-top-cross
2	BRS 1055	Híbrido simples
3	HTCMS 771	Híbrido-top-cross
4	HTMV-1	Híbrido-top-cross
5	HTCMS 697	Híbrido-top-cross
6	HTCMS 707	Híbrido-top-cross
7	HTCMS 699	Híbrido-top-cross
8	2 E530	Híbrido duplo
9	3H842	Híbrido triplo
10	HTCMS 717	Híbrido-top-cross
11	HTCMS795	Híbrido-top-cross
12	HTCMS781	Híbrido-top-cross
13	HI(771xHTMV1)	Híbrido intervarietal
14	Sint 10699	Variedade sintética
15	AL2013	Variedade
16	AL Avaré	Variedade
17	BRS 3046	Híbrido simples
18	Sint10771-BRS4107	Variedade sintética-variedade
19	PC0904	Variedade
20	HI(707xHTMV1)	Híbrido intervarietal
...
78	BRS 4103	Variedade

Segundo Araújo et al. (2013), o desempenho agrônomico das variedades e híbridos é maximizado pelos diferentes níveis tecnológicos de manejo adotados. No entanto, em comparação às variedades, as sementes híbridas irão expressar seu potencial produtivo, desde que sejam submetidas a boas condições de cultivo em que eles foram obtidos (OLIVEIRA et al., 2017b). Mendes et al. (2012), também verificaram superioridade dos híbridos em relação às variedades em 49 ambientes.

Segundo Hanashiro et al. (2013), o potencial produtivo dos híbridos de milho não deve ser avaliado com base no tipo de cruzamento, pois nem sempre um híbrido

simples, por exemplo, conseguirá atingir seu potencial de produção. De acordo com Emygdio et al. (2007), o potencial produtivo dos híbridos de milho pode ser afetado pelo número de linhagens envolvidas nos cruzamentos, pela qualidade do germoplasma atrelado às linhagens usadas nos cruzamentos, adaptação a região de cultivo, nível tecnológico e manejo adotado. Esses fatores contribuem para que o desempenho dos diferentes híbridos simples, duplo, triplo, top-cross e outros sejam variáveis. Dessa forma, muitas vezes, a recomendação de um híbrido top-cross e mesmo uma variedade, com produtividade média comparável à dos híbridos simples podem ser mais viáveis dependendo do nível tecnológico adotado pelo produtor.

O grande destaque deste estudo foi o excelente desempenho do híbrido HTCMS-SP1, com valor genotípico de 3,50 kg ha⁻¹. Este híbrido foi superior a todos os demais genótipos no quesito produtividade de grãos, possibilitando um ganho de 965,23 kg ha⁻¹ (Tabela 2). Trata-se de um híbrido top-cross obtido de um cruzamento de uma variedade comum com uma linhagem pura. Segundo Krug et al. (1943), os híbridos top-cross são pouco utilizados para cultura em grande escala, sendo, entretanto, muito empregado para determinar a capacidade geral de combinação de linhagens. O híbrido HTCMS-SP1 apresentou produtividade (7,16 kg ha⁻¹) inferior ao híbrido BRS1055 (8,50 kg ha⁻¹) em estudos nos Estados do Mato Grosso e Distrito Federal (MARIZ et al., 2017). Diferindo do resultado do presente estudo, porém indicando a superioridade genética desses materiais em relação aos demais genótipos em diversos locais.

No ranque dos 20 genótipos superiores, foram selecionados apenas dois híbridos simples BRS 1055 com ganho de 959,93 kg ha⁻¹, sendo um dos destaques do trabalho, e o BRS 3046 com ganho de 597,69 kg ha⁻¹, o qual apresentou resultados inferiores a duas variedades AL 2013 e AL avaré. Os híbridos simples são obtidos pela polinização induzida entre dois genitores de linhagem pura, por isso torna-se mais onerosa a produção de sementes (OLIVEIRA et al., 2017b). Segundo Krug et al. (1943), as plantas obtidas de híbridos simples têm constituição genética teoricamente idênticas e, portanto, adaptação limitada. Segundo Emygdio et al. (2007), o potencial produtivo a cada combinação híbrida depende da qualidade dos germoplasmas utilizados e não do tipo de híbridos produzidos.

Outro grande destaque do estudo foi o híbrido BRS 1055 que apresentou médias de produtividade altas nos quatro anos de avaliação, sugerindo sua adoção em plantios comerciais, possibilitando um ganho de 27,47% (Tabela 2). O híbrido superou as variedades e a produtividade média Estadual que na safra de 2017-2018 foi de 2,04 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019).

O híbrido simples BRS 1055 apresenta ciclo semiprecoce, com porte mais alto e alta prolificidade, elevada produtividade e estabilidade, com destaque para ambientes acima de 700 m de altitude, tolerância ao acamamento e quebramento, com resistência ao nematoide *Melodoygenes javanica*, e moderada resistência à quatro doenças foliares (mancha de diplóidia, mancha branca, cercospora e mancha de bipolares). Sua produtividade responde melhor à primeira safra do que à segunda safra podendo superar 12 toneladas por hectare (GUIMARÃES et al., 2009).

O híbrido BRS 1055 vem apresentando resultados de alta produtividade e adaptabilidade em diversas regiões como norte, nordeste, centro-oeste e sudeste. Em ensaio realizado no Estado do Mato Grosso do Sul o híbrido apresentou produtividade de 7.474 kg ha⁻¹ (SILVA NETO et al., 2017). Já, no Estado do Amazonas o híbrido obteve maior valor genotípico indicando superioridade produtiva dos híbridos em relação às variedades de polinização aberta, sendo recomendado para regiões de várzeas e terra firme (OLIVEIRA et al., 2017a; OLIVEIRA et al., 2017b).

Em pesquisas realizadas na Universidade Federal do Acre o híbrido BRS 1055 destacou-se com produtividade de 7,43 kg ha⁻¹ superior à média esperada para a safra 2015/2016 no Estado do Acre (SANTOS et al., 2016). Resultado este superior ao verificado no presente estudo de 3,49 kg ha⁻¹ (tabela 2), porém os autores realizaram a seleção com base nos pressupostos de Fischer (método anova) que tem como suposições básicas a independência dos erros e independência entre efeitos de tratamento, diferente da utilização dos modelos mistos via REML/BLUP que são baseados em médias genéticas, em que os valores genotípicos são considerados de efeito aleatório e os efeitos de bloco, local e ano podem ser considerados como fixos ou aleatórios.

Segundo Oliveira et al. (2017b), apesar do híbrido BRS 1055 tratar-se de um híbrido simples, este pode ser uma alternativa para pequenos e médios produtores por ser um híbrido que apresenta boa relação custo-benefício quando comparado a outros encontrados no mercado, além de permitir o reaproveitamento de sementes sem tantas perdas.

As variedades que se destacaram no estudo possuem base genética ampla. A variedade AL Avaré apresentou ganho genético de 616,76 kg ha⁻¹ (Tabela 2). Trata-se, portanto, de uma variedade comercial utilizada para silagem, lançada no ano de 2010, obtida do cruzamento ao acaso de cultivares de ciclo semiprecoce e normal, após diversas gerações de recombinações, seleção massal e seleção entre famílias de meio-irmãos. Podendo ser uma alternativa para produtores de silagem no Estado

do Acre. Possuem baixa inserção de suas espigas, estabilidade produtiva e potencial de produção de grãos superior (CATI, 2010).

Outras variedades que se destacaram foram AL 2013 e PC 0904 com ganho genético de 638,37 kg ha⁻¹ e 564,19 kg ha⁻¹ respectivamente. A variedade PC 0904 trata-se de uma variedade precoce com grãos amarelos semiduros, podendo ser uma alternativa para a alimentação animal e produção de farinha. A variedade em estudos no Estado do Rio de Janeiro destacou-se com rendimento de 5.47 kg ha⁻¹ (VALENTINI et al., 2015). Em experimento de VCU no Estado do Mato Grosso a variedade AL 2013 apresentou produção de 5.20 kg ha⁻¹ (SILVA NETO et al., 2017).

Apesar da maior produção dos híbridos, as variedades sintéticas que são provenientes da recombinação de linhagens selecionadas e multiplicadas por polinização aberta, também se destacaram no ranqueamento dos 20 melhores genótipos, sendo uma alternativa para pequenos e médios produtores. As variedades de destaque foram Sint 10699 e Sint10771-BRS4107 que apresentaram ganho de 658,97 kg ha⁻¹ e 580,14 kg ha⁻¹, respectivamente (Tabela 2)

Uma das vantagens do uso de variedades sintéticas é a reutilização das sementes de um ano para o outro pelos produtores. No Estado do Amazonas a variedade Sint 10699 apresentou alto desempenho produtivo e estabilidade, tornando-se uma opção para cultivo na região (OLIVEIRA et al., 2017a). No presente trabalho a variedade se mostrou superior geneticamente a duas variedades de polinização aberta AL2013 e AL Avaré, isso ocorreu porque uma das exigências para obter um sintético é a utilização de linhagens com alta capacidade combinatória.

3.2 SELEÇÃO GENÓTIPICA POR ANO

Com o intuito de simplificar a apresentação e discussão dos resultados, constituiu-se a Tabela 4, contendo apenas dez linhagens superiores. O ranqueamento completo, envolvendo todas as cultivares por ano é apresentada no Anexo B.

A classificação das dez melhores cultivares, por anos, nas quatro safras avaliadas, os efeitos genotípicos (g+ge), os valores genotípicos preditos para cada ano (u+g+ge), o ganho genotípico médio com a seleção e a nova média melhorada estão disposto na Tabela 4. Esses valores capitalizam a interação com os anos e a seleção por ano, usa simultaneamente a informação dos quatro anos em relação a

todas as safras de cultivo.

Tabela 4 – Seleção dos genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

Produtividade (kg/ha⁻¹) ano 2013/2014					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	BRS 1055	1101,47	3523,26	1101,47	3523,26
2	2E530	808,49	3230,28	954,98	3376,77
3	3H842	721,04	3142,83	877,00	3298,79
4	Sint 10699	497,14	2918,92	782,04	3203,82
5	AL2010	253,56	2675,35	676,34	3098,13
6	HIV0908	240,39	2662,17	603,68	3025,47
7	Guepa	130,67	2552,45	536,11	2957,89
8	HDS NE 4x3 (2K1265)	114,02	2535,81	483,35	2905,13
9	Sint 10717	66,47	2488,26	437,03	2858,82
10	Sint. Mult. TL	35,68	2457,47	396,89	2818,68
...
30	Sint 10731	-734,67	1687,12	-109,17	2312,62

Produtividade (kg/ha⁻¹) ano 2014/2015					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	HTCMS771	1156,39	3860,22	1156,39	3860,22
2	BRS 1055	1095,18	3799,02	1125,78	3829,62
3	HTCMS-SP1	1050,30	3754,13	1100,62	3804,46
4	HTCMS697	862,88	3566,72	1041,19	3745,02
5	2E530	757,43	3461,27	984,43	3688,27
6	HTCMS707	749,92	3453,76	945,35	3649,19
7	HTCMS699	749,19	3453,02	917,33	3621,16
8	HTCMS717	646,39	3350,22	883,46	3587,30
9	HTCMS781	513,19	3217,02	842,32	3546,15
10	AL2013	454,24	3158,08	803,51	3507,35
...
36	Sint 10783	-856,23	1847,61	64.328	2768,16

Tabela 4 – Seleção dos genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

(Conclusão)

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2015/2016					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	BRS1055	1195,64	4131,15	1195,64	4131,15
2	HTCMS-SP1	1140,11	4075,62	1167,88	4103,38
3	HTMV-1	1099,03	4034,54	1144,93	4080,43
4	HTCMS697	941,46	3876,97	1094,06	4029,57
5	HTCMS771	861,51	3797,02	1047,55	3983,06
6	HTCMS699	790,59	3726,10	1004,72	3940,23
7	HTCMS707	784,97	3720,48	973,33	3908,839
8	HTCMS795	683,18	3618,68	937,06	3872,57
9	HTCMS717	590,66	3526,17	898,57	3834,08
10	HTCMS781	508,08	3443,59	859,52	3795,03
...
37	BRS Caimbé	-923,37	2012,14	86,96	3022,47
Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2017/2018					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	HTC-SP1	993,17	3072,17	993,17	3072,17
2	HTCMS697	977,02	3056,03	985,09	3064,10
3	HTCMS771	860,85	2939,85	943,68	3022,68
4	HTC707	788,45	2867,46	904,87	2983,88
5	BRS 1055	710,90	2789,91	866,08	2945,08
6	HTC795	681,35	2760,36	835,29	2914,30
7	HTC717	542,45	2621,45	793,46	2872,46
8	HI(771xHTMV1)	481,51	2560,51	754,46	2833,47
9	HTC781	431,18	2510,18	718,54	2797,55
10	BRS3046	379,78	2458,78	684,67	2763,67
...
36	BRS Gorutuba	-753,67	1325,34	144,56	2223,56

g+ge: efeito genotípicos; u+g+ge: valores genotípicos.

Observa-se que há genótipos de comportamento específico que foram superiores apenas em algumas safras, apresentando ganho genotípico inferiores e genótipos de comportamento amplo, que mantiveram sua produtividade constante nos quatro anos ou na maioria deles (Tabela 4). Para os cinco melhores genótipos, verifica-se que, o híbrido BRS 1055 possui comportamento amplo, pois se destacou em todas as quatro safras, independente da ordem. Deve ressaltar que no primeiro ano de avaliação parte dos materiais foram substituídos, provavelmente por apresentar média inferiores, sendo inseridos novos genótipos nos seguintes anos.

O ordenamento dos genótipos coincidiu nos quatro anos de avaliação indicando comportamento amplo das cultivares avaliadas. Portanto, os genótipos mais produtivos em um ano foram necessariamente mais produtivos no ano seguinte. Para as cinco melhores cultivares, os genótipos coincidentes nos três últimos anos com as maiores médias produtivas foram: HTCMS 771; BRS 1055; HTCMS – SP1; HTCMS 697. Deve-se ressaltar que os híbridos top-cross foram inseridos na rede de ensaios a partir do segundo ano e o híbrido simples BRS 1055 esteve presente nos quatro anos de safra (Tabela 4).

Outro híbrido de comportamento amplo que se destacou no processo seletivo dos dois primeiros anos foi o híbrido duplo 2E530, a ausência deste entre as mais produtivas nos demais anos, possivelmente, deve-se ao fato dele não ter sido testado nos mesmos. Uma justificativa para retirada do híbrido dos ensaios, é por se tratar ainda de um híbrido experimental. Segundo Nolasco et al. (2011), a variedade é susceptível ao fungo *Fusarium moniliforme* responsável pela ocorrência de grãos ardidos, não sendo indicado para regiões com alta umidade no período de colheita. Em estudos realizados no Estado do Rio de Janeiro a cultivar apresentou alto desempenho produtivo com 7,519 kg. ha⁻¹ (VALENTINI et al., 2016). Em trabalhos realizados na Embrapa Rondônia a cultivar apresentou produtividade média de 3,895 kg. ha⁻¹ (PASSOS et al., 2018).

Quando se analisa a seleção genotípica por ano dos 10 genótipos selecionados, confirma-se que nos quatro anos de ensaios as variedades não superaram as médias de produção dos híbridos (Tabela 4).

No primeiro ano do programa de melhoramento verifica-se a ocorrência do maior número de variedades. Como mencionado, grande parte das variedades foram substituídas no ano seguinte, pois os programas de melhoramento levam em

consideração um conjunto de caracteres a serem testados, logo a maioria das variedades testadas não apresentou um bom desempenho geral, sendo substituídas apesar da alta produtividade.

Outra justificativa dá-se pela importância da cultura no mercado nacional, pois todos os anos são testadas novas variedades e híbridos que superam as médias produtivas dos genótipos anteriores com características agrônômicas superiores. Machado et al. (2010), relatam que todos os anos são testados um grande número de variedades e híbridos que são a base para os trabalhos de seleção. No segundo ano apenas a variedade AL 2013 se destacou com ganho genético de 803,509 kg ha⁻¹. No terceiro e quarto ano de ensaio os dez primeiros genótipos selecionados foram híbridos, indicando a superioridades dos mesmo em relação as variedades.

3.3 ESTABILIDADE DOS VALORES GENOTÍPICOS – MHVG

Na Tabela 5 é apresentado o ordenamento dos 20 genótipos superiores de milho, dos 78 genótipos comuns testados em 4 safras, referente à estabilidade (MHVG – média harmônica dos valores genotípicos). As médias harmônicas de todos os valores genotípicos estão apresentadas no Anexo C. Com a finalidade de simplificar a apresentação dos resultados, constitui-se a Tabela 5, contento apenas os 20 genótipos superiores.

Tabela 5 – Média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para os 20 genótipos superiores para estabilidade e produtividade, simultaneamente, avaliado no Estado do Acre, entre as safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

Ordem	Genótipos	MHVG
1	HTMV-1	4034,54
2	HTCMS699	3584,37
3	HTCMS-SP1	3583,21
4	BRS 1055	3485,68
5	HTCMS771	3477,98
6	HTCMS697	3466,10

Tabela 5 – Média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) para os 20 genótipos superiores para estabilidade e produtividade, simultaneamente, avaliado no Estado do Acre, entre as safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

(Conclusão)

Ordem	Genótipos	MHVG
7	2E530	3343,37
8	HTCMS707	3307,38
9	SintPF 7021	3166,42
10	AL2013	3158,08
11	3H842	3142,83
12	HTCMS717	3113,49
13	AL Paraguaçu	3081,52
14	HTCMS795	3080,20
15	Sint 10699	3073,77
16	HTCMS781	3001,14
17	VLS BS 42C60	3000,03
18	AL Avaré	2844,94
19	Sint 10697	2814,96
20	SintPF 104	2786,17
...
78	BR5037-Cruzeta-G19	1416,12

Através da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) é possível se calcular a estabilidade e produtividade dos genótipos de forma simultânea. Segundo Borges et al. (2010) quanto menor o desvio-padrão do comportamento genotípico, maior será a média harmônica dos valores genotípicos entre anos. Através dessa metodologia é possível selecionar genótipos produtivos e estáveis simultaneamente, resultado esse importante em um programa de melhoramento.

De acordo com Cruz e Regazzi (1994), através da identificação de cultivares estáveis torna-se possível identificar genótipos com comportamento previsíveis e que sejam susceptíveis a variações ambientais, em condições específicas e amplas. Uma das principais etapas de um programa de melhoramento trata-se da identificação de genótipos com características agronômicas superiores que são testados em ensaios

de VCU em diferentes ambientes e condições climáticas, devendo-se, portanto, apresentar a maior estabilidade possível (PINTO JÚNIOR et al., 2006).

De acordo com Resende (2002), um genótipo é considerado estável quando em diferentes condições ambientais apresenta comportamento geral com pequenas variações. Dessa forma, os cinco genótipos que apresentaram melhor desempenho produtivo e estabilidade foram HTMV-1, HTCMS699, HTCMS-SP1, BRS 1055 e HTCMS771 (Tabela 5). Esses genótipos se destacaram entre os 78 materiais comuns testados nos quatro anos apresentando produtividade superior e estabilidade, demonstrando baixa sensibilidade a fatores ambientais de um ano para o outro. Os híbridos HTCMS-SP1 e BRS 1055 além de apresentarem superioridade produtiva como foi verificada no estudo, apresentam estabilidade, sendo uma importante característica na recomendação de cultivares comerciais.

É importante salientar que, neste estudo, foram ensaiados híbridos simples, triplos e variedades, o que poderia influenciar na estabilidade dos genótipos, porém a metodologia utiliza como base os valores genotípicos preditos que não são influenciados por fatores ambientais.

3.4 ACURÁCIA DE SELEÇÃO

Os ensaios genéticos estatísticos devem ser avaliados por meio do uso da acurácia seletiva, que considera as variações de natureza genética e residual associada ao carácter testado. Segundo Santos (2009), a acurácia seletiva considera uma correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aquele estimado a partir das informações dos experimentos.

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

A fim de simplificar a apresentação e discussão dos resultados, na Tabela 6 estão dispostos o ordenamento dos 20 genótipos e seus limites inferior (LIIC) e superior (LSIC) do intervalo de confiança e acurácia de seleção para o carácter produtividade de grãos. A relação completa consta no Anexo D.

Tabela 6 – Ordem, genótipo, limite inferior e superior do intervalo de confiança (LIIC e LSIC, respectivamente) e acurácia, para produtividade de grãos (Kg ha⁻¹), dos 20 melhores genótipos de milho avaliado no Estado do Acre, entre as safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

Ordem	Genótipos	LIIC	LSIC	Acurácia
1	HTCMS-SP1	2888,79	4111,73	0,8319
2	BRS 1055	2947,60	4031,71	0,8706
3	HTCMS771	280,97	4009,72	0,8376
4	HTMV-1	2562,12	4201,04	0,6685
5	HTCMS697	2775,96	3980,68	0,8374
6	HTCMS707	2637,09	3841,81	0,8374
7	HTCMS699	2514,75	3895,28	0,7795
8	2E530	2526,21	3742,65	0,8339
9	3H842	2269,27	3911,59	0,6668
10	HTCMS717	2486,80	3662,32	0,8459
11	HTCMS795	2430,89	3635,26	0,8375
12	HTCMS781	2372,91	3577,89	0,8373
13	HI(771xHTMV1)	2086,41	3725,44	0,6685
14	Sint 10699	2296,49	3503,79	0,8366
15	AL2013	2065,57	3704,28	0,6687
16	AL Avaré	2225,88	3429,41	0,8377
17	BRS3046	2007,89	3647,24	0,6683
18	Sint10771- BRS4107	1997,49	3636,48	0,6685
19	PC0904	1992,29	3631,95	0,6682
20	HI(707xHTMV1)	1956,43	3596,78	0,6678
...				
78	BRS 4103	1204,35	2412,50	0,8363

Todos os valores da acurácia estão situados nas classes de moderada ($0,50 \leq r_{aa} < 0,70$) a alta ($0,70 \leq r_{aa} < 0,90$) inferindo que o processo de seleção foi efetivo, uma vez que todos os genótipos apresentaram valores para acurácia maior ou igual 0,57. Segundo Resende e Duarte (2007b), os valores de acurácia em ensaios de VCU

devem ficar acima de 0,70 ou 70%. Os 20 primeiros genótipos selecionados encontram-se próximo ou superior aos valores recomendados.

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

4 CONCLUSÕES

O programa de melhoramento de milho da Embrapa Acre, foi eficiente na seleção de cultivares estáveis e produtivas.

A metodologia de modelos mistos foi eficiente na avaliação dos ensaios de valor de cultivo e uso, auxiliando na seleção de cultivares em cada ano agrícola.

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

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

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

REFERÊNCIAS

ANDRADE, L. C.; MENEZES, C. B.; SILVA, K. J.; SANTOS, C. V. dos; EMYGDIO, B. M.; TARDIN, F. D. Avaliação de produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípica de sorgo granífero em três ambientes. **Revista Agropecuária Técnica**, Paraíba, v. 37, n. 1, p. 36-43, dez. 2016.

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

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

CATI – DSMM. **Evolução das cultivares de milho variedades “AL” produzidos pela CATI**. 2010. Disponível em: < http://www.infobibos.com/Artigos/2010_4/MilhoCati/Index.htm>. Acesso em: 09/12/2019.

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

CRUZ C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, 1994. 390 p.

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

GUIMARÃES, P. E. de O.; PARENTONI, S. N.; MEIRELLES, W. F.; PACHECO, C. A. P.; SILVA, A. R. da; GUIMARÃES, L. J. M.; CARDOSO, M. J.; ROCHA, L. M. P. da; COSTA, R. V. da; OLIVEIRA, J. S. e; COTA, L. V.; CARVALHO, H. W. L.; GODINHO, V. de P. C.; CECCON, G.; MACHADO, A. T.; BASTOS, E. A.; VILARINHO, A. A.; SOUZA, F. R. S. de; DIAS, W. P.; EMYGDIO, B. M.; GARCIA, J. C.; WRUCK, F. J.; CASELA, C. R. **BRS 1055 – híbridos simples de milho**. Sete Lagoas, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2009. 9 p. (Comunicado Técnico, 176).

HANASHIRO, R. K.; MINGOTTE, F. L. C.; FORNASIERI FILHO, D. Desempenho fenológico, morfológico e agrônômico de cultivares de milho em Jaboticabal-SP. **Científica**, Jaboticabal, v. 41, n. 2, p. 226-234, online, 2013.

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

LUCIUS, A. S.; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.; VERISSIMO, M. A. A. Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via REML/BLUP. **Semina: Ciências Agrárias, Londrina**, v. 35, n. 1, p. 101-112, jan./fev. 2014.

MACHADO, J. R. de A.; GUIMARÃES, L. J. M.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; MEIRELLES, W. F.; PARENTONI, S. N.; SILVA, A. R.; EMYGDIO, B. M.; TEIXEIRA, M. C. C. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho para região subtropical via modelos mistos**. Sete Lagoas, MG: Embrapa milho e sorgo, 2010. 23 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento).

MARIZ, B. L.; GUIMARÃES, L. J. M.; SILVA, K. J. da; MEIRELLES, W. F.; TARDIN, F. D.; MACHADO, A. T.; MARTINS, D. C. **Desempenho de cultivares de milho de baixo custo de sementes na safrinha 2016**. In: XIV SEMINÁRIO NACIONAL MILHO SAFRINHA, 14, 2017, Cuiabá.

MENDES, F. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; SOUZA, J. C.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; MACHADO, J. R. de A.; MEIRELLES, W. F.; SILVA, A. R. da; PARENTONI, S. N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 12, n. 1, p.111-117, jan./mar. 2012.

MORETO, A. L.; NEUBERT, E. de O.; PERUCH, L. A. M.; POLA, A. C.; LORENZI, E. F. P. de; NUNES, E. C. Desempenho de genótipos de mandioca via metodologia de modelos mistos em Santa Catarina, Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, Recife, PE, v. 40, n. 4, p. 830-838, jul. 2017.

NOLASCO, A. A. R.; ALVES, E. N. T. D.; COSTA, R. V. da; COTA, L. V.; SILVA, D. D. da. 12039 - Recomendações de híbridos resistentes à ocorrência de grãos ardidos em milho como alternativa ao uso de produtos químicos. **Caderno de Agroecologia**, Pernambuco, v. 6, n. 2, p. 1-5; dez. 2011.

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

OLIVEIRA, I. J.; FONTES, J. R. A.; BARRETO, J. F. **BRS 1055 – Híbrido simples de milho para o Amazonas**. Manaus, AM: Embrapa Amazônia Ocidental, 2017b. 4 p. (Comunicado Técnico, 126).

PASSOS, A. M. A. dos; BOTELHO, F. J. E.; GODINHO, V. de P. C.; AKER, A. M.; QUINTINO, S. M. Desempenho agrônomico e econômico de genótipos de milho em safrinha tardia na região sudoeste da Amazônia. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v. 15, n. 28, p. 376-389, dez, 2018.

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

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

RESENDE, M. D. V. Melhoramento de espécies perenes. In: Nass, L. L.; Valois, A. C. C.; Melo, I. S. M.; Valadares-Inglis, M. C. (eds.). **Recursos genéticos & Melhoramento-Plantas**. Fundação MT. 2001. Cap. p. 357-421.

RESENDE, M. D. V. de. Seleção genômica Ampla (GWS) e modelos lineares mistos. In: RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos**. Colombo: Embrapa Florestas, p. 517-533, 2007a. 362p.

RESENDE, M. D. V. de. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamento 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.; 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. 2007b.

SANTOS, V. B. dos. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos**. 2009. 153 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais, 2009.

SANTOS, W. J. dos; NASCIMENTO, M. M. do; SILVA, L. A. **Caracterização morfofisiológica de 36 híbridos de milho em Rio Branco Acre**. In: XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 31, 2016, Bento Gonçalves – RS.

SILVA, F. A. M. da. **REML/BLUP para predição de valores genotípicos de topcrosses e seleção de testadores em milho**. 2016. 57 p. Dissertação (mestrado em agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. São Paulo, 2016.

SILVA NETO, A. A. da; MELO, T. S.; MAKINO, P. A.; LUZ, R. A. da; GUIMARÃES, L. J. M.; CECCON, G. **Produtividade de variedades de milho safrinha na região de dourados – MS**. In: XIV SEMINÁRIO NACIONAL MILHO SAFRINHA, 14, 2017, Cuiabá.

SOARES, A. A.; SANTOS, V. B.; RESENDE, M. D. V. de; REIS, M. de S.; CORNELIO, V. M. de O.; LEITE, N. A.; SOARES, P. C. Avaliação genotípica de linhagens testadas nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de arroz de terras altas, utilizando modelo misto. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO, 6., 2009, Porto Alegre. **Estresses e sustentabilidade: desafios para a lavoura arrozeira**. Porto Alegre: Sosbai, 2009.

VALENTINI, L.; FERREIRA, J. M.; SHIMOYA, A.; COSTA, C. C. da S.; GOMES, J. M. R. Comportamento produtivo de cultivares de milho no norte fluminense e em outros ambientes. **Informação tecnológica**, Niterói, RJ, online, n. 70, set. 2016.

VALENTINI, L.; SHIMOYA, A.; FERREIRA, J. M.; COSTA, C. C. da S. Rendimento de grãos de variedades de milho avaliadas em Campos dos Goytacazes – RJ e em outros ambientes. **Informação tecnológica**, Niterói, RJ, online, n. 70, nov. 2015.

VIANA, J. M. S.; ALMEIDA, I. F. de; RESENDE, M. D. V.; FARIA, V. R.; SILVA, F. F. BLUP for genetic evaluation of plants in non-inbred families of anual crops. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, n. 1, p. 31-39, july. 2010.

4 CAPÍTULO II

**PROGRESSO GENÉTICO DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE
VARIEDADES DE MILHO DA EMBRAPA NO ACRE**

RESUMO

O progresso genético refere-se aos avanços observados nas características de interesse durante um ciclo de seleção. Assim, uma das atribuições dos melhoristas é promover alterações e avaliar as características de importância dentro de um programa de melhoramento. Dessa forma, todo programa de melhoramento deve ser periodicamente avaliado estimando-se os ganhos genéticos e quantificando a eficiência das melhorias obtidas durante um determinado período de avaliação. Esta metodologia pode ser aplicada para estimar os avanços tecnológicos dos genótipos ao longo dos anos. O trabalho tem como objetivo estimar o progresso genético e quantificar a eficiência do programa de melhoramento de milho (*Zea mays* L.) conduzido pela Embrapa Acre no período de quatro anos. Os ensaios foram conduzidos no campo experimental da Embrapa Acre. O delineamento estatístico utilizado foi em látice retangular 5x6 com duas repetições. Foram utilizados os dados de produtividade de grãos dos genótipos utilizados no ensaio nacional de milho da Embrapa Milho e Sorgo, nos anos de 2013-2014; 2014-2015; 2015-2016; 2017-2018. Considerou-se o fato de que, de um ano para o imediatamente seguinte, uns tantos tratamentos foram mantidos e outros substituídos por materiais novos. Para estimação do progresso genético foram consideradas o número e média de genótipos incluídos, mantidos e excluídos em cada ano. Foi determinado a porcentagem de renovação (%R) e o balanço do ganho genético e ambiental nos quatro anos de avaliação. Para realização das análises, foi utilizado o programa Genes. Verifica-se que o programa de melhoramento está sendo capaz de promover renovação de 50% no ano dois, 25% no ano três e 62,8% no ano quatro, indicando dinamismo no programa de melhoramento. Verifica-se nos anos intermediários que a taxa de inclusão é maior que a de exclusão no ano dois e se iguala no ano três, dando indicativo da contribuição do programa de melhoramento em liberar novas variedades. A condução do programa de melhoramento de milho da Embrapa Acre entre 2013 a 2018 foi eficiente na seleção e eliminação de genótipos superiores e inferiores, para rendimento de grãos, podendo ser ajustadas estratégias para obtenção de uma maior eficiência no programa de melhoramento.

Palavras chaves: *Zea mays* L, ganho de seleção, método original

ABSTRACT

Genetic progress refers to the advances observed in the traits of interest during a selection cycle. Thus, one of the breeder's duties is to promote changes and evaluate the characteristics of importance within an improvement program. Thus, any breeding program must be periodically evaluated by estimating genetic gains and quantifying the efficiency of improvements obtained during a given evaluation period. This methodology can be applied to estimate the technological advances of genotypes over the years. The work aims to estimate genetic progress and quantify the efficiency of the maize (*Zea mays* L.) breeding program conducted by Embrapa Acre over a four-year period. The tests were conducted in the Embrapa Acre experimental field. The statistical design used was in a 5x6 rectangular lattice with two replications. The grain yield data of the genotypes used in the national corn test of Embrapa Milho e Sorgo, in the years 2013-2014 were used; 2014-2015; 2015-2016; 2017-2018. It was considered that, from one year to the next, some treatments were maintained and others replaced with new materials. To estimate genetic progress, the number and average of genotypes included, maintained and excluded in each year were considered. The percentage of renewal (%R) and the balance of genetic and environmental gain in the four years of evaluation were determined. To perform the analyzes, the Genes program was used. It appears that the improvement program is capable of promoting renewal of 50% in year two, 25% in year three and 62.8% in year four, indicating dynamism in the improvement program. In the intervening years, the inclusion rate is higher than the exclusion rate in year two and is equal in year three, giving an indication of the improvement program's contribution to releasing new varieties. Conducting the Embrapa Acre maize breeding program between 2013 and 2018 was efficient in the selection and elimination of upper and lower genotypes, for grain yield, and strategies can be adjusted to obtain greater efficiency in the breeding program.

Key words: *Zea mays* L, Selection gain, Original method

1 INTRODUÇÃO

O milho encontra-se entre as culturas mais estudadas e pesquisadas no meio agrícola. No Brasil a dinâmica do processo inovativo para o melhoramento do cereal é realizada por empresas públicas, privadas, universidades e grandes empresas multinacionais (FUNK, 2005). Os cultivos dessa espécie no Brasil são realizados em praticamente todos os Estados.

Com o intuito de melhorar características agronômicas como problemas de baixa produtividade e questões de adaptabilidade e estabilidade, a empresa de pesquisa Embrapa Acre, com apoio da Embrapa Milho e Sorgo buscam por meio de programas de melhoramento a introdução de materiais genético e o melhoramento de populações baseados em avaliações de ensaios de valor de cultivo e uso - VCU.

Devido ao grande investimento e esforço gerado todo programa de melhoramento genético deve, periodicamente, ser submetido a uma análise crítica sobre as técnicas de seleção adotadas, buscando metodologias que possam melhorar a sua eficiência e desempenho.

O dinamismo presente no melhoramento durante um determinado período é medido pelo número de genótipos que são produzidos e incluídos em ensaios de competição. Os que são mantidos por apresentarem superioridade e os que são excluídos por serem gradativamente superados (CRUZ et al., 2003). Assim, todo programa de melhoramento deve ser periodicamente avaliado, estimando-se os ganhos genéticos e quantificando a eficiência das melhorias obtidas durante um determinado período de avaliação.

A quantificação do sucesso e as decisões adotadas dentro de um ciclo de seleção em um programa de melhoramento pode ser estimada por meio do progresso genético. Vencovsky et al. (1986), desenvolveram um método que quantificou o progresso genético de 20 anos do melhoramento de milho no Brasil. Por este método, calcula-se a diferença entre as produções de genótipos de um determinado ano e as do ano imediatamente anterior (SANTOS 2009). 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). O método foi usado por outros programas de melhoramento como arroz (BRESEGHELLO et al., 1999) e algodão (MORESCO, 2003) e sofreu diversas modificações e adaptações (FERNANDES, 1988;

BRESEGHELLO et al., 1999; MORESCO, 2003) entre outros. Cruz (2006) descreveu o método de forma matricial simplificando sua utilização no software Genes.

Esta metodologia pode ser aplicada para estimar os avanços tecnológicos dos genótipos ao longo dos anos em vários ciclos de seleção (CRUZ, 2003). Costa et al. (1999), avaliaram período de 1985/86 a 1993/94 dos ensaios de milho em Rio Branco. Os autores evidenciaram progresso genético médio anual de 1,78% e ambiental de -4,52%.

O trabalho teve como objetivo estimar o progresso genético e quantificar a eficiência do programa de melhoramento de milho (*Zea mays* L.) conduzido pela Embrapa Acre no período de quatro anos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos no campo Experimental da Embrapa Acre, localizado no município de Rio Branco-AC, situado em uma área de Latossolo Vermelho-amarelo com latitude 10°01'24" S e longitude 67°42'27" W e altitude de 178 m. O clima predominante da região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Aw (quente e úmido, com um período seco anual de três meses), com temperatura média das máximas de 30,9 °C e mínima de 20,8 °C, precipitação anual de 1700 mm e umidade relativa do ar em torno de 83% (AGRITEMPO, 2016).

2.1 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS

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

Com base nos resultados da análise de solo realizou-se adubação de 300 kg ha⁻¹ do formulado N-P-K 10-30-10 e a adubação de cobertura foi realizada no estágio V4 com 200 kg ha⁻¹ do formulado 20-00-20 e uma segunda parcela de cobertura no estágio V6 com 300 kg ha⁻¹ de sulfato de amônia.

Os tratos culturais consistiram de capina manual para o controle de ervas daninhas, sendo uma próxima ao estágio V4 e a segunda por ocasião do estágio V7. Quando necessário também foi realizada uma aplicação de inseticida para controle da lagarta do cartucho utilizando o inseticida Lanate na dose de 1L ha⁻¹.

Foram utilizados os dados de produtividade de grãos dos genótipos utilizados no ensaio nacional de milho da Embrapa Milho e Sorgo, nos anos de 2013-2014 (plantio em 23/11/2013 e colheita em 21/03/2014); 2014-2015 (plantio em 17/12/2014 e colheita em 17/04/2015); 2015-2016 (plantio em 16/12/2015 e colheita em 18/05/2016); 2017-2018 (plantio em 07/12/2017 e colheita em 27/03/2018) (Tabela 1). Totalizando 78 genótipos nos quatro anos.

Tabela 1 – Genótipos de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, referentes a quatro anos (2013/2014; 2014/2015; 2015/2016; 2017/2018), Rio Branco, Acre, 2020

Genótipos			
HTCMS-SP1	HTCms15672	Sint 10781	UFVM200(HS) C1
BRS 1055	AL2010	Guepa	Sint 10723
HTCMS 771	VLS BS 42C60	Sint Super-Precoce 1	Capo
HTMV-1	HIV0908	MC60	BR 106
HTCMS 697	SintPF 7021	BR2121QPM	MG053xHA
HTCMS 707	HTCms-CAPO	UFVM 100(HS)C1	MC 21
HTCMS 699	Sint 10697	SintPF 104	AL2014
2 E530	98CV02	MC 6028	BR5037-
3H842	Sint 10717	HIV 473451	Cruzeta-G19
HTCMS 717	AL Paraguaçu	AL2015	BRS 4104 -
HTCMS795	HDS NE 4x3 (2K1265)	BRS 4104 - Sint. Pro	Sint Pro Vit A
HTCMS781	HIV 2564260	MC 50	Caatingueiro
HI(771xHTMV1)	Potiguar-G13	Eldorado	Sint 10731
Sint 10699	HSmsxHTMV1	MS003xHB	SintPF 7031
AL2013	MC 20	SintPF 7008	VCREJ 201
AL Avaré	Sint 10795-BRS4105	AL2012	Sintetico 256 L
BRS 3046	Sint. Mult. TL	Sint 10707	BRS Gorutuba
Sint10771-	Sintetico 1X	Sint 10805	Sint 10783
BRS4107			BRS Caimbé
PC0904	Sint 10771	PC0905	BRS 4103
HI(707xHTMV1)	Sint 10795	Sintético RxS Spod	

A variável rendimento foi determinado a partir da pesagem de todos os grãos obtidos na área útil após a secagem, trilha e limpeza de todas as plantas. O peso originalmente obtido foi submetido a correção de umidade para 13% de acordo com a expressão:

$$P = \frac{Pc \cdot (100 - U_0)}{100}$$

87

Em que:

P: peso corrigido

Pc: peso de campo

U₀: umidade dos grãos após colheita

- Peso de Grãos debulhados da parcela, em g

- Umidade dos grãos na ocasião da colheita

Considerou-se o fato de que, de um ano para o imediatamente seguinte, alguns tratamentos foram mantidos e outros substituídos por materiais novos. Por hipótese os novos tratamentos deveriam ser iguais ou superiores aos que se excluíram dos ensaios, porém no caso de variedades o interesse maior está no conhecimento de seu comportamento.

Para estimação do progresso genético e tecnológico, utilizou-se a metodologia proposta por Vencovsky et al. (1986) baseada em quadrado mínimo ponderado que permite calcular as estimativas do progresso médio, da variância e do erro da média a partir dos dados de um conjunto de genótipos avaliados em um determinado período de tempo, foram considerados:

- Número e média de genótipos incluídos em cada ano;

$$I_i = n_{ii} - n_{i,i-1}$$

n_{ii} : número de genótipos avaliados no ano i ;

$n_{ij} = n_{ji}$: número de genótipos avaliados nos anos i e j

- Número e média de genótipos mantidos em cada ano;

M : número de genótipos mantidos para avaliação no ano posterior

$$M_i = n_{ij+1}$$

Para o último ano ($i = a$) tem-se:

$$M_a = n_{aa}$$

- Número e média de genótipos excluídos em cada ano;

E : número de genótipos excluídos da avaliação no ano posterior

$$E_i = n_{ii} - n_{i,j+1}$$

Para o último ano ($i = a$) tem-se:

$$E_a = 0$$

- T = número de genótipos avaliados no ano.

$$T_i = n_{ii}$$

A partir dos valores especificados anteriormente foram estimados os seguintes percentuais:

$$\%M = \frac{100M}{M + E + I}$$

$$\%E = \frac{100E}{M + E + I}$$

$$\%I = \frac{100I}{M + E + I}$$

A porcentagem de renovação (%R), que expressa a taxa de genótipos novos entre aqueles que estão sendo testados em um determinado ano, foi dada por:

$$\%R = \frac{100 I}{M + I}$$

Foram consideradas:

MI: média dos genótipos novos (renovados) em relação ao ano anterior. Para o primeiro ano esta média é nula ($MI_a = 0$).

MM: média dos genótipos mantidos para avaliação no ano posterior.

ME: média dos genótipos excluídos da avaliação no ano posterior. Para o último ano esta média é nula ($ME_a = 0$).

MT: média de todos os genótipos avaliados no ano.

O balanço do ganho genético e ambiental foram realizados por meio dos seguintes valores percentuais:

$$\%Ganho\ genético = \frac{100\mu DG}{\mu DG + \mu EA}$$

$$\%Ganho\ ambiental = \frac{100\mu EA}{\mu DG + \mu EA}$$

As estimativas dos ganhos genéticos (DG) são obtidas mediante a diferença bruta (DB) e o efeito ambiental (EA), ou seja, a diferença entre as médias obtidas em relação a todos os cultivares do ano i (ano analisado) em relação ao ano j (ano anterior), menos a diferença entre as médias obtidas em relação aos cultivares comuns do ano i em relação ao ano j.

Para se verificar a ocorrência de interações genótipos x ambientes foi realizada uma análise de variância conjunta. Assim, este procedimento é complementar ao da análise de variância individual e conjunta de dados experimentais resultantes de ensaios realizados em uma série de ambientes ou diferentes anos.

Para realização das análises, foi utilizado o programa Genes (CRUZ, 2006).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O número de variedades por ensaio, a taxa de variedades incluídas, excluídas, mantidas e renovadas em quatro anos consecutivos estão apresentados na Tabela 2. A taxa de substituição que mede o dinamismo dos programas de melhoramento em relação ao ano anterior, supõe que novos materiais incluídos nos ensaios sejam agronomicamente superiores aos antigos (CRUZ et al., 2003). Nos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), os genótipos inferiores são excluídos para que novos materiais sejam inseridos em um determinado ano, contribuindo para o dinamismo dentro do programa de melhoramento.

Tabela 2 – Dinamismo do programa de melhoramento de milho, fornecendo a taxa de genótipos incluídos, excluídos, mantidos e renovados no período de quatro anos, Rio Branco, AC, 2020

Ano	I	M	E	%M	%I	%E	%R
1	0	18	12	0	0	0	0
2	18	27	9	37.5	37.5	25.0	50
3	9	13	23	60.0	20	20.0	25
4	22	35	0	22.4	37,9	39.7	62.8

I: número de genótipos novos em relação ao ano anterior

M: número de genótipos mantidos para avaliação no ano posterior

E: número de genótipos excluídos da avaliação no ano posterior

R: taxa de genótipos novos criados pelo programa de melhoramento em relação ao ano anterior

Verifica-se que o programa de melhoramento está sendo capaz de promover renovação de 50% no ano dois, 25% no ano três e 62,8% no ano quatro, indicando dinamismo no programa de melhoramento. Também se verifica nos anos intermediários que a taxa de inclusão é maior que a de exclusão no ano dois e se iguala no ano três, dando indicativo da contribuição do programa de melhoramento em liberar novos genótipos como opção de cultivo para o agricultor. A médio prazo, espera-se que sejam inseridos genótipos mais adaptados e produtivos no programa de melhoramento, substituindo os com características agronomicamente inferiores.

A taxa de renovação de tratamentos nos ensaios, de certo modo, reflete a eficiência do programa de melhoramento. Uma taxa média de 50% e 25% nos anos

intermediários, então, sugere uma atividade moderada dentro do programa de melhoramento, embora inferior a verificada por Vencovsky et al. (1986), estimada em 61% para milho. A taxa de manutenção nos anos intermediários de 37,7% no ano dois e 60% no ano três, serve como fonte na avaliação do efeito ambiental, garantindo maior confiabilidade na estimativa dos ganhos genéticos reduzindo o erro experimental (Tabela 2). Dessa forma os genótipos testados apresentaram bom desempenho nos quatro anos de estudo, aumentando as opções de genótipos de milho para os produtores do Estado do Acre.

Deve-se ressaltar que do primeiro para o segundo ano de avaliação parte dos genótipos foram substituídas com taxa de inclusão de 37,5% (TABELA 2). Dessa forma, os híbridos top-crosses foram inseridos no programa a partir do segundo ano, sendo que estes são mais utilizados para se testar a capacidade combinatória das linhagens, além de apresentar na sua maioria médias superiores às variedades.

Do segundo para o terceiro ano a taxa de manutenção foi de 60%, logo se pressupõe pelo método de Vencovsky et al. (1986), que quanto maior for o número de genótipos comuns entre os anos, mais eficiente torna-se a correção do efeito do ano por esta metodologia, assim se não houver renovação, logo não haveria progresso genético. De acordo com Oliveira et al (2012), os híbridos, em média, apresentam níveis de rendimento superiores as variedades tornando os avanços no melhoramento mais difíceis. No presente trabalho a superioridade produtiva dos híbridos em relação as variedades foram confirmadas.

A estimação do progresso genético pelo método original em programas de melhoramento vem sendo aplicada em diversas culturas como soja, milho, feijão, algodão e outras, fornecendo informações importantes sobre o ganho genético em anos consecutivos (BARILI et al., 2016; MORESCO, 2003; ROGERS et al., 2015; STORCK et al., 2005; TODESCHINI et al., 2019;).

O balanço do ganho genético e ambiental referente às variações no rendimento de grãos (kg ha^{-1}) encontram-se na Tabela 3. Dessa forma, no programa de melhoramento em avaliação, os genótipos contribuíram para melhoria da produtividade, porém as alterações ambientais de um ano para o ano

consecutivo apresentaram efeito ambiental negativos, devendo-se a fatores ligados ao solo e principalmente as condições climáticas.

Tabela 3 – Balanço do ganho genético e ambiental do programa de melhoramento nas quatro safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

Anos	Ganho genético (DG)	Efeito ambiental (DA)
2° e 1°	355,47	105,18
3° e 2°	97,88	173,39
4° e 3°	403,66	-12338,44
Ganho médio anual	201,108	-73,948
Ganho médio anual (%)	7,78	-2,86
Produtividade média kg ha ⁻¹	2585,044	

O ganho genético de 7,78% indica que os trabalhos de melhoramento de milho no Acre apresentam resultados iniciais satisfatórios nos quatro anos, porém esse valor considerado elevado pode ser questionável, em virtude de os experimentos terem sido instalados em apenas um ambiente e em quatro anos, haja vista que a metodologia funciona adequadamente para um grande volume de dados. Dessa forma, recomenda-se novos estudos e a continuação do programa de melhoramento de milho realizado pela Embrapa Acre, a fim de se obter estimativas mais seguras em diferentes locais e anos.

A metodologia apresentou resultados satisfatórios como relatado por Vencovsky et al (1986), no Brasil, em ensaios realizados em vários ambientes e em 20 anos de melhoramento com ganho de 2.0% para cultura do milho. No Acre do período de 1985-1993 Costa et al. (1999), obtiveram um ganho geral médio de 1,78% indicando que os trabalhos de melhoramento de milho nos nove anos de estudo apresentaram resultados promissores. No presente trabalho verificou-se uma produtividade média de 2585,044 kg ha⁻¹ próxima às obtidas no Estado na safra 2018-2019 de 2,042 kg ha⁻¹ indicando que o programa de melhoramento está sendo eficiente em selecionar genótipos superiores para região (CONAB, 2019).

O progresso genético em qualquer espécie está associado à existência de variabilidade genética. O milho por se tratar de uma planta de polinização aberta apresenta alto grau de variabilidade genética para ser explorado pelos melhoristas o

que resulta em métodos eficientes de melhoramento e controle da variação ambiental (TOLEDO et al., 1990). Confirmando a presença de variabilidade genética, a seleção assume importante papel na estimativa do progresso genético (REIS et al., 2004).

Além dos genótipos avaliados apresentarem um ganho genético elevado, a falta de interação entre tratamento e ano que não foi verificada no trabalho, pode ser justificada pelo número de tratamentos mantidos de um ano para o imediatamente seguinte, pois a taxa elevada de manutenção leva a uma maior segurança na estimação do progresso pela redução do erro experimental e pelas interações de tratamento com anos (APÊNDICE B). De acordo com Moresco, (2003) quanto maior o número de tratamentos comuns de um ano para o imediatamente seguinte, melhor será a estimativa do efeito ambiental, sendo este um pré-requisito relevante para se estimar o ganho genético na metodologia proposta por Vencovsky et al. (1986).

Assim, apesar da produtividade ser uma das principais características no melhoramento de milho, as prioridades em um programa de melhoramento em populações visam, principalmente elevar a produção tanto em condições ótimas quanto em condições de stress, extraindo linhagens superiores para alimentar os programas de híbridos. Dentre as linhas de pesquisa, podem ser destacados dentro dos programas de melhoramento as características com adaptação a solos ácidos e solos encharcados, eficiência na utilização de nutrientes (N e P), sincronização de florescimento masculino e feminino, altas densidades de plantio, qualidade do grão e tolerância a pragas e doenças (LOPES et al., 1995).

Deve-se ressaltar que o ideal seria que se tivesse instalado um conjunto de ensaios por um período maior de anos para se obter um resultado mais abrangentes das principais variedades testadas pela Embrapa Milho e Sorgo, contudo os ensaios de VCU são mantidos pela Embrapa Acre, mas requerem um alto investimento de recursos, sendo recomendado como uma alternativa uma parceria público-privada.

4 CONCLUSÕES

O programa de ensaios de VCU de variedades de milho coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo apresentou um progresso genético.

O ganho genético indicou que o melhoramento de milho da Embrapa no Acre tem conseguido aumentar a produtividade, embora também permitam inferir que índices de progresso superiores aos obtidos deverão ser atingidos através da análise das várias etapas do melhoramento.

A condução do programa de melhoramento de milho da Embrapa Acre entre 2013 a 2018 foi eficiente na seleção de genótipos superiores e eliminação de genótipos inferiores, para rendimento de grãos.

REFERÊNCIAS

- BARILI, L. D.; VALE, N. M. do; CARNEIRO, J. E. de S.; SILVA, F. F.; SILVA, F. L. da. Five decades of black common bean genetic breeding in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 46, n. 3, p. 259-266, Jul./Sep. 2016.
- BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. de; Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropécuaría Brasileira**, Brasília, DF, v. 34, n. 3, p. 399-407, mar. 1999.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra 2018/2019: 3º levantamento de dezembro de 2019**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>>. Acesso em: 03 março 2019.
- COSTA, J. G. da; CRUZ, C. D.; SCAPIM, C. A.; BRACCINI, A. de L e. Progresso genético e efeito ambiental na cultura do milho no Estado do Acre. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 46, n. 267, p. 513-522, set./out. 1999.
- CRUZ, C. D. **Programa genes biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 2. Viçosa, MG: Editora UFV, 2003. 585p.
- 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, 1988.
- FUCK, M. P. **Funções Públicas e arranjos institucionais: o papel da Embrapa na organização da pesquisa de soja e milho híbrido no Brasil**. 2005. 121 f. Dissertação (Mestrado em Política Científica e Tecnológica) - Universidade Estadual de Campinas (Unicamp). Campinas, 2005.
- LOPES, M. A.; SANTOS, M. X. dos; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. de O.; GAMA, E. E. G.; SILVA, A. E. da; CORRÊA, L. A.; PACHECO, C. A. P.; MAGNAVACA, R. Programa de melhoramento de milho do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo CNPMS/EMBRAPA/BRASIL. In: III Reunion Sudamericana de Coordinadores de Maiz, 3, 1995, Colômbia, **Anais...** Cali: Centro Nacional de Agricultura Tropical, 1995, p. 1-47.
- MORESCO, E. R. **Progresso genético no melhoramento do algodoeiro no Estado de Mato Grosso**. 2003. 76 f. Tese (doutorado em agronomia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. São Paulo, 2003.
- OLIVEIRA, G. H. F. de; OLIVEIRA JÚNIOR, E. A. de; ARNHOLD, E. Comparação de tipos de cultivares de milho quanto ao rendimento de grãos. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 25, n. 2, p. 29-34, mar./jun. 2012.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 685-692, set./dez. 2004.

ROGERS, J.; CHEN, P.; SHI, A.; ZHANG, B.; SCABOO, A.; SMITH, F.; ZENG, A. Agronomic performance and genetic progress of selected historical soybean varieties in the southern USA. **Plant Breeding**, v. 134, n. 1, p.85-93, dec. 2015.

SANTOS, V. B. dos. **Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas via metodologia de modelos mistos**. 2009. 153 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais, 2009.

STORCK, L.; BESOGNIN, D. A.; CARGNELUTTI FILHO, A. Ganho genético decorrente da substituição anual de cultivares de milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 40, n. 9, p. 881-886, set. 2005.

TODESCHINI, M. H.; MILIOLI, A. S.; ROSA, A. C.; DALLACORTE, L. V.; PANHO, M. C.; MARCHESE, J. A.; BENIN, G. Soybean genetic progress in South Brazil: physiological, phenological and agronomic traits. **Euphytica**, Wageningen, v. 215, n. 7, p. 215-124, jul. 2019.

TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A. de; KIHIL, R. A. de S.; MENOSSO, O. G. Ganho genético em soja no estado do paran , via melhoramento. **Pesquisa agropecu ria brasileira**, Bras lia, DF, v. 25, n. 1, p.89-94, jan. 1990.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A. R.; GARCIA, J. C.; TEXEIRA, N. M. Progresso gen tico 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.

5 CONSIDERAÇÕES GERAIS

No Estado do Acre, o produtor de milho ainda carece de material com ampla capacidade de adaptação ambiental, demonstrando a importância da continuação do programa de melhoramento realizados pela Embrapa Acre para cultura do milho.

A metodologia de modelos mistos é de fácil aplicação e foi eficiente em discriminar os genótipos superiores nos ensaios de valor de cultivo e uso, podendo, portanto, ser adotada em novas análises estatístico-genéticas futuras, a fim de se obter resultados mais acurados.

O trabalho foi eficiente em estimar o ganho genético, conhecendo a eficiência inicial do programa de melhoramento de milho conduzido pela Embrapa Acre. Neste sentido essa estimativa deve ser utilizada com cautela e tomada apenas como valor inicial. Dessa forma, recomenda-se a continuação do programa de melhoramento e novos estudos, com mais anos e locais.

APÊNDICES

APÊNDICE A– Análise de deviance (ANADEV) para produtividade, em genótipos de milho em Rio Branco-AC, em diferentes anos, Rio Branco, AC, 2020

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

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

APÊNDICE B– Resumo da análise de variância de 78 genótipos de milho, cultivado em Rio Branco-AC, em diferentes anos, Rio Branco, AC, 2020

Fonte de Variação	GL	QM	Fc
Bloco (Ano)	3	2702666,083	3,986**
Genótipo	12	3020633,776	4,454**
Ano	2	1218865,169	1,797 ^{ns}
Genótipo x Ano	24	898791,997	1,325 ^{ns}
Erro	36	678110,655	
CV (%)	31,04		

ns não significativo, *, ** significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste f.

ANEXOS

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

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

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

(Continuando)

Ordem	Genótipos	Produtividade (kg ha ⁻¹)				
		G	u+g	Ganho	Nova média	u+g+gem
27	Sint 10697	142,897	2677,931	453,188	2988,222	2688,587
28	98CV02	139,157	2674,192	441,972	2977,006	2684,569
29	Sint 10717	131,948	2666,982	431,282	2966,316	2676,822
30	AL Paraguaçu	112,468	2647,503	420,655	2955,689	2655,889
31	HDS NE 4x3 (2K1265)	87,828	2622,862	409,918	2944,952	2629,412
32	HIV 2564260	63,619	2598,654	399,097	2934,131	2603,398
33	Potiguar-G13	61,195	2596,229	388,857	2923,891	2600,792
34	HSmsxHTMV1	56,893	2591,927	379,093	2914,128	2596,170
35	MC 20	42,345	2577,379	369,472	2904,506	2580,536
36	Sint 10795- BRS4105	35,847	2570,881	360,205	2895,239	2573,554
37	Sint. Mult. TL	27,481	2562,515	351,212	2886,246	2564,564
38	Sintetico 1X	-17,203	2517,831	341,517	2876,551	2516,548
39	Sint 10771	-28,431	2506,603	332,031	2867,065	2504,483
40	Sint 10795	-32,473	2502,561	322,919	2857,953	2500,139
41	Sint 10781	-42,265	2492,770	314,012	2849,046	2489,618
42	Guepa	-56,114	2478,921	305,199	2840,233	2474,736
43	Sint Super- Precoce 1	-75,189	2459,846	296,353	2831,387	2454,239
44	MC60	-84,421	2450,613	287,699	2822,733	2444,318
45	BR2121QPM	-98,306	2436,729	279,121	2814,155	2429,398
46	UFVM 100(HS)C1	-114,600	2420,435	270,562	2805,596	2411,889
47	SintPF 104	-115,034	2420,001	262,358	2797,392	2411,422
48	MC 6028	-126,805	2408,229	254,250	2789,284	2398,773
49	HIV 473451	-132,485	2402,549	246,358	2781,392	2392,669

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

(Continua)

Ordem	Genótipos	Produtividade (kg ha ⁻¹)				
		G	u+g	Ganho	Nova média	u+g+gem
50	AL2015	-155,941	2379,093	238,312	2773,346	2367,464
51	BRS 4104 - Sint. Pro Vit A	-163,517	2371,518	230,433	2765,467	2359,324
52	MC 50	-176,475	2358,559	222,608	2757,642	2345,399
53	Eldorado	-192,628	2342,406	214,773	2749,807	2328,042
54	MS003xHB	-200,879	2334,155	207,076	2742,110	2319,176
55	SintPF 7008	-217,745	2317,289	199,352	2734,386	2301,052
56	AL2012	-251,154	2283,880	191,307	2726,341	2265,151
57	Sint 10707	-267,582	2267,452	183,256	2718,290	2247,498
58	Sint 10805	-277,431	2257,604	175,313	2710,347	2236,915
59	PC0905	-292,757	2242,277	167,380	2702,414	2220,446
60	Sintético RxS Spod	-301,926	2233,108	159,558	2694,592	2210,593
61	UFVM200(HS)C 1	-338,102	2196,932	151,400	2686,434	2171,719
62	Sint 10723	-375,037	2159,997	142,909	2677,943	2132,030
63	Capo	-402,443	2132,591	134,253	2669,287	2102,580
64	BR 106	-431,632	2103,402	125,411	2660,445	2071,215
65	MG053xHA	-458,162	2076,872	116,433	2651,467	2042,706
66	MC 21	-478,711	2056,323	107,415	2642,449	2020,625
67	AL2014	-494,441	2040,593	98,432	2633,466	2003,722
68	BR5037- Cruzeta-G19	-510,598	2024,436	89,476	2624,510	1986,360
69	BRS 4104 - Sint Pro Vit A	-537,125	1997,910	80,395	2615,429	1957,855
70	Caatingueiro	-544,303	1990,731	71,471	2606,505	1950,142
71	Sint 10731	-565,889	1969,145	62,494	2597,528	1926,946

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

(Conclusão)

Produtividade (kg ha ⁻¹)						
Ordem	Genótipos	G	u+g	Ganho	Nova média	u+g+gem
72	SintPF 7031	-571,056	1963,978	53,694	2588,728	1921,394
73	VCREJ 201	-572,647	1962,388	45,114	2580,148	1919,685
74	Sintetico 256 L	-588,110	1946,924	36,557	2571,591	1903,068
75	BRS Gorutuba	-656,126	1878,909	27,321	2562,356	1829,980
76	Sint 10783	-659,526	1875,508	18,284	2553,318	1826,326
77	BRS Caimbé	-662,968	1872,066	9,437	2544,471	1822,628
78	BRS 4103	726,613	1808,421	0,000	2535,034	1754,237

g: efeito dos genótipos; u+g: valores genotípicos preditos; u+g+gem: valores genotípicos médios nos vários ambientes/anos.

ANEXO B – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

Produtividade (kg ha ⁻¹) ano 2013/2014					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	BRS 1055	1101,468	3523,256	1101,468	3523,256
2	2E530	808,493	3230,280	954,981	3376,768
3	3H842	721,043	3142,831	877,001	3298,789
4	Sint 10699	497,135	2918,923	782,035	3203,822
5	AL2010	253,558	2675,346	676,340	3098,127
6	HIV0908	240,386	2662,173	603,681	3025,468
7	Guepa	130,665	2552,453	536,107	2957,894
8	HDS NE 4x3 (2K1265)	114,023	2535,810	483,346	2905,134
9	Sint 10717	66,473	2488,261	437,027	2858,815
10	Sint. Mult. TL	35,677	2457,465	396,892	2818,680
11	Sint 10697	29,810	2451,597	363,521	2785,309
12	Sint 10795	28,441	2450,228	335,598	2757,385

ANEXO B – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020
(Continuando)

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2013/2014					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
13	Capo	-97,643	2324,144	302,271	2724,059
14	Sint Super- Precoce 1	-116,454	2305,334	272,363	2694,150
15	Sint 10781	-181,149	2240,638	242,128	2663,916
16	BRS 4104 - Sint. Pro Vit A	-212,285	2209,502	213,728	2635,515
17	Sint 10771	-248,095	2173,692	186,561	2608,349
18	AL2012	-260,566	2161,221	161,721	2583,509
19	MS003xHB	-260,791	2160,997	139,484	2561,271
20	Sint 10805	-360,174	2061,614	114,501	2536,288
21	Sintético RxS Spod	-384,793	2036,994	90,725	2512,512
22	BR 106	-441,101	1980,687	66,551	2488,338
23	Sint 10723	-486,892	1934,896	42,488	2464,276
24	Sint 10707	-494,192	1927,596	20,127	2441,914
25	BRS Caimbé	-515,768	1906,020	-1,309	2420,478
26	Caatingueiro	-577,420	1844,367	-23,467	2398,320
27	MG053xHA	-594,809	1826,979	-44,628	2377,159
28	BRS Gorutuba	-613,639	1808,149	-64,950	2356,838
29	BRS 4103	-721,726	1700,062	-87,597	2334,190
30	Sint 10731	-734,665	1687,123	-109,166	2312,621

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2014/2015					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	HTCMS771	1156,385	3860,221	1156,385	3860,222
2	BRS 1055	1095,179	3799,016	1125,782	3829,619
3	HTCMS-SP1	1050,298	3754,134	1100,621	3804,458
4	HTCMS697	862,878	3566,715	1041,185	3745,022

ANEXO B – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

(Continuando)

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2014/2015					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
5	2E530	757,429	3461,266	984,434	3688,270
6	HTCMS707	749,920	3453,756	945,348	3649,185
7	HTCMS699	749,188	3453,024	917,325	3621,162
8	HTCMS717	646,386	3350,223	883,458	3587,295
9	HTCMS781	513,185	3217,022	842,316	3546,153
10	AL2013	454,241	3158,078	803,509	3507,346
11	AL Avaré	447,804	3151,641	771,172	3475,009
12	Sint 10697	358,428	3062,265	736,777	3440,614
13	Sint 10717	278,895	2982,731	701,555	3405,392
14	HTCMS795	278,147	2981,984	671,312	3375,149
15	Sint 10699	246,252	2950,089	642,974	3346,811
16	Sint 10781	194,794	2898,631	614,963	3318,800
17	Sint 10771	160,096	2863,933	588,206	3292,043
18	VLS BS 42C60	80,118	2711,849	555,973	3259,810
19	MC 20	-13,873	2689,964	525,981	3229,818
20	Sintetico 1X	-22,334	2681,503	498,565	3202,402
21	Sint Super-Precoce 1	-79,230	2624,607	471,051	3174,888
22	MC 6028	-157,256	2546,581	442,492	3146,329
23	Sint 10795	-212,086	2491,751	414,032	3117,869
24	MC 50	-214,848	2488,989	387,829	3091,666
25	Guepa	-259,628	2444,209	361,930	3065,767
26	Sint RxS Spod	-309,108	2394,729	336,121	3039,958
27	BR 106	-362,849	2340,988	310,234	3014,070
28	Sint 10707	-363,174	2340,663	286,183	2990,020
29	AL2014	-471,592	2232,245	260,053	2963,890
30	Capo	-546,584	2157,253	233,165	2937,002
31	BRS 4104 - Sint Pro Vit A	-697,321	2006,516	203,149	2906,986

ANEXO B – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

(Continuando)

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2014/2015					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
32	BRS Caimbé	-747,501	1956,336	173,442	2877,279
33	Sintetico 256 L	-788,474	1915,363	144,293	2848,130
34	BRS 4103	-792,870	1910,967	116,729	2820,566
35	BRS Gorutuba	-796,757	1907,080	90,629	2794,466
36	Sint 10783	-856,229	1847,608	64,328	2768,164
Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2015/2016					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	BRS1055	1195,639	4131,147	1195,639	4131,147
2	HTCMS-SP1	1140,111	4075,619	1167,875	4103,383
3	HTMV-1	1099,030	4034,537	1144,927	4080,434
4	HTCMS697	941,463	3876,970	1094,061	4029,568
5	HTCMS771	861,514	3797,021	1047,551	3983,059
6	HTCMS699	790,589	3726,096	1004,724	3940,232
7	HTCMS707	784,973	3720,481	973,331	3908,839
8	HTCMS795	683,175	3618,682	937,062	3872,569
9	HTCMS717	590,664	3526,171	898,573	3834,081
10	HTCMS781	508,081	3443,589	859,524	3795,031
11	Sint 10699	460,830	3396,337	823,279	3758,787
12	VLS BS 42C60	421,241	3356,749	789,776	3725,283
13	2E530	411,033	3346,541	760,642	3696,149
14	SintPF 7021	230,910	3166,418	722,804	3658,311
15	AL Avaré	213,144	3148,651	688,826	3624,334
16	AL Paraguaçu	146,012	3081,520	654,900	3590,408
17	Sint 10697	83,071	3018,578	621,263	3556,771
18	Sint 10795	76,541	3012,048	591,001	3526,509
19	Sint 10717	72,341	3007,848	563,703	3499,211
20	MC 20	21,984	2957,492	536,617	3472,125
21	Sint 10771	-5,772	2929,736	510,789	3446,297

ANEXO B – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

(Continuando)

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2015/2016					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
22	Sint 10707	-25,186	2910,322	486,427	3421,934
23	Sint Super - Precoce 1	-81,732	2853,776	461,724	3397,232
24	MC 6028	-134,174	2801,334	436,895	3372,403
25	SintPF 104	-149,342	2786,165	413,446	3348,953
26	Sint 10781	-153,043	2782,464	391,658	3327,165
27	Eldorado	-250,079	2685,429	367,890	3303,397
28	SintPF 7008	-282,687	2652,820	344,655	3280,162
29	Sintetico 256 L	-563,149	2372,359	313,351	3248,859
30	BR 106	-619,680	2315,828	282,250	3217,758
31	MC 21	-621,486	2314,022	253,097	3188,605
32	AL 2014	-664,756	2270,752	224,414	3159,922
33	SintPF 7031	-673,523	2261,984	197,204	3132,712
34	SintPF 7031	-741,373	2194,135	169,599	3105,107
35	VCREJ 201	-743,438	2192,070	143,512	3079,020
36	BRS 4103	-881,954	2053,554	115,027	3050,535
37	BRS Caimbé	-923,365	2012,143	86,962	3022,470
Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2017/2018					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
1	HTC-SP1	993,166	3072,170	993,166	3072,170
2	HTCMS697	977,021	3056,025	985,093	3064,098
3	HTCMS771	860,848	2939,852	943,678	3022,683
4	HTC707	788,454	2867,458	904,872	2983,877
5	BRS 1055	710,901	2789,906	866,078	2945,082
6	HTC795	681,352	2760,357	835,290	2914,295
7	HTC717	542,446	2621,451	793,455	2872,460
8	HI(771xHTMV1)	481,508	2560,512	754,462	2833,466
9	HTC781	431,176	2510,181	718,541	2797,546

ANEXO B – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020

(Continua)

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2017/2018					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
10	BRS3046	379,777	2458,782	684,665	2763,669
11	Sint10771- BRS4107	366,039	2445,044	655,699	2734,703
12	PC0904	359,728	2438,733	631,035	2710,039
13	HI(707xHTMV1)	313,623	2392,628	606,618	2685,623
14	AL AVARÉ	304,156	2383,161	585,014	2664,019
15	HTCms15672	288,254	2367,259	565,230	2644,235
16	HTCms-CAPO	213,917	2292,922	543,273	2622,277
17	98CV02	180,661	2259,665	521,943	2600,947
18	Sint 10717	149,437	2228,441	501,248	2580,253
19	MC 20	131,551	2210,556	481,790	2560,795
20	HIV 2564260	82,594	2161,598	461,831	2540,835
21	Potiguar-G13	79,446	2158,451	443,622	2522,626
22	HSmsxHTMV1	73,861	2152,866	426,814	2505,819
23	Sint 10795- BRS4105	46,538	2125,543	410,281	2489,285
24	Sint Super Prec1	-45,764	2033,241	391,279	2470,283
25	MC60	-109,599	1969,405	371,244	2450,248
26	BR2121QPM	-127,625	1951,379	352,056	2431,061
27	UFVM 100(HS)C1	-148,779	1930,226	333,507	2412,512
28	HIV 473451	-171,999	1907,006	315,453	2394,458
29	MC 50	-190,735	1888,269	297,998	2377,003
30	AL2015	-202,451	1876,554	281,317	2360,321
31	IPR164	-316,648	1762,356	262,028	2341,032
32	PC0905	-380,071	1698,933	241,962	2320,967
33	UFVM200(HS)C1	-438,941	1640,064	221,329	2300,333
34	BR5037-Cruzeta- G19	-662,883	1416,121	195,322	2274,327

ANEXO B – Seleção de genótipos superiores de milho utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso, para o caractere produtividade, referentes a cada ano 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2017/2018, Rio Branco, Acre, 2020
(Conclusão)

Produtividade (kg ha⁻¹) ano 2017/2018					
Ordem	Genótipos	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
35	Capo	-683,131	1395,873	170,224	2249,228
36	BRS Gorutuba	-753,670	1325,335	144,560	2223,564

g+ge: efeito genotípicos; u+g+ge: valores genotípicos.

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

Ordem	Genótipos	MHVG
1	HTMV-1	4034,5372
2	HTCMS699	3584,3670
3	HTCMS-SP1	3583,2136
4	BRS 1055	3485,6777
5	HTCMS771	3477,9789
6	HTCMS697	3466,1010
7	2E530	3343,3698
8	HTCMS707	3307,3770
9	SintPF 7021	3166,4176
10	AL2013	3158,0781
11	3H842	3142,8309
12	HTCMS717	3113,4883
13	AL Paraguaçu	3081,5196
14	HTCMS795	3080,1994
15	Sint 10699	3073,7709
16	HTCMS781	3001,1439
17	VLS BS 42C60	3000,0324
18	AL Avaré	2844,9443
19	Sint 10697	2814,9593

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

(Continuando)

Ordem	Genótipos	MHVG
20	SintPF 104	2786,1653
21	Eldorado	2685,4286
22	Sintetico 1X	2681,5026
23	AL2010	2675,3460
24	MC 6028	2667,8900
25	HIV0908	2662,1730
26	SintPF 7008	2652,8204
27	Sint 10717	2634,4246
28	Sint 10795	2628,2372
29	Sint 10771	2607,4606
30	Sint 10781	2607,1414
31	MC 20	2581,1970
32	HI(771xHTMV1)	2560,5120
33	HDS NE 4x3 (2K1265)	2535,8101
34	Guepa	2497,1584
35	BRS3046	2458,7815
36	Sint. Mult. TL	2457,4646
37	Sint10771-BRS4107	2445,0438
38	PC0904	2438,7330
39	Sint Super-Precoce 1	2413,9652
40	HI(707xHTMV1)	2392,6277
41	HTCms15672	2367,2589
42	Sint 10707	2326,2755
43	MC 21	2314,0215
44	HTCms-CAPO	2292,9217
45	98CV02	2259,6654
46	AL2014	2251,3336
47	BRS 4104 - Sint. Pro Vit A	2209,5024

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

(Continua)

Ordem	Genótipos	MHVG
48	Sintético RxS Spod	2201,4231
49	BR 106	2199,6450
50	SintPF 7031	2194,1349
51	VCREJ 201	2192,0699
52	HIV 2564260	2161,5984
53	MS003xHB	2160,9967
54	Potiguar-G13	2158,4505
55	HSmsxHTMV1	2152,8655
56	MC 50	2147,4087
57	Sint 10795-BRS4105	2125,5427
58	Sintetico 256 L	2119,5070
59	Sint 10805	2061,6136
60	Caatingueiro	2031,9399
61	BRS 4104 - Sint Pro Vit A	2006,5155
62	MC60	1969,4052
63	BRS Caimbé	1957,2080
64	BR2121QPM	1951,3793
65	AL2012	1941,5146
66	Sint 10723	1934,8958
67	UFVM 100(HS)C1	1930,2257
68	HIV 473451	1907,0056
69	BRS 4103	1876,7946
70	AL2015	1876,5538
71	Capo	1863,1043
72	Sint 10783	1847,6076
73	MG053xHA	1826,9789
74	PC0905	1698,9331
75	Sint 10731	1687,1225

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

(Conclusão)

Ordem	Genótipos	MHVG
76	UFVM200(HS)C1	1640,0635
77	BRS Gorutuba	1637,6080
78	BR5037-Cruzeta-G19	1416,1213

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

Ordem	Genótipos	LIIC	LSIC	Acurácia
1	HTCMS-SP1	2888,789	4111,733	0,8319
2	BRS 1055	2947,596	4031,709	0,8706
3	HTCMS771	2805,968	4009,721	0,8376
4	HTMV-1	2562,121	4201,043	0,6685
5	HTCMS697	2775,960	3980,677	0,8374
6	HTCMS707	2637,092	3841,812	0,8374
7	HTCMS699	2514,747	3895,278	0,7795
8	2E530	2526,213	3742,646	0,8339
9	3H842	2269,269	3911,593	0,6668
10	HTCMS717	2486,804	3662,319	0,8459
11	HTCMS795	2430,892	3635,264	0,8375
12	HTCMS781	2372,911	3577,893	0,8373
13	HI(771xHTMV1)	2086,410	3725,439	0,6685
14	Sint 10699	2296,494	3503,790	0,8366
15	AL2013	2065,566	3704,277	0,6687
16	AL Avaré	2225,879	3429,411	0,8377
17	BRS3046	2007,888	3647,241	0,6683
18	Sint10771- BRS4107	1997,489	3636,476	0,6685

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

(Continuando)

Ordem	Genótipos	LIIC	LSIC	Acurácia
19	PC0904	1992,293	3631,950	0,6682
20	HI(707xHTMV1)	1956,434	3596,783	0,6678
21	HTCms15672	1937,318	3576,816	0,6683
22	AL2010	1909,092	3551,592	0,6667
23	VLS BS 42C60	2031,549	3412,067	0,7795
24	HIV0908	1898,784	3541,607	0,6666
25	SintPF 7021	1893,551	3532,242	0,6687
26	HTCms-CAPO	1879,633	3519,982	0,6678
27	Sint 10697	2069,412	3286,450	0,8337
28	98CV02	1854,515	3493,868	0,6683
29	Sint 10717	2101,482	3232,482	0,8583
30	AL Paraguaçu	1828,182	3466,823	0,6687
31	HDS NE 4x3 (2K1265)	1801,972	3443,752	0,6671
32	HIV 2564260	1779,036	3418,271	0,6684
33	Potiguar-G13	1775,970	3416,488	0,6677
34	HSmsxHTMV1	1771,668	3412,186	0,6677
35	MC 20	1975,398	3179,359	0,8376
36	Sint 10795- BRS4105	1750,707	3391,056	0,6678
37	Sint. Mult. TL	1741,461	3383,569	0,6669
38	Sintético 1X	1698,332	3337,329	0,6685
39	Sint 10771	1902,758	3110,449	0,8365
40	Sint 10795	1899,299	3105,822	0,8368
41	Sint 10781	1879,678	3105,861	0,8309
42	Guepa	1792,306	3165,536	0,7821
43	Sint Super- Precoce 1	1916,274	3003,417	0,8699

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

(Continua)

Ordem	Genótipos	LIIC	LSIC	Acurácia
44	MC60	1631,097	3270,130	0,6685
45	BR2121QPM	1617,146	3256,311	0,6684
46	UFVM 100(HS)C1	1600,788	3240,081	0,6684
47	SintPF 104	1600,634	3239,367	0,6686
48	MC 6028	1718,557	3097,902	0,7799
49	HIV 473451	1582,643	3222,454	0,6681
50	AL2015	1559,685	3198,500	0,6686
51	BRS 4104 - Sint. Pro Vit A	1550,128	3192,907	0,6666
52	MC 50	1672,876	3044,242	0,7828
53	Eldorado	1523,110	3161,702	0,6687
54	MS003xHB	1512,921	3155,390	0,6668
55	SintPF 7008	1497,965	3136,614	0,6687
56	AL2012	1601,753	2966,007	0,7854
57	Sint 10707	1659,221	2875,683	0,8339
58	Sint 10805	1436,292	3078,916	0,6667
59	PC0905	1422,763	3061,792	0,6685
60	Sintético RxS Spod	1549,810	2916,406	0,7845
61	UFVM200(HS)C1	1377,362	3016,502	0,6684
62	Sint 10723	1338,928	2981,066	0,6669
63	Capo	1532,807	2732,375	0,8389
64	BR 106	1499,886	2706,919	0,8367
65	MG053xHA	1255,959	2897,785	0,6671
66	MC 21	1236,758	2875,889	0,6684
67	AL2014	1350,741	2730,446	0,7798
68	BR5037-Cruzeta- G19	1204,668	2844,204	0,6682

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

Ordem	Genótipos	LIIC	LSIC	Acurácia
69	BRS 4104 - Sint Pro Vit A	1178,319	2817,500	0,6684
70	Caatingueiro	1258,672	2722,790	0,7474
71	Sint 10731	1147,518	2790,772	0,6664
72	SintPF 7031	1055,179	2872,777	0,5655
73	VCREJ 201	1142,864	2781,911	0,6685
74	Sintetico 256 L	1256,768	2637,081	0,7796
75	BRS Gorutuba	1277,221	2480,596	0,8378
76	Sint 10783	1055,868	2695,148	0,6684
77	BRS Caimbé	1268,134	2475,999	0,8364
78	BRS 4103	1204,347	2412,496	0,8363