Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes

Roberto Fritsche Neto

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2008

Roberto Fritsche Neto
Engenheiro Agrônomo

Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes

Orientador:
Prof. Dr. **CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2008

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Fritsche Neto, Roberto
Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes / Roberto Fritsche Neto. - - Piracicaba, 2008.
71 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.
Bibliografia.

1. Biometria 2. Genética estatística 3. Melhoramento genético vegetal 4. Milho 5. Modelos lineares I. Título

CDD 633.15
F919p

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

À minha esposa, Liana,
companheira de todas as horas,
pelo amor, incentivo e compreensão.

A minha mãe Cleiri e ao meu irmão Rodrigo,
pelo sacrifício para que eu chegasse até aqui.

Ao meu primo Mayco (in memorian).

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida.

A Universidade de São Paulo.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Prof. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela orientação e incentivo.

Ao Pesquisador Arione da Silva Pereira da Embrapa Clima Temperado, pelos ensinamentos, exemplo profissional e amizade desde o período da graduação.

Ao Professores Dr. Roland Vencovsky (ESALQ/USP) e Dr. Manoel Carlos Gonçalves (UFGD), pelas sugestões que muito contribuíram neste trabalho.

Aos colegas de trabalho Diego V. F. e Silva, Emiliano F. N. Costa, Gustavo V. Moro, Mateus F. Santos, Pedro J. G. Mendoza, Pedro R. Belicuas, Ruben J. S. Diaz, Sanzio C. L. Barrios, Sidney N. Parentoni e Vitor Hugo B. Barbieri, pela amizade e auxilio nos trabalhos de campo e laboratório.

Aos funcionários do Departamento de Genética, em especial ao Sr. Ariberto Soares de Oliveira, pela amizade sincera, competência e compromisso com o trabalho.

Ao meu pai Roberto, meus tios Adilson, Raquel e Marilse, meus sogros Beto e Ângela, pelo incentivo e apoio em todos os momentos.

Aos amigos Agnaldo D. F. de Carvalho, Celso S. Fiori, Deoclécio D. Garbuglio, Endson S. Nunes, Inocencio J. Oliveira, Jorge Portela, Marcelo F. Braga, Maria M. Pastina, Mauricio Vito, Paulo F M. J. Vieira, pela agradável convivência, ensinamentos e momentos de descontração.

A todos aqui não mencionados que, de certa forma, contribuíram para a concretização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO..... 6
ABSTRACT……..... 7
1 INTRODUÇÃO..... 8
2 DESENVOLVIMENTO..... 10
2.1 Revisão Bibliográfica..... 10
2.1.1 O milho híbrido..... 10
2.1.2 A natureza dos efeitos de tratamento genético..... 12
2.1.3 O delineamento experimental látice..... 13
2.1.4 As equações de modelos mistos e o método REML/BLUP..... 14
2.1.5 Alguns resultados empregando o BLUP no melhoramento vegetal..... 19
2.1.6 Estimação de intervalos de confiança via *Bootstrap*..... 20
2.2 Material e Métodos..... 21
2.2.1 Material genético..... 21
2.2.2 Desenvolvimento experimental..... 22
2.2.3 Análises estatístico-genéticas..... 24
2.2.3.1 Análises de variância utilizando o método dos quadrados mínimos..... 24
2.2.3.2 Análises estatísticas utilizando o método REML/BLUP..... 27
2.2.3.3 Avaliação da confiabilidade do método REML/BLUP..... 31
2.3. Resultados e Discussão..... 33
2.3.1 Análises de variâncias individuais..... 33
2.3.2 Análises de variância conjunta..... 34
2.3.3 Confiabilidade do método REML/BLUP..... 35
2.3.3.1 Coeficientes de determinação fenotípico entre os valores preditos e os observados... 35
2.3.3.2 Ordenamento e seleção de híbridos..... 37
3 CONCLUSÕES..... 42
REFERÊNCIAS..... 43
ANEXOS..... 51

RESUMO

Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes

A fase mais difícil e que exige mais recursos em um programa de melhoramento de milho é a avaliação experimental dos híbridos, pois geralmente um elevado número de híbridos necessita ser avaliado em diversos ambientes. Deste modo, tanto o número de híbridos como o de ambientes são limitados pelos recursos disponíveis, o que poderia levar a uma redução do número de ambientes, e, portanto, conjuntos de híbridos comumente são avaliados em diferentes ambientes levando a comparações desbalanceadas entre os híbridos. A metodologia estatística conhecida como REM/BLUP tem sido amplamente utilizada no melhoramento animal, mas nos programas de melhoramento vegetal a sua utilização tem sido restrita a culturas perenes, onde experimentos desbalanceados são comuns. Há pouca informação na literatura sobre a confiabilidade do método REML/BLUP utilizando dados experimentais para a predição de valores genotípicos sob experimentos desbalanceados para programas de melhoramento de culturas anuais. Assim, o objetivo desta pesquisa foi avaliar se o método REML/BLUP poderia ser útil para predizer os valores genotípicos de híbridos simples de milho sob situações de desbalanceamento. Um conjunto de 256 híbridos simples foi avaliado em delineamento látice 16 x 16 com duas repetições por ambiente em 13 ambientes e as características analisadas foram produção de grãos, altura da planta e acamamento de plantas. Uma vez que a avaliação constou de 26 observações para cada híbrido simples, suas médias gerais ajustadas computadas pelo método dos quadrados mínimos foram consideradas como seus valores genotípicos, para fins de comparações com as predições dos valores genotípicos pelo método REML/BLUP. As predições dos híbridos simples foram computadas pelo método REML/BLUP considerando conjuntos desbalanceados de híbridos dentro de ambientes e perdas completas dos dados de ambientes. Os dados foram submetidos a um desbalanceamento aleatório e cada situação foi simulada 1.000 vezes utilizando o método bootstrap. Foram computados coeficientes de correlação entre os valores genotípicos preditos e as médias gerais ajustadas, e seus valores foram elevados ao quadrado para obter os valores de R^2; assim 1.000 valores de R^2 foram obtidos para cada situação considerada. Além disso, foi praticada seleção utilizando os valores genotípicos preditos e as médias gerais ajustadas dos híbridos simples e as percentagens de coincidência foram computadas. Independentemente do caráter analisado, os valores de R^2 e o percentual de coincidência dos híbridos simples selecionados mostrou que o REML/BLUP prediz com alta acurácia os valores genotípicos dos híbridos simples com até 20% das perdas de híbridos dentro de ambientes ou com redução de até 23% dos ambientes. Nota-se que o caráter produção de grãos apresentou interação genótipos x ambientes significativa e complexa, e mesmo assim o método REML/BLUP fez a predição dos valores genotípicos com alta acurácia. Deste modo, o método REML/BLUP poderia ser considerado como uma valiosa ferramenta no melhoramento genético de milho para predizer os valores genotípicos dos híbridos sob dados desbalanceados. Entretanto, os resultados também apontaram que há um limite para a sua acurácia, o qual corresponde a cerca de 20% dos dados desbalanceados.

Palavras-chave: REM/BLUP; *Zea mays* L.; Híbridos de milho; Seleção

ABSTRACT

Predicting maize single-crosses genotypic values under unbalanced number of genotypes and environments

The more difficult phase and that demands more funding in a maize breeding program is the experimental evaluation of the hybrids, because usually a high number of hybrids needs to be evaluated in several environments. Then, both the number of environments and hybrids are limited by the resources available, which could lead to a reduction in the number of environments, and therefore, sets of hybrids are commonly tested in different environments leading to unbalanced comparisons among the hybrids. The statistical methodology known as REM/BLUP has been widely used in animal breeding, but in plant breeding programs its use has been restricted to perennial crops where unbalanced experiments are very common. There is limited information about the reliability of the REM/BLUP method using experimental data for the genotypic values prediction under unbalanced experiments for annual crops breeding programs. Thus, the objective of this research was to assess whether the REM/BLUP method could be useful to predict the genotypic values of maize single-crosses under unbalanced situations. A set of 256 single-crosses was evaluated in a 16 x 16 lattice design with two replications per environment in 13 environments, and the traits analyzed were grain yield, plant lodging and plant height. As the evaluation consisted of 26 observations for each single-cross, their adjusted overall means computed by the least squares method were considered as their genotypic values for the sake of comparisons with the genotypic predictions by REM/BLUP method. The predictions of the single-crosses were computed considering unbalanced sets of hybrids within environments and unbalanced sets of environments. The data were submitted to a random unbalance and each situation was simulated 1,000 times using the bootstrap method. Coefficients of correlation were then computed between the predicted genotypic values and the adjusted overall means, and their values were squared to obtain the R^2 values; thus 1,000 R^2 values were obtained for each considered situation. Also, selection were performed using the predict values and the adjusted overall means of the single-crosses, and the percentage of coincidence were computed. Regardless of the trait analyzed, the R^2 values and the percentage of coincidence of the selected single-crosses showed that the REM/BLUP predict with high accuracy the genotypic values of the single-crosses up to 20% of losses of hybrids within environments and up to 23% of environments reduction. It should be noted that grain yield showed a significant cross-over interaction, and even so the REM/BLUP predicted the genotypic values of the hybrids with high accuracy. Thus, the REM/BLUP method can be considered as a valuable tool in maize breeding programs to predict the genotypic values of the hybrids under unbalanced data. However, the results also pointed out that there is a limit for its accuracy, which is around 20% of unbalanced data.

Keywords: REM/BLUP; *Zea mays* L.; Maize hybrids; Selection

.

1 INTRODUÇÃO

No melhoramento vegetal a maior parte dos caracteres de interesse econômico é de natureza quantitativa e este fato se constitui em uma dificuldade, uma vez que os fenótipos relativos a tais caracteres apresentam distribuição contínua e interações com os ambientes, não sendo possível a distinção entre classes fenotípicas (FALCONER; MACKAY, 1996). Conseqüentemente, a avaliação e seleção de materiais requerem grande precisão experimental e utilização de metodologias estatísticas adequadas. Deste modo, a fase de um programa de melhoramento que demanda maior quantidade de recursos econômicos é a avaliação experimental, pois com poucas linhagens e testadores pode ser produzido um número elevado de híbridos dificultando a sua avaliação experimental. Além disso, a presença de limitações econômicas em muitos programas de melhoramento tem forçado os melhoristas a limitar o número de ambientes para avaliar novos materiais genéticos (PANTER; ALLEN, 1995a). Deste modo, conjuntos de genótipos comumente são testados em diferentes ambientes levando a comparações desbalanceadas entre os genótipos em avaliação.

O uso de modelos mistos por meio do método REML/BLUP introduziu modificações na estimação de componentes de variância e de parâmetros genéticos (SEARLE, 1971). Anteriormente, pelo método dos quadrados mínimos, as covariâncias eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas, gerando assim os componentes de variância. Para isto, era necessário que fossem atendidas as seguintes pressuposições: aditividade do modelo, distribuição normal dos dados, independência e homogeneidade dos erros. Por meio do REML/BLUP, os componentes de variância podem ser estimados diretamente no conjunto de dados, assim como as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto, não sendo necessário atender às pressuposições anteriores. Além disso, Piepho et al. (2008), cita duas restrições ao emprego dos quadrados mínimos: i) impossibilidade de estimar o valor genético de genótipos não avaliados; ii) apenas determinadas combinações lineares dos parâmetros são estimáveis. Por outro lado, o método de modelos mistos (HENDERSON, 1984) é um instrumento flexível para a estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos, pois pode ser aplicado a dados desbalanceados e provenientes de diferentes gerações.

Estudos realizados por Resende et al. (1996a, 1996b), comparando métodos de estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos, apresentaram resultados que, para situações de dados balanceados e homogeneidade de variâncias, os métodos dos quadrados

mínimos e da melhor predição linear não-viesada se equivalem para efeitos de ordenamento de genótipos, mas não para estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos.

O método REML/BLUP é amplamente aplicado no melhoramento animal, mas no melhoramento de plantas seu uso é restrito às espécies perenes, nas quais é comum a presença de elevado grau de desbalanceamento nos ensaios de avaliação de materiais genéticos (RESENDE, 2002). Entretanto, na literatura, são poucos os trabalhos que utilizam dados experimentais para demonstrar a confiabilidade deste método estatístico na predição de valores genotípicos sob situações de desbalanceamento para culturas anuais. Diante disso, o objetivo desta pesquisa foi avaliar se o método REML/BLUP poderia ser útil para predizer os valores genotípicos de híbridos simples de milho sob duas situações de desbalanceamento: (I) com perda de híbridos dentro de ambientes e (II) com eliminação de ambientes.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 O milho híbrido

Evidências indicam que o milho seja uma planta originada do centro sul do México uma vez que nesta região são encontradas populações naturais de subespécies do milho, principalmente *Zea parviglumis* e *Zea mexicana* (FREITAS, 2001).

O milho é uma das culturas geneticamente mais bem estudadas, o que resultou em significativa contribuição para o melhoramento de caracteres agronômicos e proporcionando grandes descobertas para a agricultura mundial, como a utilização de híbridos de linhagens (SHULL, 1908). Entretanto, em uma população de espécie alógama, cada planta constitui um genótipo diferente e, com isto, não é possível realizar a multiplicação dos diferentes genótipos existentes. O método para alcançar este objetivo, seria obter uma população de linhagens endogâmicas e cruzá-las entre si, tornando assim possível multiplicar indefinidamente e em grandes quantidades o genótipo das linhagens assim como os híbridos. O mesmo autor propôs uma metodologia para seleção e produção comercial de híbridos, a qual consiste nas seguintes etapas: autofecundação de plantas de uma população obtendo linhagens puras, realização dos cruzamentos entre as linhagens e avaliação dos cruzamentos para seleção dos genótipos superiores (SHULL, 1909, 1910).

Devido ao baixo vigor das linhagens e à produção de quantidades reduzidas de sementes híbridas, a indústria sementeira teve seu desenvolvimento inicial retardado. Jones (1918) sugeriu a produção de híbridos duplos a partir de híbridos simples, permitindo assim, que esta se desenvolvesse. Entre 1920 e 1930, foram sintetizados os primeiro híbridos duplos, os quais eram mais produtivos e passaram a ser adotados pelos agricultores. Em 1950 quase a totalidade da produção de milho da região norte dos EUA (Corn Belt) era oriunda de híbridos duplos. Posteriormente, novos híbridos simples foram sintetizados, embora o custo da semente continuasse sendo mais alto, devido às melhorias nas condições de cultivo das linhagens para produção de sementes e as vantagens decorrentes da utilização dos mesmos como a uniformidade e a produção (HALLAUER et al., 1988).

A adoção da tecnologia de produção de híbridos representou um aumento expressivo na produtividade de milho nos EUA. Até 1930 eram cultivadas somente variedades de polinização aberta e o incremento anual na produtividade era de apenas 1 kg ha^{-1} ano^{-1}. Entre 1930 a 1960 quando foram utilizados híbridos duplos a produtividade teve um incremento médio anual de 65 kg ha^{-1}, e com a utilização de híbridos simples este incremento foi ainda maior, cerca de 110 kg ha^{-1} ano^{-1}, em que, destes, pelo menos metade se deve ao melhoramento e o restante à melhoria de condições ambientais (DUVICK; CASSMAN, 1999; HALLAUER et al., 1988; TROYER, 1999, 2004).

No Brasil, o melhoramento genético do milho tem contribuído significativamente para o aumento de produtividade, ocorrendo um incremento médio de 1618 kg ha^{-1} nos últimos 31 anos (COELHO et al., 2003). Embora não estejam disponíveis as informações a respeito do percentual dos fatores (genético ou ambiental) responsáveis por este aumento, a exemplo do que ocorreu nos EUA, o melhoramento genético associado às inovações no manejo fitotécnico da cultura mostram-se fundamentais para o aumento dessa produtividade.

Especialmente nos últimos 10 anos, pode-se constatar um aumento significativo no número de híbridos disponíveis no mercado brasileiro de sementes. Segundo dados do Ministério da Agricultura (2007), encontram-se registrados 795 cultivares de milho, dentro do período compreendido de janeiro de 1998 a dezembro de 2006. Ainda, segundo EMBRAPA (2007), das 236 cultivares que estavam disponíveis no mercado para a safra 2006/2007, 81 eram híbridos simples, 58 híbridos triplos, 13 híbridos simples modificados, 2 híbridos triplos modificados, 52 híbridos duplos, 1 híbrido intervarietal e 29 variedades de polinização aberta.

Atualmente, nos programas de melhoramento de milho, consegue-se obter um grande número de linhagens com desempenho individual satisfatório para a produção comercial de híbridos. Entretanto, a maior dificuldade encontrada pelos melhoristas é a avaliação dos híbridos oriundos dos cruzamentos destas (HALLAUER et al., 1988). Os cruzamentos dialélicos podem ser empregados para avaliação da capacidade de combinação, mas sua praticidade é reduzida quando o número de linhagens é elevado devido ao elevado número de híbridos que podem ser produzidos a partir destas.

2.1.2 A natureza dos efeitos de tratamento genético

Antes de qualquer consideração metodológica sobre o método de modelos mistos, uma questão necessita ser abordada: a natureza do efeito de genótipos no modelo estatístico. A decisão de tratar o efeito de um fator como sendo fixo ou aleatório e as suas implicações na análise estatística são bastante discutidas na literatura (EISENHART, 1947; MCCULLOCH; SEARLE, 2001; ROBINSON, 1991; SEARLE, 1971). A classificação dos efeitos interfere diretamente na definição do modelo e, conseqüentemente, na utilização de diferentes funções dos dados para ordenar (*ranquear*) os genótipos (WHITE; HODGE, 1989). Segundo Bearzoti (2002), o ordenamento de genótipos pode ser alterado, de acordo com a escolha do modelo estatístico, em situações nas quais houver informação de parentesco entre as unidades de seleção e ou desbalanceamento nos dados.

Duarte e Vencovsky (2001) constataram que a adoção da abordagem de modelo misto com genótipos como de feito aleatório comparativamente às análises tradicionais (genótipos como de feito fixo) leva à seleção de diferentes tratamentos genéticos quando a variância genotípica for baixa em relação à variância do erro e os ensaios forem não ortogonais e desbalanceados. Bueno Filho (1997) também encontrou diferenças de ordenamento dos tratamentos em ensaios florestais decorrentes unicamente de se considerar o seu efeito no modelo como fixo ou aleatório. Isso ressalta a importância da decisão prévia sobre a natureza do modelo da análise, pois esta pode gerar erros de ordenamento (erros de seleção) e de predição de ganhos pela seleção.

Segundo Searle (1971), quando os níveis de um dado fator se constituem numa amostra aleatória de uma população de níveis, estes efeitos devem ser tomados como aleatórios, ao passo que, tendo sido estes níveis previamente escolhidos, estes deverão ser considerados fixos. Para Bearzoti (2002) a definição dos efeitos de um modelo como aleatórios deveria se basear não apenas na alusão a alguma população de referência, mas também se há alguma informação a ser recuperada como, por exemplo, efeitos de tratamentos perdidos e informações interblocos. Do mesmo modo, genótipos, quando geneticamente relacionados, devem ser tomados como aleatórios e, assim, o método estatístico adequado será denominado análise com recuperação da informação intergenotípica (FEDERER, 1998). White e Hodge (1989) recomendam que, para a predição de valores aditivos em testes de progênies, os efeitos genéticos devem ser considerados aleatórios e todos os demais efeitos fixos. Tal abordagem corresponde, didaticamente, a uma compensação dos efeitos fixos de cada observação, seguida da análise do modelo aleatório

residual. Nessa análise deve-se levar em conta a influência das componentes da variância na determinação dos preditores (estimadores) de efeitos aleatórios (BUENO FILHO; VENCOVSKY, 2000a).

2.1.3 O delineamento experimental látice

Os ensaios em látice foram introduzidos por Yates (1936), visando permitir a análise de um grande número de tratamentos. Tais ensaios são bastante utilizados no melhoramento de plantas, seja para comparações entre variedades, na análise dialélica, ou ainda, para testes envolvendo dezenas a centenas de progênies na seleção recorrente (BUENO FILHO; VENCOVSKY, 2000b).

Os látices são delineamentos em blocos incompletos com desbalanceamento planejado que permitem variadas formas de análise, das quais se destacam a análise intrablocos e a análise com recuperação da informação interblocos (COCHRAN; COX, 1957). Outro esquema usual é a análise como blocos ao acaso, utilizando-se as médias ajustadas de tratamentos e o erro efetivo oriundos da análise completa (interblocos) para montar somas de quadrados análogas às do delineamento em blocos completos. Segundo Bueno Filho e Vencovsky (2000b), tal análise foi primeiramente adotada por Eberhart em 1970. Pimentel-Gomes e Garcia (2002) comentam que antes da divulgação de programas computacionais sofisticados para a análise estatística, a perda de parcelas, ou ainda, de um bloco tornava a análise do látice com recuperação intrabloco ou interbloco tão trabalhosa que nem sequer se discutia a possibilidade de sua utilização.

Cecon (1992) estudou diferentes alternativas de análise dos látices, incluindo, além das citadas anteriormente, aquela que assume as repetições como blocos completos casualizados, o que também é usual, especialmente nos casos de erros no estabelecimento do arranjo experimental (BUENO FILHO; VENCOVSKY, 2000a). O autor concluiu que a melhor alternativa de análise para fins de estimativas de parâmetros genéticos é considerar sempre a casualização do látice e a recuperação da informação interblocos, qualquer que seja o valor da eficiência relativa do látice. A esse respeito, Miranda Filho (1987) sugeriu que a análise completa do látice somente traria vantagens sobre a análise em blocos ao acaso, tomando-se as repetições como blocos completos, se a sua eficiência relativa fosse superior a 110%.

Silva et al. (1999) e Regazzi et al. (1999) também apresentaram uma série de comparações entre os quatro modelos de análise de látices citados anteriormente, onde discutem suas diferenças tanto para as análises individuais como para as conjuntas. Os autores obtiveram

também as diferentes expressões algébricas para as esperanças dos quadrados médios, supondo que tratamentos e blocos estivessem representados por efeitos aleatórios. Ao encontrar altas correlações de Spearman entre as médias ordenadas em cada tipo de análise, os autores concluem que, quanto ao ordenamento, as análises intrablocos e interblocos praticamente não diferem. No entanto, assim como Pimentel-Gomes e Garcia (2002), os autores consideram a análise interblocos do látice como a melhor para estimação de componentes de variância.

2.1.4 As equações de modelos mistos e o método REML/BLUP

Modelos mistos são utilizados para modelar dados de experimentos cuja estrutura de tratamentos envolve alguns fatores que são fixos e alguns que são aleatórios, ou seja, modelos lineares que contêm efeitos fixos e aleatórios, independentemente da média e do erro (PERRI; IEMMA, 1999). Segundo Scheffé (1959), o modelo misto foi amplamente estudado por Fisher em 1918, com grande repercussão nos estudos de genética quantitativa, onde tal modelo foi denominado pelo autor de modelo de componentes de variância.

Marcelino e Iemma (2000) enfatizam que a análise de experimentos com dados desbalanceados merece atenção especial por parte dos pesquisadores. Além disso, a presença de limitações econômicas em muitos programas de melhoramento tem forçado estes a limitar o número de ambientes para a avaliação dos materiais genéticos (PANTER; ALLEN, 1995b). Entretanto, a acurácia na predição de valores genéticos é fundamental no melhoramento vegetal. Conseqüentemente, diferentes métodos de predição são demandados em função das diferentes situações de experimentais e de balanceamentos associados aos dados experimentais (RESENDE et al., 1996a). Ressalta-se, no entanto, que a maioria significativa dos estudos tem considerado apenas os modelos para fatores de efeitos fixos. Por outro lado, em muitas situações práticas, como já relatadas, um ou mais fatores podem estar associados a processos de amostragem, caracterizando-os como de efeitos aleatórios e, nesse contexto, assumem grande importância os modelos de efeitos aleatórios bem como os modelos de efeitos mistos.

No enfoque dos modelos mistos a análise da parte aleatória consiste na predição dos efeitos aleatórios, na presença de efeitos fixos, e estimação dos componentes de variância. A análise da parte fixa consiste de estimação e testes de hipóteses sobre funções estimáveis dos efeitos fixos. Em geral, tanto a predição dos efeitos aleatórios quanto a estimação dos efeitos fixos depende da estimação dos componentes de variância (PERRI; IEMMA, 1999).

Segundo Robinson (1991), foram Henderson et al. (1959) os primeiros a demonstrar que as equações de modelos mistos produziam como soluções: BLUE - melhor estimação linear não-viesada dos efeitos fixos, além dos preditores BLUP – melhor predição linear não-viesada dos efeitos aleatórios. A teoria genérica do (BLUP) como método ótimo foi difundida completamente a partir da década de 1970, por Charles Henderson nos EUA e Robin Thompson na Inglaterra (HENDERSON, 1973, 1975; THOMPSON, 1976, 1979).

Para Santos et al. (2002), o uso de modelos mistos pode melhorar a inferência em programas de melhoramento, em que, segundo Valério Filho (1983) o método III de Henderson torna-se o mais interessante, pois pode ser aplicado tanto a modelos mistos quanto a aleatórios. Isto se deve ao fato de que o método de modelos mistos é um método flexível para a estimativa de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos ou genotípicos, pois possibilita a comparação entre genótipos desenvolvidos a partir de diferentes populações e avaliados em diferentes ambientes (KALIL FILHO et al., 2000; BERNARDO, 2002). Além da predição mais precisa do mérito genético, o BLUP possibilita também a inclusão do coeficiente de endogamia para todos os indivíduos avaliados, quando as informações de parentesco entre eles forem conhecidas (HENDERSON, 1974, 1984). Além disso, quando se dispõe de pouca ou nenhuma informação sobre o indivíduo, as informações de genitores podem contribuir para a predição do seu valor genético.

White e Hodge (1984) apresentam várias propriedades úteis do BLUP, referentes ao melhoramento genético vegetal, dentre as quais se destacam:

a) estimação e predição não-viesadas num método único;

b) podem-se levar em conta efeitos de seleção e de endogamia ao longo das gerações, desde que o grau de relacionamento genético (parentesco) entre os indivíduos avaliados seja conhecido;

c) a correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos é máxima dentre as classes de preditores lineares não-viesados;

d) pode-se predizer o valor genético de indivíduos (observados ou não);

e) as variâncias e os erros do melhor preditor linear não-viesado (BLUP) são menores em relação a outros métodos;

Segundo Resende (2002), uma vez que o método BLUP considera que os componentes de variância são conhecidos e que as propriedades dos preditores somente são asseguradas nestas condições, são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância.

O Método da Máxima Verossimilhança - ML é, segundo Milliken e Johnson (1992), o mais comum para estimação de componentes de variância. O processo, desenvolvido por Fisher, utiliza a distribuição dos dados observados na qual aplica uma função de verossimilhança que, por sua vez, é função dos parâmetros do modelo. Os estimadores de máxima verossimilhança são os valores dos parâmetros que maximizam a função de verossimilhança. De acordo com Kennedy (1981), os estimadores de máxima verossimilhança apresentam as seguintes propriedades desejáveis: translação invariante (não afetados por mudanças nos efeitos fixos); suficiência, consistência e eficiência. Por outro lado, Shaw (1987) afirma que os estimadores de máxima verossimilhança são viesados em decorrência de dois aspectos: imposição de restrição de não negatividade e perda de graus de liberdade devido à estimativa dos efeitos fixos.

Vários algoritmos foram desenvolvidos por Hartley e Rao (1967), Corbeil e Searle (1976) para maximizar a função de verossimilhança e apresentar estimativas de máxima verossimilhança dos parâmetros do modelo. Alguns exemplos foram apresentados por Searle (1971) com a obtenção de estimadores de máxima verossimilhança e respectivas variâncias para vários delineamentos experimentais.

Visando eliminar os aspectos indesejáveis das estimativas por máxima verossimilhança, Patterson e Thompson (1971) propuseram modificações ao método, generalizando-o para qualquer modelo de análise de variância. A idéia consiste na estimação de componentes de variância por máxima verossimilhança sem considerar os efeitos fixos. Os autores dividiram a função de verossimilhança em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra aos aleatórios. A maximização da função de verossimilhança da parte referente aos efeitos aleatórios fornece os estimadores de máxima verossimilhança para os componentes de variância e a outra fornece os estimadores para os efeitos fixos. Esse método passou a ser denominado Máxima Verossimilhança Restrita - REML. Além de manter as propriedades positivas das apresentadas pelo método da máxima verossimilhança, a modificação realizada conduz a estimativas idênticas àquelas obtidas na análise de variância se o delineamento for balanceado e as restrições de não negatividade forem ignoradas. Assim, o REML mantém as demais propriedades do método da máxima verossimilhança: é não viesado e permite a imposição de

restrições de não negatividade, sendo, portanto, considerado ideal para estimação de componentes de variância com dados desbalanceados.

Deste modo, o método mais recomendado na estimação de componentes de variância em situações com dados desbalanceados ou não é o REML, o qual apresenta muitas das propriedades que os estimadores de componentes de variância devem possuir, dentre as quais se podem citar:

a) Não-viesado, tal que a esperança matemática do preditor seja o próprio parâmetro;

b) Consistência, tal que, com o aumento do tamanho da amostra, a esperança do preditor convirja para o parâmetro e a variância para zero. Refere-se, portanto, ao aumento da precisão da estimativa com o aumento do tamanho da amostra;

c) Eficiência, tal que o preditor apresente variância mínima;

d) Suficiência, tal que o preditor condense o máximo possível a informação contida na amostra e não seja função dependente do parâmetro;

e) Completitude, que está ligada á unicidade do estimador;

f) Invariância a translação, tal que a estimação dos componentes de variância não seja afetada por mudanças nos efeitos fixos.

Os algoritmos para obtenção das estimativas de máxima verossimilhança podem ser: (i) “Derivative Free" (DF-REML), de Graser et al. (1987); (ii) “Expectation Maximization", ou maximização de esperanças (EM-REML) de Dempster et al. (1977) e (iv) “Average Information" (AI-REML) de Gilmour et al. (1995). O algoritmo AI é um método melhorado, o qual se fundamenta no uso dos métodos de Newton. No entanto, o algoritmo EM é o mais exato, mas também o mais lento e de acordo com Harville (1977), se valores iniciais positivos forem utilizados a convergência para valores não negativos é garantida. O algoritmo DF é rápido e exato quando o número de componentes de variância não é muito grande e apresenta vantagens computacionais, pois evitam a inversão de matrizes de ordem elevada. Para modelos complexos, o algoritmo AI é mais rápido e exato do que o DF, conforme apresentado por Johnson e Thompson (1995). O algoritmo EM é muito estável, numericamente, apresentando convergência mesmo que os valores iniciais não tenham sido adequados. Entretanto, uma inconveniência é a lentidão para estimativas próximas ao limite do espaço de definição paramétrica, por exemplo, quando uma variância tende a zero.

Durante a última década, o método REML tem se tornado o preferido para estimação de componentes de variância e covariâncias, não apenas devido às suas propriedades estatísticas

desejáveis, mas também à grande evolução dos recursos computacionais disponíveis ao desenvolvimento e adaptação de algoritmos especializados, explorando características específicas da estrutura dos dados ou do modelo de análise, e à utilização de uma variedade de técnicas numéricas (PIEPHO et al., 2008).

O uso do método de modelos mistos por meio do BLUP individual (HENDERSON, 1984) introduziu modificações na estimação de componentes de variância e de parâmetros genéticos. Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas (igualando-as aos seus valores esperados), gerando assim os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente como as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto. Atualmente, a metodologia de modelos mistos tem se tornado mais acessível aos usuários devido à sua implementação em sistemas estatístico-computacionais como o *Mixed Procedure* (PROC MIXED) no Statistical Analysis System – SAS* e ao SELEGEN-REML/BLUP* (RESENDE, 2002). Segundo Perri e Iemma (1999) dentre os procedimentos do SAS*: GLM, VARCOMP e MIXED, o PROC MIXED é o mais apropriado para a análise de modelos mistos.

Segundo White e Hodge (1989), no melhoramento de espécies perenes, o uso de técnicas de avaliação genética com base em modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos. Este fato se deve a que o método não é apenas eficiente para a seleção de genótipos pelo desempenho individual, mas também para predizer os melhores genótipos para formar novas populações (BERNARDO, 1996a).

Os valores genotípicos são variáveis não observáveis de natureza aleatória que devem ser preditas pelos melhoristas a partir de valores fenotípicos, os quais são os valores observados no experimento. De acordo com Falconer e Mackay (1996), valores genéticos preditos referem-se à avaliação do somatório dos efeitos médios dos alelos dos genótipos em avaliação, mas para híbridos, os valores genotípicos captam tanto os efeitos aditivos como os de dominância e epistasia. De maneira geral, os valores genéticos preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Van Vleck et al. (1987) destacam que a proximidade entre estes dois valores pode ser avaliada por sua acurácia, a qual se refere à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, em que, quanto maior a exatidão na avaliação, maior é a acurácia do valor genético predito.

2.1.5 Alguns resultados empregando o BLUP no melhoramento vegetal

Panter e Allen (1995a; 1995b) estudaram a eficiência dos métodos dos quadrados mínimos e do BLUP na identificação de linhagens superiores de soja. Os autores simularam situações com igual número de dados em cada sub-classe (balanceamento dos dados) e também situações de desbalanceamento. Em todas as situações estudadas o BLUP apresentou menor erro padrão das estimativas, maiores valores de correlação entre os valores preditos e o desempenho dos cruzamentos avaliados em campo, bem como maior porcentagem de identificação de cruzamentos superiores dentre os realizados.

Estudos realizados por Resende et al. (1996a), em que foram comparados cinco métodos de estimação/predição de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*, revelaram que em situações de dados balanceados e homogeneidade de variâncias genética e ambiental os métodos de quadrados mínimos ordinários (Ordinary Least Squares - OLS), quadrados mínimos generalizados (Generalized Least Squares - GLS), melhor predição (Best Prediction - BP), melhor predição linear (Best Linear Prediction - BLP) e melhor predição linear não-viesada (Best Linear Unbiased Prediction - BLUP) se equivalem para efeitos de ordenamento de materiais genéticos, mas não para estimação de componentes de variância genéticos e predição de valores genéticos, para os quais, o método BLUP foi igual ou superior aos demais.

Resende et al. (1996b) também avaliaram três diferentes métodos de estimação de componentes de variância visando a predição de valores genéticos: quadrados mínimos (Least Squares - LS), máxima verossimilhança (Maximum Likelihood - ML) e máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood - REML). A estimação pelo método ML apresentou convergência mais rápida do que pelo método REML. No entanto, valores dos coeficientes de herdabilidade obtidos pelos métodos ML e REML foram bastante similares e de magnitudes superiores à obtida pelo método LS. O método REML, embora computacionalmente mais complicado, foi o mais preciso, pois apresentou menor erro padrão nas estimativas.

Bernardo (1996a; 1996b) utilizando um conjunto de 4099 híbridos de 16 combinações entre nove grupos heteróticos de milho avaliados em 15 locais nos EUA, Canadá, Itália e França, encontrou estimativas de correlação entre o valor predito e o desempenho fenotípico para a produção de grãos de híbridos de milho variando de 0,49 a 0,76, com uma tendência de gerar estimativas mais elevadas para os grupos com maior número de híbridos avaliados. Segundo o autor, estes valores de correlação podem ser considerados moderadamente elevados e sugerem

que o BLUP tem potencial para ser empregado de forma eficiente para identificação de cruzamentos não realizados. Em outro trabalho, Bernardo (1995) avaliou alguns modelos genéticos para realizar predições, simulando desbalanceamentos no dialelo. Os valores de correlação entre o desempenho observado e predito para produção de grãos variaram entre 0,58 e 0,75, quando foi utilizado um grupo de 67 híbridos. Em um trabalho semelhante, Iemma (2003) comparou resultados obtidos entre as análises dialélicas considerando os modelos como fixo e como misto. Segundo a autora, embora os valores das capacidades geral e específica de combinação apresentarem baixa correlação entre os dois métodos, o ordenamento dos híbridos de milho mais produtivos apresentou poucas alterações e não causou dificuldade na seleção.

Nunes et al. (2008), em estudo com feijoeiro, utilizando o REML/BLUP com a inclusão das informações das genealogias, aumentou a eficiência na seleção das progênies superiores em 2,4%, em relação ao método tradicional de avaliação de desempenho individual.

No Brasil, o método REML/BLUP é amplamente aplicado no melhoramento de espécies perenes como a pupunheira (FARIAS NETO; RESENDE, 2001), aceroleira (PAIVA et al., 2002; PAIVA et al., 2007), seringueira (COSTA et al., 2000), umbuzeiro (OLIVEIRA et al., 2004) e florestais (RESENDE et al., 1996a, 1996b; BUENO FILHO, 1997), nas quais é comum a presença de elevado grau de desbalanceamento em ensaios de avaliação.

2.1.6 Estimação de intervalos de confiança via *Bootstrap*

Técnicas de reamostragem são úteis em especial quando o cálculo de estimadores por métodos analíticos for complicado. Devido a sua generalidade, a técnica *Bootstrap* se encaixa na solução de problemas complexos, pois possibilita a estimação pontual e por intervalo de diversos parâmetros (RIZZO; CYMROT, 2006).

O método de reamostragem *Bootstrap* foi originalmente proposto por Bradley Efron em um artigo publicado no Annals of Statistics, em 1979. O método se baseia na construção de distribuições amostrais por reamostragem dados originais com reposição, com os quais se calcula a estatística de interesse, sendo muito utilizado para estimar intervalos de confiança, o viés e a variância de estimadores ou de testes de hipóteses calibrados (EFRON; TIBSHIRANI, 1993).

Para que a aplicação da técnica resulte em valores confiáveis devem ser feitas centenas ou até milhares de reamostras do mesmo tamanho, sendo importante que esta seja realizada sempre com reposição e de forma aleatória (RIZZO; CYMROT, 2006).

Uma das maiores vantagens do método é ser não inteiramente depende do teorema do limite central, já que, em suas aplicações, medidas de precisão são obtidas diretamente dos dados. Dado ao custo reduzido e aos avanços computacionais, o *Bootstrap* torna-se uma técnica muito utilizada por extrair informações de dados empíricos (DIACONIS, 1983; EFRON; TIBSHIRANI, 1991).

Vários esquemas diferentes de simulação *Bootstrap* têm sido propostos na literatura e muitos deles apresentam bom desempenho em uma ampla variedade de situações. Como exemplo, pode se supor que há disponível um conjunto de observações e o interesse é fazer inferências a respeito de um parâmetro como o coeficiente de correlação, sobre o qual não há nenhuma fórmula analítica simples que permite calcular o seu erro padrão. Deste modo, o *Bootstrap*, o qual foi projetado para fazer simulações para este tipo de problema, é uma alternativa (MARTINEZ; LOUZADA-NETO, 2001).

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Material genético

Para a realização deste trabalho foram utilizados 250 híbridos simples obtidos do cruzamento de cinco linhagens endogâmicas elites previamente selecionadas para serem usadas como testadoras e 50 linhagens endogâmicas de milho. Estas linhagens foram extraídas de diversas populações (IG-1, IG-2 e CMS-05), híbridos comerciais (HS-1, XL-560, BR-201, C-606 e C-601) e progênies de meios-irmãos interpopulacionais (BR-105 x BR-106) selecionadas. Todas as linhagens foram obtidas no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, ESALQ/USP (Tabela 1).

As linhagens utilizadas como testadoras apresentam características e origem descritas a seguir: L-08-05 F, apresenta grãos alaranjados e duros, obtida da população IG-1; L-38-05 D, com grãos amarelos e dentados, obtida do híbrido simples utilizado como genitor feminino do híbrido duplo comercial BR-201; L-36-07 F, possui grãos alaranjados e duros, obtida do híbrido simples utilizado como genitor feminino do híbrido duplo comercial BR-201; L-49-02 D, apresenta grãos amarelos e dentados, obtida do cruzamento das populações BR-105 e BR-106; e L-46-10 D, com grãos amarelos e dentados, obtida do híbrido duplo comercial BR-201

(AGUIAR et al., 2003). A escolha dessas linhagens como testadoras visa representar a variabilidade existente entre testadores e linhagens em um programa comercial de melhoramento de milho.

Os cruzamentos entre as 50 linhagens e os testadores foram realizados com a semeadura pareada de cada um dos cinco testadores com as 50 linhagens. Foram utilizadas linhas de 6,0 m, espaçadas 0,8 m entre linhas e 0,2 m entre plantas. Para garantir a coincidência do florescimento, tanto masculino quanto feminino, os testadores foram semeados em três épocas distintas: cinco dias antes; no mesmo dia; e cinco dias após a semeadura das linhagens. Os cruzamentos foram realizados tanto utilizando os testadores como machos e as linhagens como fêmeas, quanto seus recíprocos, sendo as espigas das duas linhas colhidas em conjunto. Como testemunhas foram utilizadas seis híbridos comerciais, sendo quatro da empresa Zeneca (Z-8420 - híbrido simples modificado; Z-8550 - híbrido triplo; Z-8460 e Z-8480, ambos híbridos simples) e dois da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA (BRS-2020 - híbrido duplo e BRS-1010 - híbrido simples), tendo-se, portanto, 256 tratamentos.

2.2.2 Desenvolvimento experimental

O delineamento experimental empregado foi o látice simples 16 x 16. Cada parcela foi constituída por uma linha de 4,0 m, espaçadas 0,8 m entre linhas e 0,2 m entre plantas. Por ocasião da semeadura, foram distribuídas 50 sementes por parcela, sendo realizado desbaste 30 dias após a semeadura, deixando um estande de 20 plantas por parcela, o qual corresponde a 62.500 plantas ha^{-1}.

Os experimentos foram desenvolvidos em 13 ambientes, sendo que cada ambiente corresponde à combinação local x ano. Os ambientes utilizados foram: Estação Experimental Fazenda Areão (E. E. Areão), Estação Experimental Fazenda Caterpillar (E. E. Caterpillar) e Estação Experimental Departamento de Genética da ESALQ/USP (E. E. Depto. Genética) nos anos agrícolas 2002/2003, 2003/2004 e 2004/2005; Estação Experimental Fazenda Anhembi (E. E. Anhembi) nos anos agrícolas 2003/2004 e 2004/2005; e Estação Experimental Patos de Minas da Empresa Biomatrix (E. E. Patos de Minas) no ano agrícola 2004/2005 (dois experimentos). O preparo do solo, semeadura e tratos culturais seguiram as recomendações técnicas correspondentes a cada ambiente. Nas E. E. Depto. de Genética, Anhembi e Patos de Minas os experimentos foram irrigados quando necessário.

Os seguintes caracteres foram avaliados:

i) Estande (ST): corresponde ao número de plantas parcela^{-1};

ii) Altura de planta (AP): corresponde à altura, em cm, do solo à folha bandeira, obtido de cinco plantas competitivas das parcelas;

iii)Acamamento de plantas (AC): número de plantas acamadas e quebradas dividido pelo estante da parcela e expresso em porcentagem (X%) o qual foi transformado para $AC = \sqrt{X\% + 0{,}5}$;

iv) Teor de umidade dos grãos (UM): teor de umidade, em %, obtido de uma amostra de grãos de cada parcela, utilizando-se determinador eletrônico Dickey-John;

v) Produção de grãos (PR): peso de grãos da parcela, obtido em kg parcela^{-1}, e corrigido posteriormente para o teor de umidade de 15% e para estande. Posteriormente, os valores foram convertidos para t ha^{-1}, utilizando a área útil da parcela, 4 m x 0,80 m, que corresponde a 3,2 m^2, como referência. A correção para a umidade foi efetuada da seguinte forma: eq. (1).

$$PG = PR(100 - UM)/85 \tag{1}$$

em que:

PG é o peso de grãos corrigido, em kg parcela^{-1};

PR é o peso de grãos não corrigido em kg parcela^{-1};

UM é o teor de umidade de grãos da parcela (%).

Dentre os caracteres avaliados, apenas o teor de umidade e o estande não foram analisados. Entretanto, esses caracteres foram utilizados para padronizar a produção de grãos, sendo que o estande foi utilizado na correção por covariância do caráter produção de grãos. Para o caráter AP, o qual foi obtido a partir de amostras da parcela, foi utilizada a média das cinco observações para a realização das análises. Os caracteres PG e AC foram avaliados em todos os ambientes, enquanto AP foi avaliado em 11 ambientes, excetuando-se as E. E. Areão e Caterpillar na safra 2004/2005.

2.2.3 Análises Estatístico-Genéticas

Foram realizadas análises estatísticas utilizando modelos mistos por meio de dois métodos. O primeiro foi o dos quadrados mínimos, cujas observações de todos os genótipos em todos os ambientes foram utilizadas para a estimação das médias ajustadas de cada um dos híbridos avaliados. Uma vez que a avaliação constou de 26 observações para cada híbrido simples para produção de grãos e acamamento de plantas e de 22 para altura de plantas, suas médias gerais ajustadas computadas pelo método dos quadrados mínimos foram consideradas como seus valores genotípicos, para fins de comparações com as predições dos valores genotípicos pelo método REML/BLUP.

O segundo método empregado foi o REML/BLUP, considerando diferentes percentagens de perda de híbridos dentro de ambientes ou de eliminação de ambientes. Em cada uma destas situações foram consideradas seis variações: dados balanceados (256 híbridos e 13 ambientes); a perda de 10, 20, 30, 40 ou 50% dos híbridos avaliados em cada ambiente ou a eliminação de 15, 23, 30, 38 ou 46% dos ambientes, o que corresponde respectivamente à perda de 26, 51, 77, 102 e 128 híbridos dentro de cada ambiente ou a eliminação de dois, três, quatro, cinco ou seis ambientes. Nas situações em que foram simulados diferentes graus de desbalanceamento, estas foram realizadas 1.000 vezes, de forma aleatória, por meio do método de reamostragem *Bootstrap*, utilizando o macro *Bootstrap Sampling* do SAS 9.1 (SAS INSTITUTE, 2003).

2.2.3.1 Análises de variância utilizando o método dos quadrados mínimos

Inicialmente, foram realizadas as análises de variâncias individuais para cada ambiente a partir do modelo estatístico abaixo, eq. (2), em que, somente o efeito de híbridos foi considerado fixo.

$$Y_{ijk} = m + t_i + b_{j(k)} + r_k + e_{ijk} \qquad (2)$$

em que:

Y_{ijk} é o valor do híbrido i no bloco j dentro da repetição k;

m é a média geral do experimento;

t_i é o efeito do híbrido i (i=1,2,3,...,256);

$b_{j(k)}$ é o efeito do bloco j dentro da repetição k (j =1,2,3,...,16);

r_k é o efeito da repetição k (k =1,2);

e_{ijk} é o erro experimental associado à observação Y_{ijk} , com $e_{ijk} \sim N(0;\sigma^2)$.

Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta, considerando um modelo misto, com todos os efeitos aleatórios, excetuando-se o efeito dos híbridos, eq. (3).

$$Y_{il} = m + t_i + a_l + (ta)_{il} + \bar{e}_{il} \tag{3}$$

em que:

Y_{il} é o valor ajustado do híbrido i no ambiente l;

m é a média geral ajustada dos experimentos;

t_i é o efeito ajustado do híbrido i (i =1,2,3,...,256);

a_l é o efeito do ambiente l (l =1,2,3,...,13);

$(ta)_{il}$ é o efeito da interação do híbrido *i* com o ambiente *l*;

$\bar{e}_{il}$ é o erro efetivo médio associado à observação Y_{il}, com $\bar{e}_{il} \sim N(0;\sigma^2)$.

Esta análise foi realizada com as médias ajustadas das análises individuais. Como estas são realizadas com recuperação da informação do resíduo intrabloco, em cada uma delas foi calculado o erro efetivo, e a média destes foi utilizada para compor o erro efetivo da análise conjunta. Neste caso, o erro efetivo foi obtido conforme apresentado por Cochram e Cox (1957), segundo eq. (4).

$$QM_{EF} = QM_{EI}\left[1 + \frac{kj\mu}{j+1}\right] \tag{4}$$

em que:

QM_{EF} é o quadrado médio do erro efetivo;

QM_{EI} é o quadrado médio do erro intrabloco;

k é o número de repetições;

j é o tamanho do bloco do látice;

$\mu = \dfrac{QM_{B/R} - QM_{EI}}{j(k-1)QM_{B/R}}$;

$QM_{B/R}$ é o quadrado médio de bloco dentro de repetição.

A decomposição da interação híbridos x ambientes nos seus componentes simples e complexo foi realizada por meio do método descrito por Vencovsky e Barriga (1992), eq. (5).

$$QM_{HxA} = \frac{\sum_{C_{1:2}} \left[1/2\left(\sqrt{QM_{H_a}} - \sqrt{QM_{H_b}}\right)^2 \right]}{n_c} + \frac{\sum_{C_{1:2}} \left[\left(1 - r_{(l_a l_b)}\right)\left(\sqrt{QM_{H_a}} . \sqrt{QM_{H_b}}\right) \right]}{n_c} \qquad (5)$$

em que:

QM_{HxA} é o quadrado médio da interação híbridos x ambientes;

$\sum_{C_{l,2}}$ é o somatório em relação a combinação dos ambientes l (l=1, 2, 3,..., 13) dois a dois;

QM_H é o quadrado médio de híbridos no ambiente l, em que, a e b representam combinações de ambientes diferentes;

$r_{(l_a, l_b)}$ é a correlação entre as médias ajustadas dos híbridos nos ambiente a e b;

n_c é o número de combinações.

Na eq. (5) a primeira parte refere-se ao componente simples e o segundo ao complexo da interação híbridos x ambientes.

Os esquemas das análises individuais e conjuntas estão apresentados nas Tabelas 2 e 3. Na análise conjunta foram desdobradas as somas de quadrados dos híbridos e a interação destes com ambientes.

Para os caracteres analisados foi estimada a diferença mínima significativa (DMS), eq. (6).

$$DMS = t_{[(`n-1)(l-1);\alpha/2]}\sqrt{\frac{2QM_{txa}}{kl}} \quad (6)$$

em que:

QM_{txa} é o quadrado médio da interação híbridos com ambientes;

k é o número de repetições;

l é o número de ambientes;

n é o número de híbridos;

$t_{[(n-1)(l-1)\alpha/2]}$ é o valor de t tabelado com $(n-1).(l-1)$ graus de liberdade com probabilidade $\alpha/2$, sendo utilizado $\alpha = 5\%$.

As análises pelo método dos quadrados mínimos foram realizadas empregando-se o GLM Procedure (PROC GLM) do sistema computacional Statistical Analysis System - SAS versão 9.1 (SAS INSTITUTE, 2003).

2.2.3.2 Análises estatísticas utilizando o método REML/BLUP

Foram realizadas análises conjuntas, para cada uma das duas situações de desbalanceamento e suas respectivas variações, considerando um modelo misto, de acordo com o descrito por Henderson (1984), por meio do método REML/BLUP:

(I) Para a situação de perdas de híbridos dentro de ambientes, o modelo adotado foi: eq. (7).

$$y = Xl + Zg + Wb + Tr + e \quad (7)$$

em que:

y é o vetor de dados fenotípicos médios, de dimensões n x 1, em que, n é o numero de observações, que variou de 3.328 (50% de perda de híbridos) a 6.656 (dados balanceados);

X é a matriz de incidência dos efeitos de ambientes, formada por valores 0 e 1, de dimensões n x 13;

l é o vetor dos efeitos de ambientes (fixos), de dimensões 13 x 1;

Z é a matriz de incidência dos efeitos genotípicos, formadas por valores 0 e 1, de dimensões *n* x 256;

g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), de dimensões 256 x 1, em que, $a \sim N(O,G)$, sendo $G = A\sigma_g^2$, sendo *A* a matriz dos coeficientes de parentesco e σ_g^2 a variância genética entre os híbridos;

W é a matriz de incidência dos efeitos de blocos dentro de repetições, formadas por valores 0 e 1, de dimensões *n* x 16;

b é o vetor dos efeitos de blocos dentro de repetição (aleatórios), de dimensões 16 x 1;

T é a matriz de incidência dos efeitos de repetições, formadas por valores 0 e 1, de dimensões *n* x 2;

r é o vetor dos efeitos de repetições (aleatórios), de dimensões 2 x 1;

e é o vetor de erros, de dimensões *n* x 1, sendo que $e \sim N(O,R)$ e $R = I\sigma_e^2$, em que, *I* é uma matriz identidade de dimesões *n* x *n* e σ_e^2 é o erro experimental.

(II) Para a situação de perdas e/ou eliminação de ambientes, o modelo adotado foi: eq. (8).

$$y = Xr + Zg + Wb + Tl + e \tag{8}$$

em que:

y é o vetor de dados fenotípicos médios, de dimensões *n x* 1, em que, *n* é o número de observações, que variou de 3.584 (50% dos ambientes) 6.656 (todos os ambientes);

X é a matriz de incidência dos efeitos de repetição, formada por valores 0 e 1, de dimensões *n* x 2;

r é o vetor dos efeitos de repetições (fixos), de dimensões 2 x 1;

Z é a matriz de incidência dos efeitos genotípicos, formadas por valores 0 e 1, de dimensões *n* x 256;

g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), de dimensões 256 x 1, em que, $a \sim N(O,G)$ em que, $G = A\sigma_g^2$, sendo *A* a matriz dos coeficientes de parentesco e σ_g^2 a variância genética entre os híbridos;

W é a matriz de incidência dos efeitos de bloco dentro de repetição, formadas por valores 0 e 1, de dimensões *n* x 16;

b é o vetor dos efeitos de blocos dentro de repetição (aleatórios), de dimensões 16 x 1;

T é a matriz de incidência, formadas por valores 0 e 1, de dimensões *n* x 13;

l é o vetor dos efeitos ambientes (aleatórios), de dimensões 13 x 1;

e é o vetor de erros, de dimensões *n* x 1, sendo que $e \sim N(O, R)$ e $R = I\sigma_e^2$, em que, *I* é uma matriz identidade de dimesões *n* x *n* e σ_e^2 é o erro experimental.

Foram adotados modelos diferentes para as duas situações consideradas, pois na primeira trabalhou-se com todos os ambientes, com objetivo de recuperar a informação dos híbridos perdidos dentro de ambientes e na segunda trabalhou-se com uma amostra dos ambientes, em que os experimentos dentro destes estavam balanceados. Deste modo, houve alteração na natureza dos efeitos do modelo dependendo da situação considerada. Assim como Yan et al. (2002), a interação genótipos x ambientes foi desconsiderada devido à impossibilidade de sua estimação, pois foi considerada a perda de híbridos dentro de ambientes, ou ainda, a perda de ambientes inteiros.

No enfoque de modelos mistos, *G* refere-se à matriz de covariâncias genéticas entre os híbridos, sendo denotada por $A\sigma_g^2$. Para *A* neste estudo foi desconsiderado o coeficiente de parentesco, consequentemente a matriz *G* foi denotada por $I\sigma_g^2$, ou seja, *A=I*. Deste modo, σ_g^2 equivale à variância genética entre os híbridos.

Se as estimativas das variâncias dos efeitos aleatórios forem conhecidas, a simultânea estimação dos efeitos fixos e predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas pelas equações de modelos mistos, dadas por:

(I) Para a situação de perdas de híbridos dentro de ambientes: eq. (9):

$$\begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{a} \\ \hat{b} \\ \hat{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\sigma_e^2/\sigma_g^2 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\sigma_e^2/\sigma_b^2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\sigma_e^2/\sigma_r^2 \end{bmatrix}^{-} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix} \qquad (9)$$

em que:

A^{-1} é a inversa da matriz A;

X', Z', W' e T' são as traspostas das matrizes X, Z, W e T, respectivamente;

σ_g^2 é a variância genética;

σ_b^2 é a variância de blocos dentro de repetições;

σ_r^2 é a variância de repetições;

σ_e^2 é a variância residual.

(II) Para a situação de eliminação de ambientes: eq. (10):

$$\begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{a} \\ \hat{b} \\ \hat{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'T \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\sigma_e^2/\sigma_g^2 & Z'W & Z'T \\ W'X & W'Z & W'W + I\sigma_e^2/\sigma_b^2 & W'T \\ T'X & T'Z & T'W & T'T + I\sigma_e^2/\sigma_l^2 \end{bmatrix}^{-} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ T'y \end{bmatrix} \quad (10)$$

em que:

σ_l^2 é a variância de ambientes.

Para a obtenção das soluções anteriores, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos, como ocorre na prática, sendo estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Como o método REML é um processo iterativo, foi então utilizado o algoritmo numérico denominado de EM (por alternar passos de esperança e maximização), caracterizando o algoritmo como EM-REML. Assim, a partir de valores arbitrários iniciais da $\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_b^2$ e da $\hat{\sigma}_r^2$ na eq. (9) e de $\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_b^2$ e da $\hat{\sigma}_l^2$ na eq. (10), são obtidas as soluções para $\hat{g}$, $\hat{b}$ e $\hat{r}$ na situação I e de $\hat{g}$, $\hat{b}$ e $\hat{l}$ na situação II. Estas soluções são usadas para se obter novas estimativas dos componentes de variância e assim por diante, até que a convergência seja alcançada.

O vetor $\hat{g}$ corresponde às predições dos valores genotípicos dos híbridos (BLUP). Os valores genotípicos preditos de cada híbrido foram somados à média geral, os quais, em conjunto com suas respectivas estimativas do desvio padrão (*SEP*), foram utilizados para a obtenção dos intervalos de confiança dos híbridos: eq. (11).

$$(\mu + \hat{g}) \pm t.SEP \tag{11}$$

em que:

u: média geral do experimento;

$\hat{g}$: efeito genotípico predito;

t = 1.96 é o valor tabelado da distribuição t de Student para α =0,05;

$SEP = \hat{g}^{1/2}$.

As estimações dos efeitos fixos e predições dos efeitos aleatórios foram realizadas empregando-se o Mixed Procedure (PROC MIXED) do sistema computacional Statistical Analysis System - SAS versão 9.1 (SAS INSTITUTE, 2003).

2.2.3.3 Avaliação da confiabilidade do método REML/BLUP

Para verificar a confiabilidade do REML/BLUP na predição de valores genotípicos de híbridos de milho, foram obtidos coeficientes de determinação (R^2) entre as médias ajustadas obtidas pelo método dos quadrados mínimos e os valores genotípicos preditos por REML/BLUP. O R^2 foi calculado pelo quadrado do coeficiente de correlação entre o valor observado e o predito. Foi utilizado o coeficiente de correlação de *Pearson* para produção de grãos e altura de planta. Para acamamento de plantas, devido a este não ter apresentado distribuição normal, trabalhou-se com o coeficiente de *Spearman*. Deste modo, para cada uma das variações consideradas de desbalanceamento no conjunto de dados foram obtidos 1.000 valores de R^2. A partir destes, foram estimados os R^2 médios e seus intervalos de confiança, sendo a significância destes ($\rho \neq 0$) obtidas pelo teste *F*, conforme proposto por Steel e Torrie (1980): eq. (12).

$$F_{(n-p;p-1;\alpha)} = \frac{n - p(R^2)}{p - 1(1 - R^2)} \qquad (12)$$

em que:

n é o número de observações;

p é o número de híbridos preditos (256);

R^2 é coeficiente de determinação fenotípico;

$(n - p; p - 1; \alpha)$ são os graus de liberdade associados ao F calculado com probabilidade α, sendo utlizado α = 5%.

Como neste estudo o nível de significância foi α = 0,05, as posições dos valores dos R^2 na distribuição *Bootstrap* que definiram os limites inferiores e superiores do intervalo de confiança foram 25º e 975º, respectivamente: eq. (13).

$$L_I = B.(\alpha / 2)\,;\; L_S = B - L_I + 1 \qquad (13)$$

em que:

L_I: posição do parâmetro na distribuição *Bootstrap* que define o limite inferior do intervalo de confiança;

L_S: posição do parâmetro na distribuição *Bootstrap* que define o limite superior do intervalo de confiança;

B: número de vezes que foi estimado o parâmetro de interesse;

α: nível de significância da estimação do intervalo de confiança.

Foram comparados também os ordenamentos dos híbridos pelos dois métodos empregados, realizando-se a seleção truncada de 5, 10, 15 e 20% dos híbridos superiores, o que corresponde respectivamente à seleção de 13, 26, 39 e 52 híbridos. O sentido da seleção foi para se obter o aumento da produção de grãos e a redução no acamamento e na altura de plantas. A percentagem de coincidência na seleção foi obtida por meio do número de híbridos selecionados em comum entre os dois métodos. Em cada uma das variações consideradas de desbalanceamentos no conjunto de dados, foram obtidos 1.000 valores de percentagem de coincidência na seleção. A

partir destes foram obtidas a percentagens médias e seus intervalos de confiança. Como o nível de significância foi α = 0,05, as posições dos valores das percentagens de coincidência na seleção na distribuição *Bootstrap* que definiram os limites inferiores e superiores do intervalo de confiança foram 25º e 975º, respectivamente: eq. (13).

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Análises de variâncias individuais

Foram constatadas diferenças altamente significativas $(p \leq 0,01)$ pelo teste F entre os híbridos, para todos os caracteres em todos os ambientes. As exceções foram para acamamento de plantas nos ambientes E. E. Areão 2002/2003 e E. E. Caterpillar 2004/2005, onde foram detectadas diferenças significativas $(p \leq 0,05)$ e na E. E. Depto. Genética 2003/2004 não houve diferença significativa (Tabelas 4 a 6). Estes resultados mostram a existência de variabilidade genética entre os híbridos para todos os caracteres.

A média de produção de grãos variou de 6,75 a 10,33 t ha^{-1} na E. E. Caterpillar 2003/2004 e E. E. Depto. Genética 2004/2005, respectivamente. Para acamamento de plantas, a média variou de 0,87% a 4,30% na E. E. Caterpillar 2004/2005 e 2003/2004, respectivamente. Para altura de planta, as médias inferiores e superiores variaram de 181,11 a 269,68 cm, nos ambientes E. E. Anhenbi 2002/2003 e Patos de Minas 2002/2003, respectivamente. Estas variações nos valores médios dos caracteres, entre os ambientes, foram devidas às diferenças edafoclimáticas nos diferentes ambientes (locais x anos agrícolas) onde os experimentos foram avaliados.

O coeficiente de variação experimental (CV%) das análises individuais, para produção de grãos, variou de 9,67% a 22,37% na E.E. Areão 2003/2004 e E. E. Areão no ano agrícola de 2004/2005, respectivamente. Somente em dois ambientes as estimativas do coeficiente de variação foram superiores a 20,0% (20,32% na E. E. Caterpillar 2004/2005 e 22,37% na E. E. Areão 2004/2005). Nos demais ambientes, as estimativas foram sempre inferiores a 15%. Nos ambientes que apresentaram estimativas de coeficientes de variação superiores a 20%, ocorreu estresse hídrico após o florescimento e em conseqüência disto, ocorreram reduções nas médias em relação aos anos anteriores, como evidenciado na E. E. Areão. Na E. E. Caterpillar, ao contrário, foi observada a maior média dos três anos agrícolas em que foram realizadas as

avaliações experimentais nesta estação (Tabela 4). A provável razão de estimativa superior do coeficiente de variação foi devida à estimativa superior do erro efetivo, ocasionando uma menor precisão experimental. Entretanto, todos os valores obtidos dos coeficientes de variação estão dentro dos limites reportados na literatura (SCAPIM et al., 1995; MELO et al., 2001; ALVES et al., 2002; AGUIAR et al., 2003; RAPOSO et al., 2004; LIMA et al., 2006).

Para acamamento de plantas, o CV% variou de 31,20% a 72,27% na E. E. Caterpillar 2003/2004 e E. E. Depto. Genética 2002/2003, respectivamente (Tabela 5). É comum, na literatura, este caráter apresentar elevadas estimativas de coeficientes de variação (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). Lima et al. (2006), comentam que a magnitude do erro experimental pode aumentar quando o carácter avaliado apresenta médias baixas, em que esta é formada por observações que podem apresentar valores nulos (zero), ou ainda, negativos. Para altura de planta os CV% variaram de 2,90% a 5,45% na E. E. Caterpillar 2002/2003 e na E. E. Depto. Anhembi 2004/2005, respectivamente (Tabela 6).

2.3.2 Análises de variância conjunta

Antes de realizar a análise de variância conjunta, foi verificado que havia homogeneidade das variâncias entre os experimentos, utilizando o método proposto por Pimentel-Gomes (2000).

Foram detectadas diferenças altamente significativas $(p \leq 0,01)$ pelo teste F entre os híbridos para todos os caracteres e também para os efeitos de ambientes. A diferença significativa entre ambientes reforça como visto nas análises individuais, diferenças edafoclimáticas entre os mesmos. Para híbridos, as diferenças são devidas à existência de variabilidade genética. Além destes fatores, a interação híbridos x ambientes também foi significativa para todos os caracteres, indicando que os híbridos apresentaram desempenhos diferentes nos ambientes em que foram avaliados (Tabela 7). Para o caráter produção de grãos, na decomposição da interação híbridos x ambientes em seus componentes, verificou-se que a parte de natureza complexa foi responsável por 96,27% do total.

A produção de grãos apresentou média geral de 8,56 t ha^{-1} e coeficiente de variação de 13,22%. Para acamamento de plantas, a média geral foi de 2,19% de plantas acamadas, com coeficiente de variação foi de 51,71%. Para altura de planta, a média geral foi de 226,70 cm, com coeficiente de variação de 3,43%. (Tabela 7). Como já discutido anteriormente, com base na

magnitude dos coeficientes de variação experimental para todos os caracteres na análise conjunta, estes indicaram boa precisão experimental.

2.3.3 Confiabilidade do método REML/BLUP

2.3.3.1 Coeficientes de determinação fenotípico entre os valores preditos e os observados

Para todos os caracteres os coeficientes de determinação (R^2) obtidos entre as médias ajustadas e os valores genotípicos preditos, nas duas situações de desbalanceamento e suas respectivas variações, foram altamente significativos pelo teste F $\left(p \leq 0,01\right)$ e de alta magnitude, indicando que há alta confiabilidade no modelo, ou seja, dos valores genotípicos preditos dos híbridos representarem os valores observados.

Na situação de desbalanceamento considerada, com perda de híbridos dentro de ambientes, o coeficiente R^2 entre as médias ajustadas e os valores genotípicos apresentou variação de 0,86 a 0,98 para a produção de grãos, 0,71 a 0,98 para acamamento de plantas e de 0,88 a 0,98 para a altura de plantas. Para todos os caracteres, o valor mínimo e máximo do coeficiente R^2 foi nas situações de eliminação de 50% dos híbridos e sem desbalanceamento, respectivamente.

Considerando a eliminação de ambientes do grupo de experimentos, o coeficiente R^2 entre as médias ajustadas e os valores genotípicos apresentou variação de 0,92 a 0,98 para a produção de grãos, 0,76 a 0,98 para acamamento de plantas e de 0,90 a 0,98 para a altura de plantas. Novamente, para todos os caracteres, o valor mínimo e máximo do coeficiente R^2 foi nas situações de eliminação de 50% dos híbridos e sem desbalanceamento, respectivamente. Resultados semelhantes foram encontrados por Panter e Allen (1995a; 1995b) comparando os mesmos métodos estatísticos na avaliação e seleção de cruzamentos e genitores em soja sob algumas intensidades de seleção e desbalanceamento no conjunto de dados. Estes autores obtiveram coeficientes de correlação moderados entre as médias observadas das progênies e os valores preditos via BLUP e por meio de quadrados mínimos de 0,74 e 0,61, respectivamente, indicando uma maior confiabilidade do BLUP.

Para produção de grãos, considerando dos coeficientes R^2 e seus respectivos intervalos de confiança, na situação de perda de híbridos dentro de ambientes, apenas com 50% de desbalanceamento foi significativamente diferente da com dados balanceados em relação à predição dos valores genotípicos dos híbridos. Entretanto, considerando a eliminação de

ambientes, para este mesmo caráter, apenas nas variações com eliminações inferiores a 30% dos ambientes, não foram detectadas diferenças significativas em relação à situação sem desbalanceamento.

Para acamamento de plantas, o segundo carácter mais importante nos programas de melhoramentos de milho, todas as variações que apresentavam algum grau de desbalanceamento, tanto de híbridos dentro de ambientes como de ambientes, diferiram significativamente da situação de dados balanceados. Entretanto, com até 20% de desbalanceamento dentro de ambientes ou a eliminação de até 10% dos ambientes em grupos de experimentos, é possível através do método REML/BLUP obter resultados aproximados na predição dos valores genotípicos.

Para altura de plantas, na situação de perda de híbridos dentro de ambientes, mesmo com 50% de desbalanceamento os resultados obtidos não diferiram significativamente da situação com dados balanceados. Entretanto, considerando a eliminação de ambientes, para este mesmo caráter, assim como para produção de grãos, apenas as variações com eliminação inferior a 30% dos ambientes não diferiram significativamente ao da situação sem desbalanceamento (Tabelas 8 e 9).

Os resultados obtidos por meio dos coeficientes R^2 indicam que quanto menor a percentagem de híbridos em comum ou de ambientes avaliados há uma tendência de aumentar a divergência entre os resultados obtidos com a utilização dos dois métodos estatísticos, principalmente para caracteres de baixa precisão experimental, como o acamamento de plantas. Uma provável explicação para este fato deve-se à interação híbridos x ambientes ter sido altamente significativa, o que indica grandes diferenças no desempenho individual dos materiais avaliados nos diferentes ambientes. Outro fator, este relacionado ao caráter acamamento de plantas, são os altos valores do coeficiente de variação nos experimentos, o que vem a dificultar a quantificação da variação genética. Deste modo, a eliminação das observações de um híbrido, ou ainda, a não avaliação do material em um ambiente, indica ter influência significativa na predição dos seus valores genotípicos.

Para caracteres que apresentam baixos valores de coeficiente de variação como a altura de plantas e a produção de grãos, o método REML/BLUP indica ter confiabilidade na predição de valores genotípicos em situações de grupos de experimentos mesmo com moderadas

percentagens de híbridos em comum e sob presença de interação genótipo x ambiente significativa e de natureza complexa.

De modo geral, utilizando o REML/BLUP em caracteres que normalmente apresentam baixos coeficientes de variação, seria possível a eliminação de até 30% dos ambientes sem perder precisão significativa na predição dos valores genotípicos dos híbridos, o que diminuiria consideravelmente os custos com experimentação em um programa de melhoramento. Além disso, o método indica ter confiabilidade na predição de valores genotípicos em grupos de experimentos com até 40% de desbalanceamento. Evidencia-se, entretanto, que a precisão experimental, assim como a natureza do caráter estudado, demonstra ter grande influência na confiabilidade dos resultados a serem obtidos.

2.3.3.2 Ordenamento e seleção de híbridos

Quanto maior for o coeficiente R^2 espera-se maior coincidência no ordenamento dos híbridos, ou seja, todos os híbridos que forem superiores em uma situação o serão em outra. Bernardo (1996a; 1996b) observou que com o aumento no número de híbridos avaliados há uma tendência de se obter estimativas mais elevadas do R^2 entre o valor predito e o fenotípico. Com isto, apesar de os R^2 obtidos entre as médias estimadas e os valores genotípicos preditos serem na sua maioria altamente significativas e de alta magnitude, estas apresentaram uma variação considerável dentro de cada situação de dados considerada, a qual pode ser observada com base nos seus intervalos de confiança (Tabelas 8 e 9). Desse modo, buscou-se verificar a percentagem de híbridos selecionados em comum pelos dois métodos estatísticos para cada um dos caracteres avaliados, sob diferentes intensidades de seleção e nas diferentes situações de dados consideradas.

Na cultura de milho a ênfase dada pelos programas de melhoramento tem sido, além da produção de grãos, a redução do porte da planta e a altura de espigas, buscando uma planta cuja arquitetura permita maior resistência ao acamamento e uma melhor adaptação à colheita mecânica (MIRANDA FILHO, 1974). Correlações altas e positivas entre altura de plantas e a altura de espigas tem sido relatadas na literatura (ACOSTA; CRANE, 1972; GRANATE et al., 2002). De acordo com Josephson e Kincer (1977), a redução da altura de espigas, diminui o efeito de “alavanca” que uma espiga exerce sobre a planta quando está localizada muito alta no colmo, contribuindo assim para um menor índice de acamamento. A correlação positiva existente

entre a altura de plantas e a altura de espigas com o caráter produção de grãos também tem sido relatada em diversos trabalhos (LINDSEY et al., 1962; ACOSTA; CRANE, 1972; REIS et al., 1982; PANDEY et al. 1986; GRANATE et al., 2002).

Na situação de desbalanceamento considerada, com perda de híbridos dentro de ambientes, a percentagem de híbridos selecionados em comum entre as médias ajustadas e os valores genotípicos para produção de grãos apresentou variação de 69,23 a 92,31% sob 5% e 20% de intensidade de seleção, respectivamente. Para acamamento de plantas este valor apresentou variação de 38,46 a 88,46%, novamente sob 5% e 20% de intensidade de seleção, respectivamente. Para altura de plantas a variação foi de 64,47 a 96,15% sob 20% e 5% de intensidade de seleção, respectivamente. Para todos os caracteres, o valor mínimo e máximo do coeficiente da percentagem de selecionados em comum foi nas situações de eliminação de 50% dos híbridos e sem desbalanceamento, respectivamente (Tabela 10).

Considerando a eliminação de ambientes do grupo de experimentos, a percentagem de híbridos selecionados em comum entre as médias ajustadas e os valores genotípicos para produção de grãos apresentou variação de 69,23 a 92,31% sob 5% e 15% de intensidade de seleção, respectivamente. Para acamamento de plantas este valor apresentou variação de 46,15% a 88,46%, sob 5% e 20% de intensidade de seleção, respectivamente. Para altura de plantas a variação foi de 76,92 a 96,15% sob 15% e 10% de intensidade de seleção, respectivamente. Para todos os caracteres, o valor mínimo e máximo do coeficiente da percentagem de selecionados em comum foi nas situações de eliminação de 50% dos híbridos e sem desbalanceamento, respectivamente (Tabela 11).

Considerando os intervalos de confiança da percentagem de híbridos selecionados em comum, observou-se que utilizando o REML/BLUP seria possível obter resultados confiáveis na predição de valores genotípicos com até 20% de desbalanceamento, ou ainda, com uma redução de 23% no número de ambientes, não diferindo significativamente da situação com dados balanceados. Deste modo, o método REML/BLUP permite trabalhar com certo grau de desbalanceamento além da presença de interação genótipo x ambiente significativa do tipo complexa, ou seja, com mudanças no ordenamento dos híbridos nos diferentes ambientes. Esta flexibilidade deve-se a propriedade do método em utilizar os dados de todos os experimentos para estimar os efeitos fixos de cada um, desde que haja conexão, ou seja, materiais genéticos comuns entre os diferentes experimentos (RESENDE et al., 1996a).

Assim como observado nos resultados obtidos com os coeficientes R^2, a percentagens médias de híbridos selecionados em comum apresentaram comportamentos e magnitudes muito semelhantes nas duas situações de dados consideradas, ou seja, com perdas de híbridos dentro de ambientes e de eliminação de ambientes.

Os resultados sugerem que, para os caracteres produção de grãos e, principalmente, para acamamento de plantas, há um aumento sensível na coincidência de seleção com a diminuição da intensidade na seleção e do grau de desbalanceamento dos dados. Além disso, como discutido anteriormente, o caráter acamamento de plantas apresenta elevado coeficiente de variação e mesmo empregando métodos estatísticos menos restritivos como o REML/BLUP, para esta variável, com poucas observações é difícil realizar uma correta predição de valores genotípicos para avaliação e posterior seleção dos híbridos superiores. No entanto, para a altura de plantas, melhores resultados são obtidos com maiores intensidades de seleção, além de sofrer uma menor influência do grau de desbalanceamento dos dados. Este caráter geralmente apresenta alta herdabilidade e baixo coeficiente de variação, ou seja, utilizando o método REML/BLUP, bastam poucas observações dos híbridos para uma predição dos valores genotípicos e a seleção dos híbridos superiores com confiabilidade.

Outro fator importante, além da percentagem de híbridos selecionados em comum, é a coincidência no ordenamento dos híbridos. Esta pode ser modificada de acordo com a escolha do modelo estatístico, tanto nas situações em que houver informação de parentesco entre as unidades de seleção como nas situações com desbalanceamento nos dados (WHITE; HODGE, 1989; BEARZOTI, 2002). O ordenamento comparativo para um conjunto de tratamentos, que são oriundos de diversas populações pode mudar muito, pois a abordagem de modelos mistos utiliza a informação relativa à variabilidade genética das populações, sendo assim possível surgir ordenamentos distintos pelos dois métodos (DUARTE; VENCOVSKY, 2001). Segundo estes mesmo autores, o encolhimento de médias preditas, ou seja, o efeito "*shrinkage*", quando se comparam os dois métodos estatísticos, sobretudo para as populações de baixa variabilidade genética, também pode determinar trocas de posicionamento relativo entre progênies ou híbridos de populações distintas, mesmo na presença de ortogonalidade e balanceamento. Para Resende et al. (1996a) os dois métodos, para efeitos de ordenamento, serão equivalentes apenas quando a seleção envolve materiais genéticos oriundos de uma única população, sendo esta avaliada em apenas um ambiente e as médias de cada material estimadas com a mesma precisão. Além disso,

em situações usuais de blocos incompletos sujeitos ao desbalanceamento planejado ou não, como é o caso deste trabalho que utilizou o delineamento látice simples, esperam-se inclusive mudanças de ordenamento dentro de uma mesma população, o que ocasionalmente pode ter um forte impacto na seleção. Os ajustes para efeitos de blocos podem fazer com que o ordenamento dos genótipos, tanto pelos desvios dos efeitos genotípicos preditos, como pela média, não sejam os mesmos.

Neste trabalho foram encontradas grandes diferenças no ordenamento dos híbridos com a utilização dos dois métodos estatísticos (Tabelas 12 a 17), mesmo na situação de dados balanceados (100% de híbridos em comum e considerando os 13 ambientes), de modo semelhante ao previsto por Duarte e Vencovsky (2001) em trabalho teórico e observado por Bueno Filho (1997) em ensaios florestais. Esta mudança no ordenamento dos híbridos aumentou sensivelmente tanto com o grau de desbalanceamento quanto com o número de ambientes considerados, como também em função da natureza do caráter (repetibilidade, coeficiente de variação e principalmente da variância genética). Com o aumento do grau de desbalanceamento no conjunto de dados há um aumento na divergência do ordenamento dos híbridos entre os dois métodos estatísticos, pois os valores dos efeitos genotípicos preditos são ponderados em função do número de observações utilizadas (DUARTE; VENCOVSKY, 2001).

Na seleção do híbrido superior, este manteve seu ordenamento indiferente ao tipo de método estatístico utilizado e também ao grau de desbalanceamento dos dados, sendo observadas poucas exceções. As exceções para os caracteres altura de plantas e acamamento de plantas foram nas situações de perda de 50% e 40% dos híbridos dentro de ambientes, respectivamente. Para a produção de grãos as exceções foram nas situações de eliminação de 30% e 50% dos ambientes. No entanto, mesmo nestas exceções, quando foram considerados os valores das diferenças mínimas significativas - DMS, o híbrido considerado superior na situação de dados balanceados, apesar de não ser ordenado como primeiro não diferiu significativamente do considerado superior nas situações com desbalanceamento no conjunto de dados (Tabelas 12 a 17). Iemma (2003) em trabalho semelhante comparou os mesmo métodos estatísticos, os quais apresentaram poucas diferenças no ordenamento de híbridos, não causando dificuldades na identificação dos mais produtivos. Estes resultados indicam a confiabilidade do método REML/BLUP na predição de valores genotípicos sob altas intensidades de seleção.

Houve grande diferença na magnitude dos valores das *DMS* entre as duas situações de dados consideradas, cujos valores obtidos na situação de eliminação de ambientes foram praticamente a metade dos da situação com eliminação de híbridos dentro de ambientes. Isto indicou que, apesar de as duas situações consideradas de conjuntos de dados apresentarem resultados semelhantes no ordenamento de híbridos, a eliminação de ambientes sem desbalanceamento de híbridos mostrou-se mais precisa, pois manteve a ortogonalidade dentro de cada experimento, o que gerou menor magnitude no erro efetivo (Tabelas 12 a 17).

Os resultados deste trabalho permitem reforçar os argumentos citados por Bernardo (1994), mostrando que além de relevante, o uso de técnicas preditivas é uma alternativa viável para diminuir os custos com a avaliação de híbridos em um programa de melhoramento, onde o método REML/BLUP demonstrou confiabilidade para tal finalidade. É importante ressaltar que a confiabilidade dos valores genotípicos preditos via REML/BLUP indicam sofrer maior influência da natureza do caráter considerado do que do número de ambientes considerados, ou ainda, do grau de desbalanceamento nos dados. Entretanto, o método apresenta confiabilidade mesmo na presença de interação genótipo x ambiente do tipo complexa. Deste modo, o método REML/BLUP poderia ser considerado como uma valiosa ferramenta no melhoramento genético de milho para predizer os valores genotípicos dos híbridos sob dados desbalanceados.

3 CONCLUSÕES

Os resultados deste estudo permitem concluir que a predição de valores genotípicos de híbridos simples de milho, utilizando o método REML/BLUP, apresenta confiabilidade sob condições de até 20% de perda de híbridos ou de redução de 23% dos ambientes, mesmo com interação híbridos x ambiente significativa e do tipo complexa. Deste modo, o método REML/BLUP poderia ser considerado como uma valiosa ferramenta no melhoramento genético de milho para predizer os valores genotípicos dos híbridos sob dados desbalanceados.

REFERÊNCIAS

ACOSTA, A.E.; CRANE, P.L. Further selection for lower ear heigth in maize. **Crop Science,** Madison, v. 12, p. 165-167, 1972.

AGUIAR, A.M.; CARLINI-GARCIA, L.A.; SILVA, A.R.; SANTOS, M.F.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA JUNIOR, C.L. Combining ability of inbred lines of maize and stability of their respective single-crosses. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 60, n. 1, p. 83-89, jan./mar. 2003.

ALVES, G.F.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, J.C. Alteracões nas propriedades genéticas da população CMS-39 submetida à seleção massal para prolificidade. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 3, p. 89-101, abr. 2002.

BEARZOTI, E. Emprego de marcadores em modelos mistos. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 4., 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2002. p. 21-43.

BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 1, p. 50-56, Jan./Feb. 1996a.

BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of maize single-cross performance given erroneus inbred relatioships. **Crop Science,** Madison, v. 36, n. 4, p. 862-866, Aug./Sep. 1996b.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants.** Woodbury: Stemma Press, 2002. 369 p.

BERNARDO, R. Genetic models for predicting maize performance in unbalanced yield trial data. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 1, p. 141-147, Jan./Feb. 1995.

BERNARDO, R. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 20-25, Jan./Feb. 1994.

BRASIL Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. **Registro nacional de cultivares:** inclusões. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/cultivares/snpc06.htm> . Acesso em: jan. 2007.

BUENO FILHO, J.S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais.** 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

BUENO FILHO, J.S.S.; VENCOVSKY, R. Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 259-269, fev. 2000b.

BUENO FILHO, J.S.S.; VENCOVSKY, R. Efficiency of combined selection over sequential selection in forest tree progeny trials. **Silvae Genetica**, Hamburg, v. 49, n. 2, p. 169-173, Apr./May 2000a.

CECON, P.R. **Alternativas de análise de experimentos em látice e aplicações no melhoramento vegetal**. 1992. 109 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

COCHRAM, W.G.; COX, G.M. **Experimental designs**. New York: Wiley International, 1957. 611 p.

COELHO, M.A.; CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A. **Rendimento de milho no Brasil:** Chegamos ao máximo? Disponível em: <http://www.potafos.org>. Acesso: 10 jan. 2003.

CORBEIL, R.R.; SEARLE, S.R. Restricted maximum likelihood (REML) estimation of variance components in the mixed model. **Technometrics**, Alexandria, v. 18, n. 1, p. 31-38, Jan./Mar. 1976.

COSTA, R.B.; RESENDE, M.D.V.; ARAÚJO, A.J.; GONÇALVES, P.S.; HIGA, A.R. Selection and genetic gain in rubber tree (*Hevea*) populations using a mixed mating system. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 3, p. 671-679, July/Sep. 2000.

DEMPSTER, A.P.; LAIRD, N.M.; RUBIN, D.B. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. **Journal of the Royal Statistic Society**, Harvard, v. 39, p. 1-38, 1977.

DIACONIS, P.; EFRON, B. Computer-intensive methods in statistics. **Scientific American**, New York, v. 248, n. 5, p. 116–130, May 1983.

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

DUVICK, D.N.; CASSMAN, K.G. Post-green revolution trends in yield potential of temperate maize in the North-Central United States. **Crop Science,** Madison, v. 39, n. 6, p. 1622-1630, Nov./Dec. 1999.

EFRON, B.; TIBSHIRANI, R.J. Statistical data analysis in the computer age. **Science,** Washington, v. 253, n. 5018, p. 390–395, July 1991.

EFRON, B.; TIBSHIRANI, R.J. **An introduction to the bootstrap**. New York:. Chapman and Hall, 1993. 436 p.

EISENHART, C. The assumptions underlying the analysis of variance. **Biometrics,** Washington, v. 3, n. 1, p. 1-21, Jan./Apr. 1947.

EMBRAPA. Milho e Sorgo. **Consulta dos dados de cultivares de milho:** safra 2006/2007. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/consultas2.php3>. Acesso: 10 jan. 2007.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics.** 4. ed. London: Longman Press, 1996. 464 p.

FARIAS NETO, J.T.; RESENDE, M.D.V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes* L.). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 2, p. 320-324, ago. 2001.

FEDERER, W.T. Recovery of interblock, intergradient, and intervariatal information in incomplete block and lattice rectangle designed experiments. **Biometrics,** Washington, v. 54, n. 2, p. 471-481, June 1998.

FREITAS, F.O. **Estudo genético-evolutivo de amostras modernas de milho (*Zea mays mays L*) e feijão (*Phaseolus vulgaris L.*)**. 2001. 144 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

GILMOUR, A.R.; THOMPSON, R.; CULLIS, B.R. Average information REML: an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. **Biometrics**, Washington, v. 51, n. 4, p. 1440-1450, Oct./Dec. 1995.

GRANATE, M.J.; CRUZ, C.D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganhos em famílias de meios-irmãos do milho pipoca CMS-43. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 6, p. 1228-1235, nov./dez. 2002.

GRASER, H.U.; SMITH, S.P.; TIER, B. A derivative free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Madison, v. 64, n. 5, p. 1362-1370, May 1987.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.

HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (Ed.). **Corn and corn improvement**. 3. ed. Madison: Iowa State University Press, 1988. p. 453-464.

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

HARVILLE, D.A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. **Journal of the American Statistical Association**, Washington, v. 72, n. 358, p. 320-328, June 1977.

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

HENDERSON, C.R. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. **Journal of Dairy Sciences**, Savoy, v. 57, n. 8, p. 963-972, Aug. 1974.

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH, 1973, Champaign. **Annals…** Champaign: ASAS, 1973, p. 10-41.

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

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK, C.M. The estimation of environmental and genetic trends from records. **Biometrics**, Washington, v. 15, n. 2, p. 192-218, June 1959.

IEMMA, M. **Uso do melhor preditor linear não viesado (BLUP) em análises dialélicas e predição de híbridos.** 2003. 81 p. Dissertação. (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

JOHNSON, D.L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihook estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average information. **Journal of Dairy Science**, Lancaster, v. 78, p. 449-456, 1995.

JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station**, New Haven, v. 4, n. 8, p. 246-250, Aug. 1918.

JOSEPHSON, L.M.; KINCER, H.C. Selection for lower placement in two synthetic populations of maize. **Crop Science**, Madison, v. 17, p. 499-502, 1977.

KALIL FILHO, A.; RESENDE, M.D.V.; KALIL, G.P.C. Componentes de variância e predição de valores genéticos em seringueira pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 9, p. 1883-1887, set. 2000.

KENNEDY, B.W. Variance component estimation and prediction of breeding values. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, v. 23, n. 4, p. 565-578, 1981.

LIMA, M.L.A.; SOUZA JUNIOR, C.L.; BENTO, D.A.V.; SOUZA, A.P.; CARLINI GARCIA, L.A. Mapping QTL for grain yield and plant traits in a tropical maize population. **Molecular Breeding**, Wageningen, v. 17, n. 3, p. 227-239, Apr. 2006.

LINDSEY, M.F.; LONNQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Estimates of genetic variance in open-pollinated vareaties of corn belt maize. **Crop Science**, Madison, v. 2, p. 105-108, 1962.

MARCELINO, S.D.R.; IEMMA, A.F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 4, p. 643-652, out./dez. 2000.

MARTINEZ, E.D.; LOUZADA-NETO, F. Estimação intervalar via *bootstrap.* **Revista Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 19, p. 217-251, 2001.

McCULLOCH, C.E.; SEARLE, S.R. **Generalized, linear and mixed models**. New York: John Wiley, 2001. 320 p.

MELO, W.M.C.; VON PINHO, R.G.; FERREIRA, D.F. Capacidade combinatória e divergência genética em milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 821-830, jul./ago. 2001.

MEYER, K. Estimation of genetic parameters. In: HILL, W.G.; MACKEY, T.F.C. **Evolution and animal breeding**. Wallingford: CAB International, 1989. p. 161-167.

MILLIKEN, G.A.; JOHNSON, D.E. **Analysis of messy data**. New York: Chapman e Hall, 1992. 473 p.

MIRANDA FILHO, J.B. **Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta**. 1974. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1974.

MIRANDA FILHO, J.B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil.** 2. ed. Piracicaba: ESALQ; Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 620-650.

NUNES, J.A.R.; MORETO, A.L.; RAMALHO, M.A.P. Using genealogy to improve the efficiency selection of pedigree method. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 1, p. 25-30, Jan./Feb. 2008.

OLIVEIRA, V.R.; RESENDE, M.D.V.; NASCIMENTO, C.E.S.; DRUMOND, M.A.; SANTOS, C.A.F. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 26, n. 1, p. 53-56, abr. 2004.

PAIVA, J.R.; CORDEIRO, E.R.; CORRÊA, M.D.M.; RESENDE, M.D.V. Acerola plant selection and breeding value prediction in second selection cycle progenies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 7, n. 2**,** p. 125-132, Apr./June 2007.

PAIVA, J.R.; RESENDE, M.D.V.; CORDEIRO, E.R. Índice multiefeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 6, p. 799-807, jun. 2002.

PANDEY, S.; DIALLO, A.O.; ISLAM, T.M.T.; DEUTSCH, J.A. Progress from selection in eight tropical maize populations using international testing. **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 879-884, 1986.

PANTER, D.M.; ALLEN, F.L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I. Choosing parents. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 2, p. 397-405, Mar./Apr. 1995a.

PANTER, D.M.; ALLEN, F.L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: II Selection of superior crosses from a limited number of yield trials. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 2, p. 405-410, Mar./Apr. 1995b.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, Cambridge, v. 58, n. 2, p. 545-554, Dec. 1971.

PERRI, S.H.V.; IEMMA, A.F. Procedimento "MIXED" do SAS para análise de modelos mistos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 56, n. 4, p. 959-967, out./dez. 1999.

PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection and variety test. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, n. 1, p. 209-228, Jan. 2008.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental.** 14. ed. Piracicaba: ESALQ, 2000. 478 p.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agronômicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações para o uso de aplicativos. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

RAPOSO, F.V.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Alterations in heterosis of maize populations derived from single-cross hybrids after a reciprocal recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 1, p. 74-80, Jan./Mar. 2004.

REGAZZI, A.J.; SILVA, H.D.; VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D. Análise de experimentos em látice quadrado com enfase em componentes de variância e aplicações no melhoramento genético vegetal. II. Análise conjunta. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 11, p. 1987-1997, nov. 1999.

REIS, F.P.; SILVA, J.C.; REGAZZI, A.J.; OLIVEIRA, L.M. Herdabilidades, correlações e índices de seleção em milho. **Revistas Ceres**, Viçosa, v. 29, p. 268-283, 1982.

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

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

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Curitiba, n. 32/33, p. 3-22, jan./dez. 1996a.

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

RIZZO, A.L.; CYMROT, R. Utilização da técnica de reamostragem Bootstrap em aplicaçâo na engenharia de produção. In: ENCONTRO LATINO AMERICANO DE PÓS-GRADUAÇÃO, 6., 2006, São José dos Campos. **Anais…** São José dos Campos: UNIVAP, 2006. p. 488-491.

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

SANTOS, A.H.; BEARZOTI, E.; FERREIRA, D.F.; SILVA FILHO, J.L. Simulação de modelos mistos no delineamento em blocos aumentados. **Scientia Agrícola,** Piracicaba, v. 59, n. 3, p. 483-489, jul./set. 2002.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT software 9.1**. Cary, 2003.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação de coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 5 , p. 683-686, maio 1995.

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

SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Willey, 1971. 532 p.

SHAW, R.G. Maximum-likelihood approaches to quantitative genetics of natural populations. **Evolution**, Lancaster, v. 41, p. 812-826, 1987.

SHULL G.H. Hybridization methods in corn breeding. **American Breeders' Association Report**, Washington, v. 6, p. 63-72, 1910.

SHULL, G.H. A pure line method of corn breeding. **American Breeders' Association Report**, Washington, v. 5, p. 51-59, 1909.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **American Breeders' Association Report**, Washington, v. 4, p. 296-301, 1908.

SILVA, H.D.; REGAZZI, A.J.; CRUZ, C.D.; VIANA, J.M.S. Análise de experimentos em látice quadrado com enfase em componentes de variância e aplicações no melhoramento genético vegetal. I. Análises Individuais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 10, p. 1811-1821, out. 1999.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**: a biometrical approach. 2. ed. New York: McGraw-Hill, 1980. 631 p.

THOMPSON, R. Relationship between the cumulative difference and best linear unbiased predictor methods of evaluating bulls. **Animal Production**, Edinburgh, v. 23, p. 15-24, 1976.

THOMPSON, R. Sire evaluation. **Biometrics**, Washington, v. 35, n. 1, p. 339-353, Mar. 1979.

TROYER, A.F. Background of U.S. hybrid corn. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 3, p. 601-626, May/June, 1999.

TROYER, A.F. Background of US hybrid corn II: Breeding, climate, and food. **Crop Science,** Madison, v. 44, n. 2, p. 370-380, Mar./Apr. 2004.

VALÉRIO FILHO, W.V. **Métodos de Henderson para componentes da variância de dados não balanceados**. 1983. 137 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1983.

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

SEARLE, S.R. **Linear models**. New York: John Willey, 1971. 532 p.

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

WHITE, T.; HODGE, G. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement.** Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 367 p.

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

YATES, F. A new method of arranging variety trials involving a large number of varieties. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 26, n. 3, p. 424-445, June 1936.

ANEXOS

Tabela 1 - Descrição e origem das linhagens em avaliação e linhagens testadoras elites utilizadas para obtenção dos híbridos simples de milho

Número	Linhagem[1]	Origem	Número	Linhagem[1]	Origem
01	16-02 D	IG-2	29	131-01 F	Top Cross
02	25-04 D	IG-2	30	148-03 F	Top Cross
03	27-01 D	IG-2	31	16-04 R	BR-201
04	39-05 D	IG-2	32	16-07 F	BR-201
05	55-02 D	IG-2	33	22-02 D	BR-201
06	66-08 D	IG-2	34	23-05 D	BR-201
07	94-02 D	IG-2	35	24-03 R	BR-201
08	102-02 D	IG-2	36	29-03 D	BR-201
09	120-04 F	IG-2	37	35-04 F	BR-201
10	149-05 D	IG-2	38	44-01 F	BR-201
11	168 F	IG-2	39	48-03 D	BR-201
12	03-01 D	HS-1	40	18-08A F	CMS-05
13	20-02 R	HS-1	41	37-02B D	CMS-05
14	30-07 F	HS-1	42	37-03B D	CMS-05
15	31-01 F	HS-1	43	37-04B F	CMS-05
16	33-04 D	HS-1	44	37-07B D	CMS-05
17	04-05 F	IG-1	45	31 F	606
18	88-05 F	IG-1	46	53 F	606
19	90-05 F	IG-1	47	06-05 D	601
20	8 F	XL-560	48	61-02 F	Top Cross
21	14 D	XL-560	49	84-03 F	Top Cross
22	16 D	XL-560	50	08-04B D	CMS-05
23	56 D	XL-560	51 (T1)	L-08-05 F	IG-1
24	128 D	XL-560	52 (T2)	L-38-05 D	HS-1
25	14-01 F	Top Cross	53 (T3)	L-36-07 F	HS-1
26	45-03 D	Top Cross	54 (T4)	L-49-02 D	Top Cross
27	53-01 F	Top Cross	55 (T5)	L-46-10 D	BR-201
28	82-01 D	Top Cross			

[1] Letra após a identificação das linhagens: D dentado; F flint ou duro e R roxa.

Tabela 2 - Esquema das análises individuais para experimento de avaliação de híbridos simples de milho

FV	GL	QM	F
Repetição	$k-1$	-	-
Blocos/Repetição	$k(j-1)$	-	-
Tratamentos	$t-1$	Q_1	Q_1/Q_2
Resíduo	$(j-1)(kj-j-1)$	Q_2	

k : número de repetições; t : número do tratamento; j : número de tratamentos por bloco.

Tabela 3 - Esquema da análise cinjunta para grupos de experimentos de avaliação de híbridos simples de milho

FV	GL	QM	F
Rep/A	$l(k-1)$	-	-
Blocos/Rep/A	$lk(j-1)$	-	-
Ambientes (A)	$l-1$	Q_1	Q_1/Q_4
Tratamentos (T)	$t-1$	Q_2	Q_2/Q_3
T x A	$(t-1)(l-1)$	Q_3	$Q3/Q_4$
Resíduo	$l(j-1)(kj-j-1)$	Q_4	

k : número de repetições; l :número de ambientes; t : número do tratamento; j : número de tratamentos por bloco.

Tabela 4 - Quadrados médios, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variância individuais em treze ambientes, em híbridos simples de milho, para o caráter produção de grãos (t ha^{-1})

FV	GL	QM					
		EEAN0304[a]	EEAN0405	EEAR0203	EEAR0304	EEAR0405	EECA0203
Híbridos	255	4,14 **	4,19 **	6,50 **	4,19 **	6,86 **	4,57 **
Erro Intra	224	1,00	1,51	1,40	0,84	2,40	0,92
CV %		13,68	14,23	13,43	9,67	22,37	14,04
Média		7,19	8,46	8,71	9,34	6,77	6,75

FV	GL	QM						
		EECA0304[a]	EECA0405	EEDG0203	EEDG0304	EEDG0405	EEPM0405	EEPM0405
Híbridos	255	3,59 **	9,06 **	4,83 **	5,68 **	5,73 **	6,35 **	4,96 **
Erro Intra	224	0,75	3,33	0,91	1,25	1,47	1,40	1,53
CV %		10,52	20,32	12,05	11,55	11,54	11,54	13,22
Média		8,04	8,92	7,77	9,48	10,33	10,12	9,39

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste *F*;

[a] EEAN, EEAR, EECA, EEDG e EEPM, referem-se respectivamente as Estações Experimentais do Anhembi, Areão, Caterpillar, Departamento de Genética e Patos de Minas. Os números 0203, 0304 e 0405 correspondem respectivamente aos anos agrícolas 2002/2003, 2003/2004 e 2004/2005.

Tabela 5 - Quadrados médios, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variância individuais em treze ambientes, em híbridos simples de milho, para o caráter acamamento de plantas

FV	GL	QM					
		EEAN0304[a]	EEAN0405	EEAR0203	EEAR0304	EEAR0405	EECA0203
Híbridos	255	1,18 **	2,56 **	1,40 *	4,77 **	1,15 **	3,43 **
Erro Intra	225	0,70	1,65	1,28	1,82	0,76	1,42
CV %		63,20	48,67	69,31	47,25	69,51	32,18
Média		1,32	2,61	1,61	2,84	1,24	3,66

FV	GL	QM						
		EECA0304[a]	EECA0405	EEDG0203	EEDG0304	EEDG0405	EEPM0405	EEPM0405
Híbridos	255	5,52 **	0,30 *	2,41 **	1,24 ns	1,55 **	5,13 **	6,43 **
Erro Intra	225	1,82	0,24	1,42	1,30	0,88	2,06	2,25
CV %		31,20	55,49	57,21	72,27	61,36	66,55	52,43
Média		4,30	0,87	2,06	1,56	1,51	2,12	2,81

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste *F*;

[a] EEAN, EEAR, EECA, EEDG e EEPM, referem-se respectivamente as Estações Experimentais do Anhembi, Areão, Caterpillar, Departamento de Genética e Patos de Minas. Os números 0203, 0304 e 0405 correspondem respectivamente aos anos agrícolas 2002/2003, 2003/2004 e 2004/2005.

Tabela 6 - Quadrados médios, coeficientes de variação (CV%) e médias das análises de variância individuais em onze ambientes, em híbridos simples de milho, para o caráter altura de plantas (cm)

FV	GL	QM				
		EEAN0304[a]	EEAN0405	EEAR0203	EEAR0304	EECA0203
Híbridos	255	262,31 **	267,87 **	203,59 **	227,65 **	283,58 **
Erro Intra	225	65,14	137,71	82,14	60,43	46,44
CV %		4,34	5,45	4,02	3,56	2,90
Média		182,11	204,45	220,91	212,73	231,63

FV	GL	QM					
		EECA0304[a]	EEDG0203	EEDG0304	EEDG0405	EEPM0405	EEPM0405
Híbridos	255	257,77 **	266,56 **	297,05 **	290,42 **	312,45 **	356,81 **
Erro Intra	225	57,06	103,68	85,10	87,38	135,76	128,02
CV %		3,51	4,32	3,70	4,20	4,26	4,16
Média		209,88	230,71	245,01	217,49	269,68	269,13

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste *F*;

[a] EEAN, EEAR, EECA, EEDG e EEPM, referem-se respectivamente as Estações Experimentais do Anhembi, Areão, Caterpillar, Departamento de Genética e Patos de Minas. Os números 0203, 0304 e 0405 correspondem respectivamente aos anos agrícolas 2002/2003, 2003/2004 e 2004/2005.

Tabela 7 - Quadrados médios, coeficientes de variação (CV%) e médias da análise conjunta, em híbridos simples de milho, para os caracteres produção de grãos (t ha^{-1}), acamamento de plantas e altura de plantas (cm)

FV	GL[b]	QM		GL	QM
		PG[a]	AC		AP
Ambientes (A)	12	730,54 **	520,94 **	10	363680,94 **
Híbridos (H)	255	51,46 **	13,16 **	255	2265,71 **
H x A	3060	2,56 **	2,57 **	2550	120,69 **
Erro Efetivo	2925	1,44	1,35	2475	89,26
CV %		13,22	51,71		3,43
Média Geral		8,56	2,19		226,70

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste *F*;

[a] PG, AC e AP, referem-se à produção de grãos, acamamento de plantas e altura de plantas, respectivamente;

[b] Para produção de grãos os graus de liberdade para o erro efetivo foram de 2912, devido a correção para estande.

Tabela 8 - Coeficiente de determinação fenotípico (R^2) e seus respectivos intervalos de confiança, entre as médias ajustadas e os valores genotípicos preditos (BLUP), nas diferentes variações de perdas de híbridos simples de milho dentro de ambientes, para os caracteres produção de grãos (t ha^{-1}), acamamento de plantas e altura de plantas (cm)

	Percentagem de híbridos eliminados [a]					
Caráter [b]	0%	10%	20%	30%	40%	50%
PG	0,98**	0,96** [c]	0,96**	0,96**	0,96**	0,92**
	-	[0,94 - 0,98][d]	[0,94 - 0,98]	[0,94 - 0,98]	[0,94 - 0,98]	[0,88 - 0,96]
AC	0,98**	0,94**	0,92**	0,86**	0,79**	0,76**
	-	[0,90 - 0,96]	[0,90 - 0,96]	[0,81 - 0,92]	[0,72 - 0,86]	[0,67 - 0,85]
AP	0,98**	0,96**	0,96**	0,96**	0,96**	0,90**
	-	[0,94 - 0,98]	[0,94 - 0,98]	[0,94 - 0,98]	[0,94 - 0,98]	[0,86 - 0,98]

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste *F*;
[a] Valores aproximados;
[b] PG, AC e AP, referem-se à produção de grãos, acamamento de plantas e altura de plantas, respectivamente;
[c] Coeficiente de determinação fenotípico médio;
[d] Limite inferior e superior, respectivamente, obtidos via *Bootstrap* (α=0,05).

Tabela 9 - Coeficiente de determinação fenotípico (R^2) e seus respectivos intervalos de confiança, entre as médias ajustadas e os valores genotípicos preditos (BLUP), nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para os caracteres produção de grãos (t ha^{-1}), acamamento de plantas e altura de plantas (cm) em híbridos simples de milho

	Percentagem de ambientes eliminados					
Caráter [b]	0% [a]	15%	23%	30%	36%	46%
PG	0,98**	0,97** [c]	0,96**	0,94**	0,94**	0,92**
	-	[0,96 - 0,98][d]	[0,94 - 0,98]	[0,92 - 0,98]	[0,90 - 0,96]	[0,86 - 0,94]
AC	0,98**	0,95**	0,92**	0,89**	0,89**	0,79**
	-	[0,94 - 0,96]	[0,88 - 0,94]	[0,85 - 0,92]	[0,77 - 0,90]	[0,71 - 0,86]
AP	0,98**	0,97**	96,04**	94,09**	94,09**	92,16**
	-	[0,96 - 0,98]	[0,94 - 0,98]	[0,92 - 0,98]	[0,90 - 0,96]	[0,88 - 0,94]

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste *F*;
[a] Valores aproximados;
[b] PG, AC e AP, referem-se à produção de grãos, acamamento de plantas e altura de plantas, respectivamente;
[c] Coeficiente de determinação fenotípico médio;
[d] Limite inferior e superior, respectivamente, obtidos via *Bootstrap* (α=0,05).

Tabela 10 – Percentagem de híbridos selecionados em comum por meio das médias ajustadas e dos valores genotípicos preditos (BLUP) e seus respectivos intervalos de confiança, nas diferentes variações de perdas de híbridos simples de milho dentro de ambientes, para os caracteres produção de grãos (t ha^{-1}), acamamento de plantas e altura de plantas (cm)

Caráter [b]	IS [c]	Percentagem de híbridos em comum [a]					
		0%	10%	20%	30%	40%	50%
PG	5	76,90 -	84,62 [d] {77,61 - 89,56}[e]	76,92 [67,05 - 84,1]	76,92 [67,05 - 84,12]	76,92 [67,05 - 84,12]	69,23 [56,87 - 78,54]
	10	92,31 -	92,31 [88,59 -94,85]	88,56 [83,05 - 92,22]	84,62 [77,61 - 89,56]	84,62 [77,61 - 89,56]	76,92 [67,05 - 84,12]
	15	87,18 -	87,18 [81,23 - 91,33]	87,18 [81,23 - 91,33]	84,62 [77,61 - 89,56]	82,05 [74,05 - 87,76]	74,36 [63,61 - 82,28]
	20	92,31 -	92,31 [88,59 - 94,85]	92,31 [88,59 - 94,85]	88,46 [83,05 - 92,22]	84,62 [77,61 - 89,56]	80,77 [72,28 - 86,86]
AC	5	84,60 -	84,62 [77,61 - 89,56]	84,62 [77,61 - 89,56]	61,54 [47,05 - 72,80]	61,54 [47,0 - 72,8]	38,46 [19,60 - 54,6]
	10	80,77 -	73,08 [61,91 - 81,35]	73,08 [61,91 - 81,35]	65,38 [51,91 - 75,69]	61,54 [47,05 - 72,80]	57,69 [42,27 - 69,87]
	15	87,18 -	84,62 [77,61 - 89,56]	82,05 [74,05 - 87,76]	76,92 [67,05 - 84,12]	64,10 [50,28 - 74,73]	58,97 [43,85 - 70,85]
	20	88,46 -	86,54 [80,32 - 90,89]	82,69 [74,94 - 88,21]	76,92 [67,05 - 84,12]	71,15 [59,38 - 79,95]	71,15 [59,38 - 79,95]
AP	5	92,30 -	92,31 [88,59 - 94,85]	92,31 [88,59 - 94,85]	92,31 [88,59 - 94,85]	84,62 [77,61 - 89,56]	84,62 [77,6 1 - 89,56]
	10	96,15 -	88,46 [83,05 - 92,22]	88,46 [83,05 - 92,22]	84,62 [77,61 - 89,56]	84,62 [77,61 - 89,56]	76,92 [67,05 - 84,12]
	15	92,31 -	89,74 [84,89 - 93,10]	87,18 [81,23 - 91,33]	84,62 [77,61 - 89,56]	79,49 [70,53 - 85,95]	76,92 [67,05 - 84,12]
	20	94,23 -	90,38 [85,81 - 93,54]	90,38 [85,81 - 93,54]	84,62 [77,61 - 89,56]	84,62 [77,61 - 89,56]	75,00 [64,47 - 82,74]

[a] Valores aproximados;
[b] PG, AC e AP, referem-se à produção de grãos, acamamento de plantas e altura de plantas, respectivamente;
[c] intensidade de seleção (%)
[d] Percentagem média;
[e] Limite inferior e superior, respectivamente, obtidos via *Bootstrap* (α=0,05).

Tabela 11 – Percentagem de híbridos selecionados em comum por meio das médias ajustadas e dos valores genotípicos preditos (BLUP) e seus respectivos intervalos de confiança, nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para os caracteres produção de grãos (t ha^{-1}), acamamento de plantas e altura de plantas (cm) em híbridos simples de milho

Caráter [b]	IS [c]	Percentagem de ambientes considerados					
		0%[a]	15%	23%	30%	38%	46%
PG	5	76,90 -	84,62 [d] {77,61 - 89,56}[e]	84,62 [77,61 - 89,56]	84,62 [77,61 - 89,56]	76,92 [67,05 - 84,12]	69,23 [56,87 - 78,54]
	10	92,31 -	88,46 [83,05 -92,22]	88,46 [83,05 - 92,22]	80,77 [72,28 - 86,86]	80,77 [72,28 - 86,89]	76,92 [67,05 - 84,12]
	15	92,31 -	92,31 [88,59 - 94,85]	90,38 [85,81 - 93,54]	88,46 [83,05 - 92,22]	88,46 [83,05 - 92,22]	86,54 [80,32 - 90,89]
	20	87,18 -	89,74 [84,89 - 93,10]	87,18 [81,23 - 91,33]	87,18 [81,23 - 91,33]	82,05 [74,05 - 87,76]	79,49 [70,53 - 85,95]
AC	5	84,60 -	84,62 [77,61 - 89,56]	76,92 [67,05 - 84,12]	76,92 [67,05 - 84,12]	61,54 [47,05 - 72,80]	46,15 [28,44 - 60,82]
	10	80,77 -	88,46 [83,05 - 92,22]	76,92 [67,05 - 84,12]	76,92 [67,05 - 84,12]	61,54 [47,05 - 72,80]	57,69 [42,27 - 69,87]
	15	87,18 -	84,62 [77,61 - 89,56]	82,05 [74,05 - 87,76]	79,49 [70,53 - 85,95]	71,79 [60,22 - 80,41]	71,79 [60,22 - 80,41]
	20	88,46 -	88,46 [83,05 - 92,22]	80,77 [72,28 - 86,86]	78,85 [69,65 - 85,49]	78,85 [69,65 - 85,49]	69,23 [56,87 - 78,54]
AP	5	92,30 -	92,31 [88,59 - 94,85]	92,31 [88,59 - 94,85]	92,31 [88,59 - 94,85]	84,62 [77,61 - 89,56]	84,62 [77,61 - 89,56]
	10	96,15 -	92,31 [88,59 - 94,85]	92,31 [88,59 - 94,85]	92,31 [88,59 - 94,85]	80,77 [72,28 - 86,86]	76,92 [67,05 - 84,12]
	15	92,31 -	89,74 [84,89 - 93,10]	87,18 [81,23 - 91,33]	84,62 [77,61 - 89,56]	82,05 [74,05 - 87,76]	76,92 [67,05 - 84,12]
	20	94,23 -	90,38 [85,81 - 93,54]	90,38 [85,81 - 93,54]	88,46 [83,05 - 92,22]	88,46 [83,05 - 92,22]	84,62 [77,61 - 89,56]

[a] Valores aproximados;
[b] PG, AC e AP, referem-se à produção de grãos, acamamento de plantas e altura de plantas, respectivamente;
[c] intensidade de seleção (%)
[d] Percentagem média;
[e] Limite inferior e superior, respectivamente, obtidos via *Bootstrap* (α=0,05).

Tabela 12 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de perdas de híbridos dentro de ambientes, para o caráter produção de grãos (t ha^{-1})[a] (continua)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	10%	HS	20%	HS	30%	HS	40%	HS	50%
1	219	11,81	219	11,67	219	11,65	219	11,80	219	11,92	219	11,57	219	11,82
2	210	11,56	210	11,41	210	11,38	210	11,53	205	11,41	208	11,22	55	11,48
3	226	11,47	226	11,40	226	11,29	226	11,21	210	11,38	226	11,08	208	11,42
4	55	11,30	208	11,09	208	11,04	208	11,16	226	11,25	210	11,03	210	11,32
5	205	11,17	55	11,04	205	10,87	55	11,00	69	11,07	55	10,93	105	11,27
6	208	11,05	205	10,98	55	10,86	209	10,89	55	11,06	105	10,82	250	11,25
7	207	11,02	207	10,89	207	10,82	204	10,88	208	10,98	69	10,68	226	11,16
8	69	11,01	69	10,79	69	10,80	205	10,76	250	10,97	205	10,68	256	11,09
9	250	10,84	105	10,70	209	10,71	207	10,67	245	10,73	203	10,61	205	10,99
10	105	10,81	209	10,70	105	10,68	69	10,66	105	10,61	230	10,57	207	10,72
11	88	10,72	204	10,69	203	10,66	203	10,66	204	10,59	88	10,55	203	10,63
12	245	10,63	203	10,61	211	10,54	230	10,62	203	10,54	204	10,52	209	10,63
13	204	10,62	230	10,54	204	10,53	105	10,57	88	10,53	256	10,49	69	10,59
14	203	10,61	245	10,54	245	10,49	245	10,54	211	10,50	245	10,42	204	10,57
15	211	10,61	250	10,51	230	10,48	211	10,53	108	10,41	211	10,40	211	10,55
16	209	10,57	211	10,47	250	10,47	250	10,50	230	10,39	207	10,39	255	10,54
17	249	10,52	88	10,42	108	10,39	108	10,46	207	10,37	108	10,33	88	10,46
18	77	10,43	108	10,38	249	10,38	88	10,44	77	10,32	100	10,30	245	10,40
19	256	10,40	229	10,31	88	10,30	249	10,43	209	10,31	58	10,28	44	10,34
20	58	10,40	256	10,31	256	10,29	57	10,30	249	10,27	255	10,28	100	10,32
21	108	10,38	249	10,29	229	10,28	229	10,30	244	10,16	253	10,28	206	10,29
22	230	10,36	206	10,13	77	10,18	256	10,17	59	10,15	206	10,21	230	10,27
23	229	10,28	57	10,11	118	10,14	44	10,12	256	10,14	209	10,20	76	10,25
24	255	10,27	118	10,07	206	10,13	206	10,12	229	10,10	250	10,18	129	10,25
25	57	10,21	77	10,07	228	10,01	118	10,08	241	10,07	249	10,17	104	10,23
26	253	10,19	58	10,05	57	9,99	227	10,01	76	10,06	77	10,14	229	10,21

Tabela 12 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de perdas de híbridos dentro de ambientes, para o caráter produção de grãos (t ha^{-1})[a] (conclusão)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	10%	HS	20%	HS	30%	HS	40%	HS	50%
27	206	10,16	227	10,04	44	9,9801	255	10,01	57	10,06	57	10,13	60	10,20
28	67	10,15	44	10,00	100	9,97	228	10,00	8	10,05	44	10,13	227	10,20
29	227	10,11	241	9,99	244	9,96	252	9,99	206	10,05	229	10,11	57	10,14
30	76	10,09	228	9,99	255	9,95	58	9,96	100	10,05	76	10,09	228	10,11
31	59	10,06	76	9,99	227	9,94	119	9,95	118	10,05	227	10,09	38	10,09
32	79	10,02	255	9,98	201	9,94	59	9,94	150	10,05	228	9,97	252	10,03
33	244	10,01	244	9,96	241	9,94	244	9,91	228	9,99	8	9,97	118	10,03
34	95	9,99	59	9,93	150	9,93	241	9,88	67	9,94	38	9,96	249	10,02
35	60	9,96	253	9,92	253	9,92	60	9,88	255	9,93	60	9,96	244	10,01
36	201	9,94	201	9,92	59	9,89	77	9,87	60	9,91	244	9,96	117	9,97
37	241	9,91	150	9,91	60	9,88	150	9,86	246	9,91	201	9,94	253	9,94
38	93	9,91	60	9,89	58	9,88	129	9,84	44	9,91	118	9,94	241	9,87
39	8	9,90	35	9,84	67	9,86	201	9,84	227	9,88	59	9,92	43	9,85
40	35	9,89	67	9,84	252	9,82	100	9,84	252	9,81	252	9,90	254	9,85
41	150	9,89	252	9,83	76	9,80	76	9,77	38	9,79	241	9,89	56	9,83
42	10	9,87	100	9,82	217	9,77	202	9,75	10	9,79	95	9,83	246	9,83
43	228	9,86	217	9,76	8	9,75	225	9,75	128	9,74	217	9,82	108	9,82
44	252	9,86	202	9,76	95	9,69	95	9,73	217	9,74	67	9,79	126	9,80
45	73	9,83	246	9,73	246	9,69	253	9,73	58	9,70	150	9,74	217	9,79
46	202	9,82	38	9,71	225	9,68	104	9,71	79	9,70	254	9,72	77	9,79
47	118	9,81	225	9,67	73	9,68	251	9,70	201	9,69	246	9,71	10	9,78
48	100	9,79	8	9,64	35	9,64	217	9,68	35	9,69	56	9,69	201	9,77
49	251	9,79	79	9,62	129	9,61	56	9,65	144	9,66	10	9,69	123	9,72
50	217	9,78	95	9,62	128	9,60	242	9,64	253	9,64	202	9,67	59	9,67
51	246	9,77	129	9,62	251	9,60	79	9,63	129	9,62	104	9,63	58	9,64
52	44	9,77	238	9,62	242	9,59	73	9,63	73	9,61	238	9,52	128	9,62
DMS [d]		0,87		0,58		0,63		0,63		0,69		0,71		0,78

[a] Considerando a seleção de 5, 10, 15 e 20% dos híbridos simples superiores para o caráter avaliado, onde seus limites são respectivamente as posições 13, 26, 39 e 52 no ordenamento.
[b] HS: Híbrido simples; [c] Percentagem de híbridos eliminados (valores aproximados); [d] DMS: Diferença mínima significativa a 5% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 13 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de perdas de híbridos dentro de ambientes, para o caráter acamamento de plantas[a] (continua)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	10%	HS	20%	HS	30%	HS	40%	HS	50%
1	203	0,86	203	1,06	203	1,02	203	0,99	203	1,03	104	1,09	203	1,18
2	165	1,03	140	1,17	200	1,21	156	1,11	200	1,17	140	1,09	240	1,20
3	110	1,05	156	1,22	156	1,22	200	1,21	156	1,22	203	1,12	165	1,21
4	198	1,10	200	1,25	151	1,26	157	1,23	208	1,23	240	1,12	175	1,24
5	157	1,12	151	1,26	90	1,31	110	1,27	210	1,27	111	1,14	67	1,26
6	156	1,12	111	1,27	110	1,33	140	1,27	250	1,29	67	1,17	140	1,29
7	57	1,13	90	1,33	240	1,33	240	1,28	225	1,31	90	1,24	151	1,30
8	200	1,15	110	1,34	198	1,34	111	1,29	198	1,32	124	1,25	200	1,35
9	140	1,15	157	1,36	111	1,36	198	1,34	165	1,36	101	1,26	90	1,35
10	151	1,16	198	1,37	157	1,37	165	1,34	140	1,37	68	1,26	153	1,35
11	101	1,17	240	1,37	107	1,38	90	1,34	57	1,37	57	1,30	156	1,37
12	90	1,20	57	1,38	180	1,38	101	1,38	240	1,40	58	1,37	104	1,37
13	111	1,22	107	1,39	57	1,39	190	1,42	90	1,42	99	1,39	157	1,38
14	107	1,24	101	1,40	165	1,40	250	1,44	157	1,43	210	1,39	119	1,38
15	190	1,24	165	1,41	250	1,42	151	1,46	252	1,44	74	1,40	100	1,38
16	153	1,27	124	1,42	101	1,45	147	1,46	129	1,45	151	1,43	210	1,39
17	150	1,29	104	1,43	140	1,45	68	1,47	104	1,46	107	1,45	250	1,41
18	142	1,30	250	1,45	225	1,45	124	1,48	190	1,46	200	1,46	111	1,43
19	250	1,31	180	1,46	147	1,47	180	1,48	207	1,48	103	1,47	130	1,43
20	206	1,32	225	1,46	209	1,47	208	1,48	201	1,48	142	1,47	204	1,43
21	180	1,33	153	1,47	124	1,47	210	1,49	101	1,49	153	1,48	68	1,44
22	104	1,34	207	1,49	210	1,47	150	1,50	153	1,50	129	1,49	54	1,45
23	240	1,35	252	1,50	153	1,48	252	1,51	67	1,50	110	1,49	57	1,46
24	124	1,40	142	1,51	207	1,48	53	1,51	130	1,51	63	1,50	201	1,46
25	168	1,41	208	1,51	129	1,50	142	1,52	110	1,51	55	1,50	198	1,47
26	175	1,42	129	1,51	208	1,51	209	1,52	107	1,51	250	1,51	99	1,47

Tabela 13 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de perdas de híbridos dentro de ambientes, para o caráter acamamento de plantas [a] (conclusão)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	10%	HS	20%	HS	30%	HS	40%	HS	50%
27	229	1,43	190	1,53	252	1,51	98	1,53	223	1,55	105	1,52	55	1,47
28	252	1,43	103	1,54	168	1,52	103	1,56	151	1,55	206	1,53	105	1,51
29	105	1,43	210	1,54	103	1,52	206	1,56	88	1,55	98	1,53	224	1,53
30	53	1,44	175	1,55	104	1,53	225	1,56	124	1,57	70	1,54	110	1,55
31	225	1,45	206	1,56	150	1,55	223	1,57	197	1,57	56	1,55	145	1,55
32	208	1,49	150	1,57	206	1,55	107	1,58	175	1,57	156	1,55	167	1,56
33	98	1,49	105	1,58	190	1,56	155	1,59	111	1,57	208	1,55	159	1,57
34	207	1,49	98	1,59	229	1,56	137	1,59	119	1,58	223	1,56	190	1,57
35	158	1,50	229	1,59	51	1,57	168	1,61	98	1,58	225	1,56	107	1,57
36	137	1,50	137	1,59	98	1,59	57	1,61	220	1,58	130	1,56	98	1,57
37	129	1,52	147	1,59	223	1,60	153	1,62	92	1,59	119	1,57	106	1,58
38	210	1,53	119	1,60	145	1,60	99	1,62	180	1,59	252	1,57	207	1,58
39	248	1,53	223	1,60	68	1,60	104	1,62	206	1,60	92	1,57	103	1,59
40	103	1,53	168	1,60	248	1,62	51	1,63	155	1,60	75	1,58	124	1,59
41	147	1,53	209	1,60	130	1,62	120	1,65	142	1,62	40	1,59	92	1,60
42	51	1,54	130	1,63	67	1,63	129	1,65	74	1,63	256	1,60	137	1,60
43	201	1,54	248	1,63	175	1,63	105	1,65	103	1,63	108	1,60	252	1,60
44	174	1,54	51	1,63	218	1,64	130	1,67	209	1,64	229	1,61	56	1,61
45	155	1,55	68	1,64	142	1,65	159	1,67	159	1,64	100	1,62	94	1,62
46	68	1,55	67	1,64	137	1,66	248	1,67	172	1,66	88	1,62	218	1,63
47	54	1,57	201	1,66	119	1,66	229	1,68	150	1,66	248	1,63	225	1,63
48	130	1,59	74	1,68	201	1,66	55	1,69	211	1,66	137	1,66	75	1,65
49	56	1,59	120	1,68	74	1,68	207	1,70	205	1,67	201	1,66	129	1,65
50	58	1,59	256	1,68	53	1,68	56	1,70	229	1,67	198	1,67	72	1,66
51	67	1,60	155	1,68	108	1,68	220	1,72	168	1,69	69	1,68	256	1,66
52	119	1,60	218	1,69	199	1,68	88	1,72	72	1,69	60	1,70	69	1,66
DMS [d]		0,87		0,51		0,53		0,55		0,57		0,61		0,67

[a] Considerando a seleção de 5, 10, 15 e 20% dos híbridos simples superiores para o caráter avaliado, onde seus limites são respectivamente as posições 13, 26, 39 e 52 no ordenamento.
[b] HS: Híbrido simples; [c] Percentagem de híbridos eeliminados (valores aproximados); [d] DMS: Diferença mínima significativa a 5% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 14 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de perdas de híbridos dentro de ambientes, para o caráter altura de plantas (cm)[a] (continua)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	10%	HS	20%	HS	30%	HS	40%	HS	50%
1	112	186,61	112	187,68	112	188,00	112	188,13	112	188,74	112	186,49	173	196,86
2	162	196,47	162	198,37	162	198,95	162	199,26	162	199,54	236	197,23	112	196,87
3	236	198,84	236	200,85	173	202,40	173	199,83	236	203,60	162	199,95	162	197,79
4	173	200,45	173	201,22	236	203,46	236	201,93	254	204,32	173	202,38	20	202,40
5	251	202,14	170	204,24	170	204,66	170	203,68	20	204,41	170	205,67	236	204,94
6	170	202,43	251	206,08	251	206,25	251	206,77	173	204,60	212	206,29	170	205,69
7	254	203,67	254	206,47	254	206,64	254	207,03	251	204,72	251	206,29	212	206,22
8	253	206,19	212	206,81	212	206,86	212	207,53	253	204,80	254	208,65	253	207,24
9	212	206,58	20	207,99	20	207,80	253	208,08	212	205,75	20	209,00	254	207,50
10	20	207,71	253	208,57	253	208,40	115	208,41	170	206,45	220	209,10	251	207,82
11	62	208,27	62	209,63	113	210,25	20	209,08	62	207,80	253	209,17	62	209,93
12	220	208,74	113	210,88	220	210,88	62	209,57	22	211,37	62	211,47	134	210,42
13	134	209,17	220	210,88	134	211,15	22	209,77	113	211,82	113	211,69	220	212,72
14	113	209,67	115	211,38	62	211,43	134	209,95	220	211,89	120	212,00	40	212,73
15	22	209,72	134	211,56	22	211,96	220	210,21	120	212,09	22	212,42	115	212,76
16	115	210,97	22	212,30	115	212,46	168	211,38	115	212,56	115	212,61	240	214,26
17	198	211,53	240	212,53	240	212,48	240	212,09	240	213,13	190	212,68	197	214,50
18	252	211,79	168	212,60	175	212,79	175	212,93	223	213,38	240	213,31	22	214,77
19	175	211,96	190	213,10	190	213,48	197	213,68	134	213,65	198	213,66	241	214,97
20	190	212,50	175	213,33	168	213,58	120	213,90	252	213,82	239	213,77	223	215,13
21	120	212,89	120	213,63	192	214,25	198	213,91	190	213,84	223	214,02	120	215,29
22	168	213,03	239	214,40	239	214,30	190	214,11	168	213,92	134	214,34	113	215,51
23	223	213,06	198	214,55	198	214,72	172	214,42	239	214,57	252	214,72	196	215,60
24	239	213,30	172	214,88	252	214,90	139	214,73	197	215,39	168	215,01	190	215,63
25	172	213,59	197	214,89	235	214,94	235	215,03	40	215,80	171	215,07	159	215,65
26	197	213,62	223	214,91	223	214,95	239	215,18	172	216,00	193	215,24	72	216,20

Tabela 14 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de perdas de híbridos dentro de ambientes, para o caráter altura de plantas (cm) [a] (conclusão)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	10%	HS	20%	HS	30%	HS	40%	HS	50%
27	240	213,73	235	215,03	120	215,22	241	215,27	235	216,19	136	215,26	175	216,29
28	235	213,97	252	215,15	193	215,24	223	215,29	136	216,20	241	215,67	23	216,56
29	242	214,34	192	215,24	197	215,48	252	215,77	175	216,24	192	215,73	193	216,86
30	193	214,35	193	215,32	172	215,82	113	215,80	241	216,24	176	216,01	135	216,87
31	241	214,51	221	216,07	241	216,33	164	215,99	139	216,30	152	216,04	63	216,97
32	63	215,30	164	216,15	221	216,39	114	216,11	176	216,36	174	216,20	121	216,98
33	221	215,69	241	216,22	164	216,45	221	216,17	164	216,80	221	216,27	252	217,04
34	222	216,08	176	216,49	63	216,59	192	216,20	192	217,01	222	216,27	2	217,16
35	192	216,10	222	216,70	222	216,86	176	216,31	222	217,03	235	216,37	168	217,16
36	191	216,17	174	216,99	163	216,97	191	216,34	171	217,05	167	216,70	143	217,23
37	171	216,17	242	217,12	167	217,05	135	216,43	135	217,23	40	216,75	242	217,37
38	114	216,37	63	217,27	135	217,23	196	216,72	224	217,51	175	216,79	235	217,38
39	124	216,54	171	217,29	242	217,23	63	216,80	25	217,77	197	216,91	239	217,60
40	248	216,59	135	217,40	171	217,74	242	217,00	163	217,82	184	216,98	136	217,72
41	174	216,97	163	217,43	224	217,81	174	217,02	174	217,82	63	217,10	163	217,83
42	139	216,99	191	217,58	248	217,86	222	217,06	198	217,91	248	217,14	171	218,12
43	164	217,11	224	217,73	174	218,05	163	217,39	242	217,94	72	217,31	39	218,16
44	214	217,50	167	217,78	136	218,08	167	217,48	221	217,96	2	217,92	191	218,28
45	135	217,66	248	217,91	196	218,10	171	217,57	48	218,07	178	217,94	21	218,40
46	176	217,75	136	218,07	114	218,10	224	217,98	191	218,32	135	217,99	192	218,46
47	40	217,99	196	218,22	176	218,56	248	218,18	159	218,36	12	218,17	172	218,48
48	196	218,02	114	218,22	23	218,73	40	218,21	63	218,59	242	218,24	198	218,60
49	178	218,09	139	218,49	191	218,75	184	218,23	215	218,62	164	218,50	222	218,69
50	136	218,39	184	218,64	184	218,89	187	218,79	214	218,70	191	218,51	189	218,72
51	2	218,44	124	218,81	139	218,94	193	219,14	213	218,71	189	218,56	225	218,81
52	224	218,49	178	218,96	124	219,19	136	219,15	23	218,84	172	218,59	140	218,89
DMS [d]		5,97		4,99		5,17		5,41		5,68		6,29		6,86

[a] Considerando a seleção de 5, 10, 15 e 20% dos híbridos simples superiores para o caráter avaliado, onde seus limites são respectivamente as posições 13, 26, 39 e 52 no ordenamento.
[b] HS: Híbrido simples; [c] Percentagem de híbridos eliminados (valores aproximados); [d] DMS: Diferença mínima significativa a 5% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 15 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para o caráter produção de grãos (t ha^{-1})[a] (continua)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	15%	HS	23%	HS	30%	HS	38%	HS	46%
1	219	11,81	219	11,67	219	11,66	219	11,28	210	11,38	219	11,88	226	10,99
2	210	11,56	210	11,41	210	11,38	226	11,19	219	11,37	210	11,48	219	10,74
3	226	11,47	226	11,40	226	11,34	210	10,94	226	11,27	226	11,32	210	10,73
4	55	11,30	208	11,09	205	11,02	205	10,84	205	10,93	207	10,99	55	10,67
5	205	11,17	55	11,04	55	10,93	208	10,76	204	10,92	208	10,97	208	10,49
6	208	11,05	205	10,98	208	10,93	55	10,75	105	10,90	205	10,97	211	10,49
7	207	11,02	207	10,89	207	10,82	204	10,70	55	10,79	69	10,77	250	10,35
8	69	11,01	69	10,79	209	10,72	105	10,55	208	10,79	55	10,66	88	10,33
9	250	10,84	105	10,70	69	10,72	209	10,47	69	10,62	209	10,63	207	10,20
10	105	10,81	209	10,70	204	10,58	207	10,37	209	10,56	203	10,57	105	10,19
11	88	10,72	204	10,69	250	10,58	245	10,31	207	10,49	249	10,46	203	10,19
12	245	10,63	203	10,61	211	10,54	250	10,29	203	10,42	230	10,44	209	10,16
13	204	10,62	230	10,54	203	10,49	69	10,28	230	10,34	256	10,44	256	10,12
14	203	10,61	245	10,54	245	10,48	230	10,28	88	10,29	88	10,39	205	10,09
15	211	10,61	250	10,51	105	10,44	211	10,23	245	10,26	105	10,37	58	10,05
16	209	10,57	211	10,47	256	10,40	206	10,20	229	10,19	245	10,33	57	10,02
17	249	10,52	88	10,42	230	10,34	203	10,19	249	10,17	204	10,32	249	9,97
18	77	10,43	108	10,38	88	10,29	108	10,15	60	10,05	60	10,32	204	9,96
19	256	10,40	229	10,31	108	10,27	88	10,13	228	10,03	108	10,31	245	9,93
20	58	10,40	256	10,31	229	10,21	256	10,11	206	10,03	229	10,30	35	9,80
21	108	10,38	249	10,29	249	10,13	249	10,03	108	10,02	228	10,22	67	9,79
22	230	10,36	206	10,13	57	10,11	118	9,90	244	10,01	44	10,21	108	9,77
23	229	10,28	57	10,11	118	10,07	59	9,90	44	9,97	255	10,21	69	9,75
24	255	10,27	118	10,07	255	10,01	241	9,89	250	9,96	211	10,17	241	9,75
25	57	10,21	77	10,07	206	10,00	67	9,88	211	9,88	253	10,10	206	9,74
26	253	10,19	58	10,05	241	9,95	227	9,81	57	9,87	250	10,05	56	9,74

Tabela 15 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para o caráter produção de grãos (t ha^{-1})[a] (conclusão)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	15%	HS	23%	HS	30%	HS	38%	HS	46%
27	206	10,16	227	10,04	76	9,94	77	9,81	241	9,86	58	10,03	100	9,70
28	67	10,15	44	10,00	58	9,94	244	9,81	77	9,85	244	10,03	150	9,69
29	227	10,11	241	9,99	228	9,89	229	9,79	253	9,83	57	9,98	230	9,69
30	76	10,09	228	9,99	67	9,88	150	9,77	255	9,82	76	9,97	228	9,59
31	59	10,06	76	9,99	227	9,86	57	9,76	227	9,79	59	9,94	229	9,58
32	79	10,02	255	9,98	244	9,86	228	9,71	76	9,75	206	9,91	79	9,58
33	244	10,01	244	9,96	77	9,86	253	9,67	201	9,75	150	9,90	201	9,58
34	95	9,99	59	9,93	252	9,84	255	9,66	246	9,74	118	9,85	118	9,57
35	60	9,96	253	9,92	44	9,83	38	9,65	256	9,72	252	9,83	251	9,56
36	201	9,94	201	9,92	60	9,80	58	9,64	129	9,72	201	9,81	227	9,53
37	241	9,91	150	9,91	8	9,77	44	9,63	59	9,71	128	9,76	59	9,53
38	93	9,91	60	9,89	201	9,77	60	9,62	202	9,71	129	9,73	127	9,52
39	8	9,90	35	9,84	59	9,76	201	9,60	67	9,69	77	9,72	60	9,51
40	35	9,89	67	9,84	246	9,74	35	9,59	225	9,67	217	9,72	244	9,49
41	150	9,89	252	9,83	253	9,73	100	9,58	254	9,65	8	9,72	255	9,49
42	10	9,87	100	9,82	35	9,70	104	9,52	118	9,65	251	9,69	253	9,48
43	228	9,86	217	9,76	217	9,69	119	9,52	73	9,60	246	9,68	246	9,42
44	252	9,86	202	9,76	150	9,68	129	9,49	95	9,60	241	9,66	104	9,39
45	73	9,83	246	9,73	202	9,68	252	9,48	252	9,59	202	9,65	77	9,37
46	202	9,82	38	9,71	95	9,66	8	9,47	238	9,55	100	9,65	252	9,36
47	118	9,81	225	9,67	100	9,62	246	9,47	150	9,53	95	9,63	217	9,33
48	100	9,79	8	9,64	251	9,62	95	9,44	35	9,53	111	9,62	8	9,33
49	251	9,79	79	9,62	225	9,61	10	9,43	160	9,52	78	9,60	90	9,31
50	217	9,78	95	9,62	38	9,60	217	9,41	119	9,49	242	9,60	75	9,29
51	246	9,77	129	9,62	238	9,54	254	9,38	38	9,49	56	9,59	44	9,28
52	44	9,77	238	9,62	56	9,52	79	9,37	93	9,48	227	9,59	78	9,27
DMS [d]		0,87		0,30		0,31		0,33		0,36		0,36		0,33

[a] Considerando a seleção de 5, 10, 15 e 20% dos híbridos simples superiores para o caráter avaliado, onde seus limites são respectivamente as posições 13, 26, 39 e 52 no ordenamento.
[b] HS: Híbrido simples; [c] Percentagem de ambientes eliminados; [d] DMS: Diferença mínima significativa a 5% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 16 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para o caráter acamamento de plantas [a] (continua)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	15%	HS	23%	HS	30%	HS	38%	HS	46%
1	203	0,86	203	1,06	203	1,10	203	1,15	203	1,05	203	1,00	203	1,34
2	165	1,03	140	1,17	140	1,21	57	1,16	140	1,21	140	1,08	140	1,35
3	110	1,05	156	1,22	200	1,25	140	1,17	142	1,26	90	1,27	200	1,41
4	198	1,10	200	1,25	111	1,26	200	1,26	104	1,26	151	1,30	57	1,46
5	157	1,12	151	1,26	156	1,26	157	1,33	88	1,32	111	1,34	156	1,53
6	156	1,12	111	1,27	151	1,30	156	1,34	208	1,33	198	1,35	90	1,53
7	57	1,13	90	1,33	240	1,37	90	1,36	90	1,34	200	1,37	153	1,54
8	200	1,15	110	1,34	90	1,38	198	1,37	156	1,37	156	1,37	157	1,60
9	140	1,15	157	1,36	110	1,39	151	1,39	103	1,39	104	1,38	240	1,60
10	151	1,16	198	1,37	157	1,42	111	1,41	252	1,41	157	1,39	111	1,60
11	101	1,17	240	1,37	198	1,42	180	1,41	53	1,41	252	1,40	198	1,61
12	90	1,20	57	1,38	124	1,43	240	1,41	200	1,44	240	1,45	168	1,62
13	111	1,22	107	1,39	57	1,44	107	1,43	151	1,44	107	1,45	252	1,63
14	107	1,24	101	1,40	107	1,45	165	1,43	250	1,45	101	1,46	124	1,64
15	190	1,24	165	1,41	250	1,45	110	1,44	107	1,45	225	1,46	206	1,65
16	153	1,27	124	1,42	252	1,45	142	1,44	207	1,46	209	1,48	104	1,65
17	150	1,29	104	1,43	101	1,46	210	1,44	225	1,46	40	1,50	210	1,68
18	142	1,30	250	1,45	165	1,47	250	1,44	180	1,46	56	1,53	180	1,68
19	250	1,31	180	1,46	225	1,47	153	1,46	130	1,47	190	1,54	151	1,69
20	206	1,32	225	1,46	104	1,49	168	1,48	153	1,47	68	1,54	225	1,69
21	180	1,33	153	1,47	207	1,49	150	1,48	150	1,48	142	1,54	201	1,71
22	104	1,34	207	1,49	208	1,50	104	1,48	111	1,48	207	1,55	103	1,73
23	240	1,35	252	1,50	180	1,52	190	1,49	210	1,48	165	1,55	250	1,73
24	124	1,40	142	1,51	210	1,52	206	1,49	204	1,48	208	1,55	229	1,75
25	168	1,41	208	1,51	153	1,53	208	1,51	220	1,49	92	1,56	110	1,76
26	175	1,42	129	1,51	201	1,55	101	1,51	57	1,49	98	1,56	165	1,76

Tabela 16 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para o caráter acamamento de plantas [a] (conclusão)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	15%	HS	23%	HS	30%	HS	38%	HS	46%
27	229	1,43	190	1,53	103	1,55	229	1,52	198	1,49	110	1,58	222	1,78
28	252	1,43	103	1,54	168	1,57	225	1,53	110	1,50	180	1,59	175	1,80
29	105	1,43	210	1,54	142	1,57	124	1,54	190	1,51	119	1,59	218	1,81
30	53	1,44	175	1,55	129	1,58	209	1,55	105	1,51	229	1,60	107	1,82
31	225	1,45	206	1,56	98	1,59	222	1,56	119	1,53	153	1,61	74	1,83
32	208	1,49	150	1,57	105	1,60	103	1,57	124	1,53	124	1,62	101	1,84
33	98	1,49	105	1,58	190	1,60	252	1,57	165	1,53	88	1,62	190	1,89
34	207	1,49	98	1,59	223	1,62	105	1,57	155	1,54	150	1,64	209	1,89
35	158	1,50	229	1,59	175	1,62	137	1,58	93	1,54	130	1,64	208	1,91
36	137	1,50	137	1,59	51	1,63	67	1,58	56	1,54	250	1,64	223	1,91
37	129	1,52	147	1,59	206	1,63	201	1,58	101	1,55	51	1,65	137	1,91
38	210	1,53	119	1,60	150	1,64	187	1,59	92	1,55	223	1,65	67	1,92
39	248	1,53	223	1,60	53	1,65	147	1,59	129	1,58	129	1,66	129	1,93
40	103	1,53	168	1,60	68	1,66	248	1,60	256	1,60	155	1,66	51	1,95
41	147	1,53	209	1,60	229	1,66	170	1,61	229	1,61	175	1,66	147	1,95
42	51	1,54	130	1,63	137	1,67	207	1,62	157	1,61	256	1,67	211	1,96
43	201	1,54	248	1,63	147	1,67	74	1,62	138	1,61	125	1,67	88	1,96
44	174	1,54	51	1,63	119	1,67	129	1,63	91	1,62	205	1,69	248	1,98
45	155	1,55	68	1,64	209	1,68	223	1,63	205	1,63	99	1,70	207	1,98
46	68	1,55	67	1,64	74	1,70	130	1,64	240	1,63	57	1,71	105	1,98
47	54	1,57	201	1,66	130	1,70	175	1,64	98	1,63	120	1,71	256	1,98
48	130	1,59	74	1,68	248	1,71	220	1,64	54	1,64	74	1,72	55	1,99
49	56	1,59	120	1,68	218	1,71	119	1,65	95	1,66	247	1,72	150	1,99
50	58	1,59	256	1,68	67	1,72	158	1,65	206	1,66	220	1,72	174	2,03
51	67	1,60	155	1,68	247	1,73	205	1,66	144	1,66	55	1,74	205	2,04
52	119	1,60	218	1,69	108	1,74	218	1,66	68	1,68	103	1,74	63	2,05
DMS [d]		0,87		0,26		0,27		0,27		0,27		0,34		0,36

[a] Considerando a seleção de 5, 10, 15 e 20% dos híbridos simples superiores para o caráter avaliado, onde seus limites são respectivamente as posições 13, 26, 39 e 52 no ordenamento.
[b] HS: Híbrido simples; [c] Percentagem de ambientes eliminados; [d] DMS: Diferença mínima significativa a 5% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 17 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para o caráter altura de plantas (cm)[a] (continua)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	15%	HS	23%	HS	30%	HS	38%	HS	46%
1	112	186,61	112	187,68	112	184,23	112	186,64	112	180,42	112	191,08	112	181,89
2	162	196,47	162	198,37	162	196,80	162	195,63	162	187,19	162	199,79	162	193,82
3	236	198,84	236	200,85	236	199,18	173	199,59	173	187,86	173	202,08	173	197,77
4	173	200,45	173	201,22	173	200,10	236	199,90	170	190,09	236	202,47	236	198,76
5	251	202,14	170	204,24	170	202,94	170	202,24	236	192,00	251	205,49	212	201,04
6	170	202,43	251	206,08	212	204,57	251	203,35	254	193,17	212	207,39	170	202,23
7	254	203,67	254	206,47	251	204,69	20	204,58	251	194,22	170	207,50	20	202,24
8	253	206,19	212	206,81	254	205,04	254	204,84	253	194,93	254	209,98	254	202,30
9	212	206,58	20	207,99	253	206,42	212	205,36	20	196,31	253	211,04	251	202,94
10	20	207,71	253	208,57	20	207,40	253	205,42	220	197,39	115	211,55	253	203,40
11	62	208,27	62	209,63	62	208,34	220	208,25	212	197,55	62	211,99	134	206,15
12	220	208,74	113	210,88	113	208,38	134	209,27	240	198,37	220	212,18	62	206,20
13	134	209,17	220	210,88	115	209,43	113	209,34	239	198,94	134	212,21	113	206,24
14	113	209,67	115	211,38	134	209,57	175	209,92	168	199,08	239	213,33	120	207,02
15	22	209,72	134	211,56	220	209,64	62	210,23	235	199,31	20	213,57	220	207,20
16	115	210,97	22	212,30	240	211,10	168	210,82	62	199,55	22	213,73	115	207,34
17	198	211,53	240	212,53	168	211,56	223	210,84	190	200,36	175	214,27	240	207,84
18	252	211,79	168	212,60	175	211,57	115	211,19	197	201,03	164	214,54	114	209,55
19	175	211,96	190	213,10	190	211,64	197	211,42	176	201,33	120	214,63	223	209,73
20	190	212,50	175	213,33	120	211,82	240	211,92	192	201,57	242	215,27	252	210,01
21	120	212,89	120	213,63	22	212,00	239	211,94	113	201,61	240	215,36	168	210,04
22	168	213,03	239	214,40	197	213,16	120	212,29	175	201,76	235	215,55	197	210,15
23	223	213,06	198	214,55	198	213,21	252	212,46	22	201,79	172	215,62	198	210,56
24	239	213,30	172	214,88	252	213,33	190	213,06	115	201,80	168	215,72	190	210,73
25	172	213,59	197	214,89	193	213,54	172	213,13	174	202,12	163	215,97	175	210,77
26	197	213,62	223	214,91	223	213,64	192	213,50	223	202,13	223	216,14	22	210,91

Tabela 17 - Híbridos selecionados por meio das médias ou dos valores genotípicos, a partir dos resultados da primeira das 1.000 reamostragens *Bootstrap* realizadas, nas diferentes variações de eliminação de ambientes, para o caráter altura de plantas (cm)[a] (conclusão)

		Médias	Valores genotípicos preditos											
Ordenamento	HS [b]	ajustadas	HS	0% [c]	HS	15%	HS	23%	HS	30%	HS	38%	HS	46%
27	240	213,73	235	215,03	235	213,90	22	213,55	120	202,23	190	216,59	63	210,95
28	235	213,97	252	215,15	172	213,90	164	214,19	171	202,65	113	216,59	239	211,29
29	242	214,34	192	215,24	239	214,02	114	214,21	198	203,23	221	216,68	193	211,29
30	193	214,35	193	215,32	241	214,45	235	214,33	222	203,39	241	216,92	235	211,48
31	241	214,51	221	216,07	221	214,55	135	214,72	139	203,56	198	217,18	136	211,64
32	63	215,30	164	216,15	192	214,59	222	214,90	178	203,64	176	217,20	192	211,84
33	221	215,69	241	216,22	164	214,60	196	215,33	172	203,86	174	217,27	172	212,15
34	222	216,08	176	216,49	176	215,12	242	215,37	221	203,98	252	217,42	135	212,22
35	192	216,10	222	216,70	242	215,31	193	215,46	134	204,40	224	217,72	241	212,28
36	191	216,17	174	216,99	163	215,37	198	215,48	121	204,64	142	217,73	214	212,46
37	171	216,17	242	217,12	167	215,47	124	215,82	252	204,73	191	217,75	2	213,21
38	114	216,37	63	217,27	136	215,56	241	215,85	191	204,91	167	217,81	242	213,49
39	124	216,54	171	217,29	114	215,58	221	215,88	23	205,03	139	217,84	164	213,64
40	248	216,59	135	217,40	224	215,61	63	215,97	241	205,15	197	217,89	124	213,65
41	174	216,97	163	217,43	63	215,70	23	216,16	248	205,38	193	218,18	163	213,82
42	139	216,99	191	217,58	171	215,73	214	216,36	167	205,38	215	218,21	25	213,84
43	164	217,11	224	217,73	135	215,84	163	216,45	242	205,49	63	218,33	217	213,95
44	214	217,50	167	217,78	222	215,87	176	216,80	163	205,50	192	218,63	171	213,97
45	135	217,66	248	217,91	174	216,13	121	216,83	164	205,51	135	218,97	221	214,05
46	176	217,75	136	218,07	184	216,30	187	216,84	224	205,83	171	219,18	224	214,19
47	40	217,99	196	218,22	248	216,35	248	217,40	2	206,25	248	219,31	248	214,23
48	196	218,02	114	218,22	191	216,49	167	217,41	63	206,49	178	219,39	184	214,49
49	178	218,09	139	218,49	214	216,99	171	217,65	196	206,53	2	219,40	23	214,50
50	136	218,39	184	218,64	189	217,35	139	217,80	135	206,61	222	219,52	176	214,83
51	2	218,44	124	218,81	124	217,46	234	217,95	193	206,72	196	220,09	234	214,84
52	224	218,49	178	218,96	25	217,46	48	218,04	215	206,91	184	220,09	216	215,28
DMS [d]		5,97		2,54		2,67		2,76		3,16		3,25		2,94

[a] Considerando a seleção de 5, 10, 15 e 20% dos híbridos simples superiores para o caráter avaliado, onde seus limites são respectivamente as posições 13, 26, 39 e 52 no ordenamento.
[b] HS: Híbrido simples; [c] Percentagem de ambientes eliminados; [d] DMS: Diferença mínima significativa a 5% de probabilidade pelo teste t.