

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE  
PLANTAS

SANDRO SPONCHIADO

**Uso de REML/BLUP na seleção de genitores para a obtenção de  
híbridos produtivos e precoces de sorgo granífero**

CÁCERES  
MATO GROSSO - BRASIL  
JANEIRO - 2018

SANDRO SPONCHIADO

**Uso de REML/BLUP na seleção de genitores para a obtenção de híbridos produtivos e precoces de sorgo granífero**

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Flávio Dessaune Tardin

CÁCERES  
MATO GROSSO - BRASIL  
JANEIRO - 2018

**Uso de REML/BLUP na seleção de genitores para obtenção de híbridos produtivos e precoces de sorgo granífero**

**SANDRO SPONCHIADO**

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Aprovado em 29 de janeiro de 2018.

Comissão Examinadora:



---

**Prof. Dr. Flávio Dessaune Tardin**  
Orientador – PGMP – UNEMAT / Embrapa Milho e Sorgo



---

**Prof. Dr. Isabela Volpi Furtini**  
Coorientador – Embrapa Arroz e Feijão



---

**Prof. Dr. Paulo Eduardo Teodoro**  
UFMS – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul

Dedico este trabalho,

Aos meus avós Antônio Steffens Sponchiado e Rosa Maria Nespolo Sponchiado que na sua vida ligada ao campo foram uma forte inspiração para mim.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a DEUS pela excelente oportunidade de aprimoramento intelectual e acadêmico representado por este mestrado na Universidade do Estado de Mato Grosso.

Agradeço aos professores, à família, aos colegas de estudo e colegas de trabalho, que de diferentes modos participaram e me ajudaram no meu desenvolvimento acadêmico e a cumprir as etapas do curso.

Este período de estudo na UNEMAT me proporcionou muita satisfação pela convivência com a comunidade acadêmica e pelo estudo científico.

Também tive o prazer de interagir com a Embrapa durante o curso, instituição que, como profissional de agrárias, eu sempre admirei.

Durante o curso de agronomia tive vontade de fazer mestrado em Melhoramento Genético Vegetal logo em seguida à graduação. Por uma série de fatores adiei o projeto, mas aparentemente hoje com muito mais experiência profissional, morando num estado pujante no agronegócio e dentro de um ambiente acadêmico/institucional vigoroso acho que o caminho para a minha formação *stricto sensu* foi muito mais proveitoso e por isso também fico muito grato.

Pois se está à sombra da sabedoria  
como se está à sombra do dinheiro:  
a utilidade do saber consiste em que  
a sabedoria dá vida ao que a possui.

Eclesiastes 7:12

## **BIOGRAFIA**

SANDRO SPONCHIADO nasceu em 05 de abril de 1975 em Curitiba-PR, filho de Remidio Sponchiado e Luzia Sponchiado.

Em 1998 concluiu o curso de Agronomia na cidade de Pato Branco-PR pelo Centro Federal de Educação Tecnológica do Paraná - CEFET-PR (atualmente UTFPR). Durante o período de iniciação científica teve experiência com melhoramento de culturas de ervilha, feijão, trigo e aveia.

Em 2007 concluiu o curso de Ciências Econômicas na Universidade Federal de Mato Grosso, no campus de Cuiabá-MT.

Em 2016, iniciou o curso de Mestrado pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, na Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT. Desenvolveu seu projeto de pesquisa de mestrado na estação de pesquisa da Embrapa Agrossilvipastoril em Sinop-MT.

Como profissional de engenharia agrônoma atuou e/ou atua principalmente nas áreas de avaliações de imóveis rurais, perícias ambientais e análise de projetos agropecuários.

## SUMÁRIO

RESUMO.....	x
ABSTRACT .....	xii
1 INTRODUÇÃO .....	14
2 REVISÃO DE LITERATURA .....	17
2.1 Aspectos gerais do sorgo .....	17
2.2 Melhoramento do sorgo.....	20
2.3 Parâmetros genéticos .....	22
2.4 Modelos Mistos usando REML/BLUP .....	25
2.5 Seleção recorrente .....	27
2.6 Seleção simultânea de caracteres .....	28
2.6.1 Índices de seleção não paramétricos .....	28
2.6.1.1 Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978).....	28
2.6.1.2 Índice livre de Pesos e Parâmetros de Elston (1963).....	29
2.6.1.3 Índice multiplicativo de Subandi <i>et al.</i> (1973) .....	29
2.6.1.4 Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006) .....	30
2.6.2 Índices de seleção paramétricos .....	31
2.6.2.1 Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) .....	31
2.6.2.2 Índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969) .....	31
2.6.2.3 Índice base de Willians (1962) .....	32
2.6.3 Índices de seleção restritos .....	32
2.6.3.1 Índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959).....	32
2.6.3.2 Índice restrito de Tallis (1962) .....	33
2.6.3.3 Índice restrito de James (1968) .....	33
3 MATERIAL E MÉTODOS .....	34
3.1 Delineamento experimental.....	34
3.1.1 Características avaliadas .....	35
3.1.2 Elaboração da ANADEV.....	35
3.1.3 Elaboração da ANOVA.....	36
3.1.4 Estimativa de correlação simples de Pearson ( $r_{x,y}$ ).....	36
3.2 Critérios para índices de seleção não paramétricos.....	37
3.3 Critérios para índices de seleção paramétricos.....	38
3.4 Critérios para índices de seleção restritos.....	40

3.5 Critérios para índices utilizando BLUP .....	41
3.5.1 Índice Z ou do somatório das variáveis padronizadas.....	41
3.5.2 Índice de Mulamba e Mock na seleção de genitores e híbridos .....	42
3.6 Índice de coincidência .....	43
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	44
4.1 ANADEV das características avaliadas.....	44
4.2 ANOVA das características avaliadas .....	46
4.3 Correlação simples das variáveis analisadas.....	47
4.4 Híbridos selecionados .....	48
4.5 Genitores selecionados .....	55
4.5.1 Intervalos de confiança dos valores genotípicos .....	57
5 CONCLUSÕES .....	61
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	63
APÊNDICE .....	70



## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para a variável produtividade (PRO).....	51
Figura 2 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para a variável florescimento (FLO).....	52
Figura 3 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para a variável altura de plantas (ALT).....	52
Figura 4 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para o somatório das três variáveis .....	53
Figura 5 - Gráfico Z do genótipo 334.....	54
Figura 6 - Gráfico Z do genótipo 378.....	54
Figura 7 - Gráfico Z do genótipo 463.....	54
Figura 8 - Gráfico Z do genótipo 53.....	54
Figura 9 - Gráfico Z do genótipo 61.....	54
Figura 10 - Gráfico Z do genótipo 69.....	54
Figura 11 - Gráfico Z do genótipo 88.....	55
Figura 12 - Gráfico Z do genótipo 368.....	55
Figura 13 - Gráfico Z do genótipo 318.....	55
Figura 14 - Gráfico Z do genótipo 122.....	55
Figura 15 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável Produtividade (PRO) para os machos .....	58
Figura 16 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável florescimento (FLO) para os machos.....	58
Figura 17 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável altura de plantas (ALT) para os machos .....	59
Figura 18 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável Produtividade (PRO) para as fêmeas .....	59
Figura 19 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável florescimento (FLO) para as fêmeas.....	60
Figura 20 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável altura de plantas (ALT) para as fêmeas.....	60

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Dados da lavoura de sorgo granífero para as regiões do Brasil .....	20
Tabela 2 - Critérios qualitativos para índices não paramétricos .....	38
Tabela 3 - Critérios quantitativos para índices não paramétricos .....	38
Tabela 4 - Critérios qualitativos para índices paramétricos .....	39
Tabela 5 - Critérios quantitativos para índices paramétricos .....	39
Tabela 6 - Critérios de restrição para índices restritos .....	40
Tabela 7 - Pesos econômicos para índices restritos .....	40
Tabela 8 - Critérios quantitativos para índices utilizando BLUP .....	41
Tabela 9 - ANADEV com Teste da Razão da Verossimilhança (LRT) .....	44
Tabela 10 - Componente da variância determinados via REML .....	45
Tabela 11 - Componentes da variância e parâmetros genéticos pela ANOVA .....	47
Tabela 12 - Correlações simples entre as variáveis analisadas .....	47
Tabela 13 - Híbridos selecionados (numeração para o GENES) .....	48
Tabela 14 - Híbridos selecionados (denominação usada no SELEGEN-REML/BLUP) .....	49
Tabela 15 - Número de híbridos coincidentes entre índices .....	50
Tabela 16 - Índice de coincidência (%) entre índices .....	50
Tabela 17 - Ganhos de seleção por índice para cada variável para o total.....	51
Tabela 18 - Ordem de seleção por índice para genitores machos .....	56
Tabela 19 - Ordem de seleção por índice para genitores fêmeas.....	56
Tabela 20 - Ganhos de seleção (%) em genitores para índices utilizando BLUP .....	57
Tabela 21 - Genitores machos dos híbridos do ensaio e ordenamentos via valores genotípicos preditos (VG).....	70
Tabela 22 - Genitores fêmeas dos híbridos do ensaio e ordenamentos via valores genotípicos preditos (VG).....	70
Tabela 23 - Híbridos avaliados no experimento e respectivas médias ajustadas .....	71

## RESUMO

SPONCHIADO, Sandro; M. Sc.; Universidade do Estado de Mato Grosso; Janeiro de 2018; **Uso de REML/BLUP na seleção de genitores para a obtenção de híbridos produtivos e precoces de sorgo granífero**; Professor Orientador: Dr. Flávio Dessaune Tardin; Coorientadora: Dra. Isabela Volpi Furtini; Professor Coorientador: Dr. Marco Antônio Aparecido Barelli.

O sorgo granífero é uma importante opção para o agricultor principalmente por sua maior resistência ao déficit hídrico em relação ao milho. Por isso buscam-se cultivares de sorgo cada vez mais produtivos, mas que mantenham sua rusticidade. O objetivo deste trabalho foi selecionar os melhores híbridos e as respectivas linhagens parentais de sorgo granífero de experimento semeado em março de 2012 no campo experimental da Embrapa em Sinop-MT. Foram analisadas as seguintes características: produtividade, florescimento e altura da planta. A ordem de importância estabelecida para a realização de seleção simultânea das características foi primeiramente a produtividade e na sequência florescimento e altura da planta. Dez índices de seleção utilizados foram processados via software GENES, sendo eles: Mulamba e Mock, Elston, Subandi *et al.*, distância entre genótipo/ideótipo, Smith e Hazel, Pesek e Baker, Willians, Kempthorne e Nordskog, Tallis e o de James. Para dois índices os dados foram processados no software SELEGEN-REML/BLUP para a obtenção dos parâmetros genéticos via REML, da análise de deviance (ANADEV) e dos valores genotípicos preditos do tipo BLUP para cada variável, considerando os híbridos e as linhagens. A estes valores foram aplicadas as fórmulas do índice de Mulamba e Mock e do índice Z com restrição para os híbridos e sem restrições para as linhagens parentais. Foi elaborado o índice de coincidência para as combinações de estratégias de seleção entre híbridos e entre linhagens. Cada estratégia de seleção escolheu quinze híbridos de um total de 502. Os índices Z de cada variável foram usados para fazer gráficos de radar (ou teia) dos principais híbridos selecionados. Para os híbridos, o índice de Mulamba e Mock com valores BLUP obteve o maior ganho de seleção para a característica florescimento (2,95%) e também teve bom desempenho para produtividade e altura de planta (respectivamente 74,67% e 3,19%). Os índices de James, de Kempthorne e Nordskog e de Tallis obtiveram os maiores ganhos totais de seleção (93,20% para os três índices), mas houve perda

para a variável florescimento. Foram selecionados 4 machos de um total de 10 e 10 fêmeas num total de 54. Para os machos, o índice com o maior ganho de seleção total foi o índice de Mulamba e Mock com valores BLUP (8,94%). Para as fêmeas, o índice Z apresentou o maior ganho de seleção total (6,51%) e o maior ganho para as características produtividade e florescimento (respectivamente 2,22% e 3,54%).

Palavras chave: ganhos de seleção, modelos mistos, *Sorghum bicolor*.

## ABSTRACT

SPONCHIADO, Sandro; M. Sc.; Mato Grosso State University; January 2018; **Use of REML/BLUP in the selection of genitors to obtain productive and precocious hybrids of grain sorghum**; Adviser Professor: Dr. Flávio Dessaune Tardin; Co-advisor: Dra. Isabela Volpi Furtini; Co-advisor Professor: Dr. Marco Antônio Aparecido Barelli.

Grain sorghum is an important option for the farmer mainly because of its greater resistance to water deficit in relation to maize. Because of this are done searches for sorghum cultivars increasingly more productive, but that maintain their rusticity. The objective of this work was to select the best hybrids and the respective parent strains of grain sorghum from an experiment seeded in March 2012, in the experimental field of Embrapa, in Sinop-MT. The following characteristics were analyzed: productivity, flowering and height of the plant. The order of importance established for the accomplishment of simultaneous selection of the characteristics was firstly the productivity and in the flowering sequence and height of plants. Ten selection indexes were processed using GENES software, as follows: Mulamba and Mock, Elston, Subandi *et al.*, distance between genotype/ideotype, Smith and Hazel, Pesek and Baker, Willians, Kempthorne and Nordskog, Tallis and the of James. For two indices the data were processed in the SELEGEN-REML/BLUP software to obtain the genetic parameters via REML, deviance analysis (ANADEV) and predicted genotypic values of the BLUP type for each variable, considering hybrids and lineages. The formulas of the Mulamba and Mock index and of the Z-index with restriction for hybrids and without restrictions for parental lineages were applied to these values. The coincidence index was calculated for the combinations of selection strategies between hybrids and between lineages. Each selection strategy chose fifteen hybrids out of a total of 502. The Z indices of each variable were used to make radar (or web) graphs of the selected major hybrids. For the hybrids, the Mulamba and Mock index with BLUP values obtained the highest selection gain for flowering characteristic (2.95%) and also had good performance for plant height and productivity (respectively 74.67% and 3.19%). The James, the Kempthorne and Nordskog and the Tallis indices obtained the highest total selection gains (93.20% for the three indices), but there was loss for the flowering variable. Were selected 4 males from a total of 10 and 10 females for a total

of 54. For males, the index with the highest total selection gain was the Mulamba and Mock index with BLUP values (8.94%). For females, the Z index had the highest total selection gain (6.51%) and the highest gain for productivity and flowering (respectively 2.22% and 3.54%).

Key words: selection gains, mixed models, *Sorghum bicolor*.

## 1 INTRODUÇÃO

O sorgo é uma opção, tanto para o agricultor, que com ele encontra uma alternativa de plantio em épocas consideradas tardias para outras culturas, quanto para a indústria, que adquire um produto com boa qualidade nutricional (alimento energético com maior quantidade de proteína) entre outras características que fazem do sorgo mais uma opção para formulações de alimentos e de rações.

Como exemplo da aplicação do sorgo em rações, evidências indicam que rações com sorgo seriam mais saudáveis para cães (FEITOSA, ZANINI, et al., 2016) do que rações com milho (*Zea mays* L.), principalmente sobre o aspecto do controle glicêmico. Para terminação de ovinos em confinamento, não se percebeu diferença entre dietas com alta concentração de milho ou sorgo (VENTURINI, CARVALHO, et al., 2016), resultados estes que demonstram o potencial deste cereal.

Devido seu cultivo no Brasil, em grande parte da área produtiva, estar associado ao plantio tardio, em segunda-safra, após o plantio das lavouras de milho, torna-se de suma importância o desenvolvimento de novos cultivares que associem em suas características, produtividade de grãos e precocidade, para que tais plantas consigam finalizar seu ciclo, antes do período de estiagem.

O presente trabalho realizou a seleção de híbridos e de linhagens parentais de híbridos de sorgo, avaliando nestas suas capacidades geral e específica de combinação, considerando três características de grande importância agrônômica, sendo elas: produtividade, florescimento e altura da planta. Quanto mais eficiente decorrer a seleção de genótipos via métodos genético-estatísticos, maior a economia de recursos financeiros utilizados nos programas de melhoramento. A seleção de linhagens com elevada capacidade geral de combinação, possibilita uma diminuição do número de cruzamentos entre linhagens e, por conseguinte, da confecção de híbridos, diminuindo o custo do programa de melhoramento de sorgo e simplificando sua logística.

A seleção de linhagens sorgo com potencial para geração de híbridos com melhor desempenho comercial é uma das etapas que mais onera os programas de melhoramento de sorgo e sempre há a busca por sistemáticas que melhorem o custo benefício (GAINZA, OPAZO, et al., 2015) dos mesmos. O aumento do ganho de seleção por geração é uma forma muito eficiente de melhorar a relação custo x benefício de um programa de melhoramento.

Observa-se que um fator positivo para uma empresa de melhoramento de cultivares é que quando uma cultivar for colocada no mercado ela seja lançada com uma quantidade de sementes que atenda o mercado com folga. Em primeiro lugar porque, caso isso não aconteça, muitos clientes podem não se entusiasmar pela cultivar por não sentirem que a empresa ofereça segurança e consiga atender sua demanda, de forma que seja preferível manter a cultivar que já estão plantando e que possui uma oferta segura ou pelo menos conhecida. Em segundo lugar, algum tempo após o lançamento, a cultivar pode vir a sofrer algum nível de pirataria, como, por exemplo, reprodução não autorizada, de forma que o melhor momento da empresa recuperar seus investimentos com a venda de sementes de uma nova cultivar é nos primeiros anos após o seu lançamento.

Por estas questões trabalhar com um número reduzido de cultivares para registro e oferta ao mercado muitas vezes é uma questão que se impõem financeiramente para uma empresa que atue em melhoramento vegetal. Para se ter um número reduzido de cultivares em oferta no mercado é preciso dispor de ferramentas que proporcionem forte seleção (maior descarte de material de baixa qualidade) com alto ganho de seleção durante a fase do programa de melhoramento.

Assim foi aplicada a metodologia REML/BLUP para a seleção de progenitores e híbridos em um ensaio de híbridos realizado na Unidade da Embrapa em Sinop (MT).

Em conjunto também foram aplicados ao mesmo ensaio outros índices de seleção (sem o uso metodologia REML/BLUP), aumentando assim o leque comparativo entre os diversos índices. Entre estes índices de seleção há os não paramétricos, os paramétricos e os restritos (DALBOSCO, 2015). Foi utilizado o software GENES para se processar estes índices. Com o software GENES também foi realizado o teste de correlação simples de Pearson para se verificar a correlação entre as variáveis.

Com o resultado de todos os índices (com e sem o uso metodologia REML/BLUP), na sequência, foram elaborados os índices de coincidência. Desse modo foi possível comparar a aplicação dos índices na seleção dos híbridos do ensaio.

Os índices de seleção não paramétricos selecionam os genótipos pela ordenação (*rank*) obtida em relação às características analisadas (DALBOSCO, 2015). Entre os índices de seleção não paramétricos foram usados os índices de Mulamba e Mock, de Elston, de Subandi *et al.* e o da distância entre genótipo/ideótipo.



Os índices de seleção paramétricos utilizam para a seleção de genótipos as matrizes de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas em conjunto com pesos econômicos relacionados às variáveis analisadas para encontrar os melhores genótipos (DALBOSCO, 2015). Entre os índices de seleção paramétricos foram usados os índices de Smith e Hazel, de Pesek e Baker e o índice de Willians.

Os índices de seleção restritos (que também são paramétricos) selecionam os genótipos acrescentando à perspectiva dos índices paramétricos restrições à determinadas características (DALBOSCO, 2015). Entre os índices de seleção restritos foram usados os índices de Kempthorne e Nordskog, de Tallis e por último o índice de James.

Como estratégia auxiliar de seleção, no caso do índice Z, foram elaborados gráficos de radar (ou teia). Os gráficos de radar possibilitam verificar visualmente e comparativamente, através da área formada pelo gráfico, o desempenho de um conjunto de caracteres (OLIVEIRA, 2015). Também foram feitos gráficos dos intervalos de confiança dos valores genotípicos, auxiliando assim a distinção de diferenças significativas entre genótipos (RESENDE, 2006).

Na seleção de linhagens usadas como progenitores, se estimou a capacidade geral de combinação das linhagens utilizadas como macho e fêmea. Desse modo os progenitores selecionados podem ser usados em outros programas ou outras fases do mesmo programa de melhoramento, uma vez que já foi estimada a mensuração do seu desempenho como progenitores.

Foram selecionados híbridos com alta produtividade e precoces. Isto foi feito com base na estimação da capacidade específica de combinação das linhagens utilizadas nos cruzamentos. Pela combinação de progenitores que apresentam alta capacidade específica de combinação se obtêm híbridos promissores.

Diante do exposto, a presente pesquisa objetivou avaliar a CGC e CEC de linhagens fêmeas e machos de sorgo, além de selecionar híbridos experimentais produtivos, precoces e de porte compatível com a colheita mecanizada. Além disto, foram testados vários índices de seleção, mostrando quais foram os que tiveram os melhores desempenhos para os parâmetros (pesos econômicos, restrições, etc.) aqui utilizados. Estes resultados e testes podem ser usados como referências para futuros experimentos de sorgo granífero onde se busque disponibilizar ao mercado, através de técnicas de melhoramento, cultivares cada vez mais atrativos ao produtor rural.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Aspectos gerais do sorgo

A espécie *Sorghum bicolor* (L.) Moench é uma espécie diploide com  $2n = 20$  cromossomos (ALMEIDA FILHO, 2012). O gênero ancestral do sorgo na África possuía cinco cromossomos.

A classificação taxionômica do sorgo (REDDY e PATIL, 2015) é mostrada a seguir:

- Reino: *Plantae*;
- Divisão: *Magnoliophyta* (Angiospermas);
- Classe: *Liliopsida* (Monocotiledonea);
- Ordem: *Poales*;
- Família: *Poaceae*;
- Gênero: *Sorghum*;
- Espécie: *Sorghum bicolor*.

O sorgo é uma planta tipo C4. Isso significa que o mesmo necessita de alta intensidade de radiação solar para atingir sua capacidade fotossintética máxima. O que proporciona maior economia de água no processo fotossintético e assim torna a planta mais resistente à seca que as plantas C3, que são mais adaptadas a ambientes sombreados e úmidos de florestas e assim não precisaram desenvolver muitos mecanismos fisiológicos de proteção à escassez de água. Por isso seu plantio é realizado principalmente em regiões que apresentam déficit hídrico (MURTY, TABO e AJAYI, 1994).

Quanto a seu sistema reprodutivo, o sorgo é considerado uma planta autógama. Todavia possui de 2% a 10% de fecundação cruzada em condições normais de cultivo. Essa taxa de fecundação é principalmente proveniente da ação de insetos polinizadores. A flor de sorgo possui o aparelho reprodutivo masculino e o feminino muito próximos, característica comum em autógamas, como por exemplo, o feijoeiro.

Apresenta-se como uma planta muito plástica, ou seja, tem facilidade de adaptação a vários ambientes e várias funcionalidades. Há o sorgo de propósito granífero, silageiro, sacarino, pastejo, vassoura e biomassa. No caso do sorgo forrageiro há inclusive materiais fruto do cruzamento interespecífico do sorgo granífero

com o capim-sudão (*Sorghum sudanense* L.) (MONTEIRO, DA ANUNCIÇÃO FILHO, et al., 2004). O sorgo do tipo granífero e o do tipo silagem são o primeiro e o segundo mais plantados no Brasil, respectivamente.

O florescimento da panícula do sorgo ocorre do ápice para a base da inflorescência. Os grãos de pólen são viáveis por 3 a 5 horas e os estigmas por uma semana ou mais. Essa diferença de período estabelece que seja necessário ter muito cuidado para que em campos de semente de híbridos de sorgo ocorra a sincronização entre plantas utilizadas como machos (doadoras de pólen), e plantas utilizadas como fêmeas (receptoras de pólen, macho-estéreis), sob o risco de se perder toda a produção de sementes comercializáveis.

O sorgo é uma planta sensível ao fotoperíodo (dias curtos), o que força a floração após a ocorrência do fotoperíodo crítico. Eventualmente se fala que o sorgo é uma planta de dias curtos, mas na verdade é uma determinada quantidade de horas sem luz que estimulam o florescimento, ou seja, floresce em noites longas. Variedades tropicais costumam florescer quando a quantidade de luz no dia não ultrapassa 12 horas e plantas de clima temperado tem fotoperíodo crítico em torno de 13,5 horas. O mecanismo fisiológico responsável pela medição do comprimento do dia são os pigmentos chamados de fitocromos. Atualmente a maioria dos cultivares graníferos comerciais já são insensíveis ao fotoperíodo devido ao melhoramento (MAGALHÃES, DURÃES e RODRIGUES, 2008).

Possui três estádios de crescimento (MAGALHÃES, DURÃES e RODRIGUES, 2008). O primeiro vai da germinação da semente até o início da diferenciação floral (iniciação da panícula), o segundo se estende desta fase até o florescimento, e o último vai do fim do florescimento até a maturação fisiológica da semente.

O grão de sorgo tem mais proteínas do que o grão de milho. Outra vantagem do sorgo em relação ao milho para utilização em rações é o fato do grão de sorgo possuir menor custo, sendo comercializado, em média, num valor equivalente a 80% do preço do milho (CONAB, 2015).

Ácidos fenólicos, flavonoides e taninos são compostos fenólicos presentes no sorgo, sendo que só os taninos têm efeitos negativos na qualidade nutricional (MAGALHÃES, DURÃES e RODRIGUES, 2008). Quanto aos ácidos fenólicos e, principalmente, aos flavonoides, comumente são atribuídas qualidades metabólicas antioxidantes que ajudam a prevenir doenças que se desenvolvem em pessoas com

mais idade. A questão do tanino afeta quase que somente animais monogástricos, aves e suínos, por exemplo.

Os compostos fenólicos têm o objetivo de proteger as sementes do sorgo de pássaros (MAGALHÃES, DURÃES e RODRIGUES, 2008). Quanto ao interesse dos pássaros pela semente de sorgo observa-se que algumas lavouras apresentam bom nível de interação com a fauna (GABRIEL, VASCONCELOS, et al., 2013), principalmente quando associadas a práticas conservacionistas.

Quanto à alimentação humana é interessante notar que o grão do sorgo não tem glúten (PEREIRA FILHO e RODRIGUES, 2015). Ainda assim no que se refere ao consumo humano de cereais, o Brasil ainda é pouco diversificado e muito dependente do arroz e do trigo, o que faz com que a cultura dos outros cereais tenha grande parte de sua produção destinada ao mercado de rações. Comparativamente, no México, onde o milho possui o maior consumo humano per capita do mundo (SOLAGES, 2007), o sorgo representa o segundo grão mais importante em cultivo (WILLIAMS-ALANÍS e ARCOS-CAVAZOS, 2015).

Ao se analisar a produção da lavoura de sorgo granífero é quase obrigatória a comparação com a produção da lavoura de milho, pois o sorgo entra diretamente na cadeia do milho, seja na indústria de alimentos, de rações e/ou de energia.

Atualmente o Brasil ocupa a 10<sup>a</sup> colocação entre os maiores países produtores de sorgo. Além de países que se destacam como grandes produtores agrícolas, como por exemplo, EUA, China e Argentina, na sua frente estão alguns países africanos, isso se deve em parte ao fato do grão de sorgo ser um cereal de consumo humano muito popular no continente Africano, o mesmo se pode dizer da Índia (INDEXMUNDI, 2017). Quanto ao milho, o Brasil ocupa a 3<sup>a</sup> colocação entre os maiores produtores, sendo superado apenas pelos EUA e pela China (INDEXMUNDI, 2017).

Na Tabela 1 é mostrado um comparativo entre as regiões do Brasil para produção, produtividade e área plantada de sorgo granífero. A região Centro-Oeste, onde foi realizado o experimento aqui analisado, possui a maior produção e a maior área plantada, além da segunda maior produtividade.

Tabela 1 - Dados da lavoura de sorgo granífero para as regiões do Brasil

Ano Agrícola 2016/17	CENTRO- OESTE	SUDESTE	NORDESTE	NORTE	SUL
Produção (mil t)	956,00	693,00	134,00	56,00	27,00
Produtividade (kg/ha)	3.378,09	3.590,67	1.145,30	1.931,03	3.000,00
Área Plantada (mil ha)	283,00	193,00	117,00	29,00	9,00

Fonte: (CONAB, 2018).

## 2.2 Melhoramento do sorgo

A espécie *Homo sapiens* surgiu há quase 200 mil anos atrás (WAYMAN, 2012), possuindo duas grandes preocupações: alimentação e segurança. Estas questões sempre estiveram muito ligadas, pois durante a maior parte da sua existência a espécie foi nômade (CHARFAUROS JR., 2011). A agricultura, com o estabelecimento de sociedades sedentárias e a domesticação de plantas surgiu no Neolítico (QIN, TAYLOR, *et al.*, 2011), a cerca de doze mil anos atrás. Desde então se buscou a adaptação e seleção de plantas com interesse agrônômico. Um exemplo disso é o sítio arqueológico Moray em Cuzco no Peru onde os Incas testavam e/ou adaptavam espécies vegetais (KAUSHIK, 2013). Não por acaso a região andina é centro de origem de várias espécies cultivadas importantes, como por exemplo, a batata e a pimenta.

O centro de origem do sorgo é a África, embora muitas de suas sementes se dispersaram pelo Oriente e Europa a partir de rotas originárias da Índia. Na África a região mais provável de seu surgimento e/ou domesticação é a Etiópia (ADUGNA, SNOW, *et al.*, 2013).

Ao longo dos anos, as culturas que passaram por intenso processo de seleção e melhoramento tiveram suas características associadas ao aumento da produtividade já bastante exploradas. As diferenças observadas nestas características, entre novas linhagens e cultivares, são cada vez mais tênues e influenciadas pelo ambiente, ou seja, a seleção depende cada vez mais de ensaios com numerosos genótipos, repetidos num maior número de ambientes e durante um maior número de anos.

Especificamente no caso do sorgo e do milho, os quais têm a sua produção fortemente baseada no uso de híbridos, esses custos tendem a ser maiores do que para outras culturas (geralmente autógamias) cuja base do programa é o desenvolvimento de linhas puras, as quais são lançadas como novos cultivares comerciais, como por exemplo, a cultura do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.).

Uma problemática evidente dos programas de melhoramento de sorgo são as inúmeras, quase infinitas, combinações possíveis entre linhagens para a geração de híbridos. Para seleção segura dos melhores híbridos é necessário planejar ensaios de competição entre híbridos seguindo um delineamento experimental adequado em diversos locais (ALMEIDA FILHO, 2012).

Uma das possibilidades de se diminuir o número de combinações e/ou híbridos a serem testados é encontrar um método de escolher previamente quais seriam as linhagens que se comportariam melhor como genitoras, tanto no papel de pais (fornecedores de pólen) quanto de mães (receptoras de pólen).

A probabilidade de se obter linhagens com menor efeito deletério devido ao efeito da endogamia é maior a partir de indivíduos oriundos de populações melhoradas. Para isso um método que tem sido recorrentemente utilizado no caso de alógamas é a metodologia de Comstock & Robinson (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014) (CRUZ, 2006), que é eficaz na seleção dos melhores pais e mães que apresentem bons desempenhos em cruzamentos. O sorgo, embora seja uma planta autógama, pode ser trabalhada em nível de um programa de melhoramento com técnicas comumente empregadas em culturas alógamas devido o mesmo apresentar o fenômeno da macho-esterilidade.

As plantas de sorgo podem apresentar macho-esterilidade genética determinada pelo gene  $ms_3$  que possui dois alelos, os quais somente quando em homozigose recessiva ( $ms_3ms_3$ ) dão origem a macho-esterilidade. Também há a macho-esterilidade genético-citoplasmática, advinda da interação entre o gene Kafir e o citoplasma Milo. Quando o gene Kafir está em homozigose recessiva ele permite que o citoplasma Milo se expresse, gerando a macho-esterilidade. Para que linhagens com macho-esterilidade (linhagens A) sejam utilizadas dentro de um programa de melhoramento, elas precisam ser cruzadas com linhagens restauradoras de fertilidade (linhagens R) (FLORES-NAVEDA, VALDÉS-LOZANO, et al., 2013) para gerarem sementes viáveis.

Desse modo, para uma análise do potencial dos genitores, pode ser projetado um novo experimento ou podem ser adaptados dados já coletados à metodologia de Comstock & Robinson (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014). Para alguns casos ainda é possível utilizar a metodologia de dialelo, geralmente empregado em culturas anuais autógamas, para seleção de parentais. Porém, o dialelo completo dificulta o trabalho com um grande número de genitores (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO, 2012),

pois caso um genitor não esteja representado nos cruzamentos de forma equitativa, várias parcelas do experimento deverão ser descartadas para que a análise possa ser feita corretamente.

Na matriz a seguir é mostrado um exemplo de dialelo com F1's, progenitores e recíprocos. Observar que há repetição de genitores na função de machos (M) e fêmeas (F).

x		Machos			
		1	2	3	4
Fêmeas	1	F11	F21	F31	F41
	2	F12	F22	F32	F42
	3	F13	F23	F33	F43
	4	F14	F24	F34	F44

No caso do sorgo, devido ser uma planta autógama, com produção de híbridos comerciais através de macho-esterilidade não há essa repetição. Uma matriz (para exemplo) de híbrido de sorgo seguindo o mesmo modelo ficaria como mostrado a seguir:

x		Machos			
		1	2	3	4
Fêmeas	a	F1a	F2a	F3a	F4a
	b	F1b	F2b	F3b	F4b
	c	F1c	F2c	F3c	F4c
	d	F1d	F2d	F3d	F4d

Como alternativa a estas metodologias surgem os métodos não paramétricos, entre os quais se destaca o uso de modelos mistos via REML/BLUP (PIMENTEL, PAULA, *et al.*, 2015) (SILVA, UNÊDA-TREVISOLI, *et al.*, 2015) (PIMENTEL, GUIMARÃES, *et al.*, 2014).

### 2.3 Parâmetros genéticos

Na análise estatística deste experimento foi utilizado o aplicativo SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2006) onde os componentes da variância dos modelos utilizados são determinados via máxima verossimilhança restrita (REML - *Restricted*

*maximum likelihood*). Foi elaborado o quadro da ANADEV (análise de deviance) e do Teste da razão da verossimilhança (LRT). O LRT auxilia na escolha do modelo mais adequado para realizar a análise (CAMARINHA FILHO, 2002).

Para os casos em que foi necessário determinar os componentes da variância via quadrados mínimos para realização da ANOVA (análise da variância) foi utilizado o aplicativo GENES.

A seguir são explanados alguns conceitos relativos aos componentes da variância e demais índices genéticos (CHAGAS, CRUZ, *et al.*, [201-?]) (ANDRADE, 2018) (ASSUNÇÃO, 2014) utilizados neste estudo:

- Variância genética aditiva ( $\sigma^2_a$ ): variância resultante dos efeitos aditivos dos genes, ou seja, numa característica quantitativa ou poligênica quanto maior o número de genes da característica adicionados num genótipo, maior a expressão desta característica.

- Variância genética dominante ( $\sigma^2_d$ ): variância resultante do efeito de dominância dos genes, ou seja, da interação genética entre alelos de um mesmo gene, que podem expressar ou inibir uma característica via alelos dominantes e recessivos.

- Variância genética epistática ( $\sigma^2_i$ ): variância resultante dos efeitos epistáticos dos genes, ou seja, da interação genética de alelos de diferentes genes.

- A variância genética ( $\sigma^2_g$ ) pode ser expressa pela soma das três variâncias descritas anteriormente. E a variância fenotípica ( $\sigma^2_f$ ) pode ser descrita pela soma da variância genética com a variância ambiental ( $\sigma^2_e$ ). Estas variâncias podem ser descritas com as seguintes equações:

$$\sigma^2_g = \sigma^2_a + \sigma^2_d + \sigma^2_i$$

$$\sigma^2_g = \frac{QMG - QMR}{r}$$

$$\sigma^2_f = \sigma^2_a + \sigma^2_d + \sigma^2_i + \sigma^2_e$$

$$\sigma^2_f = \frac{QMG}{r}$$

$$\sigma^2_e = \frac{QMR}{r}$$



- Herdabilidade ( $h^2$ ): é a razão entre a variância genética e a variância fenotípica, esta relação também é chamada de herdabilidade ampla e nela são levados em consideração todos os componentes da variância genética, indicando o percentual de uma característica que pode ser herdada de um filho pelos seus genitores e tem uma relação direta com o ganho de seleção. Como a  $h^2$  exprime uma porcentagem, ela varia de zero a um ou de 0% a 100%. Quando a  $h^2$  é alta, a correlação entre o fenótipo e o genótipo também é alta, o que facilita a seleção. Quando a  $h^2$  é baixa, a correlação entre fenótipo e genótipo é baixa, esta situação exige maior número de testes em vários ambientes e em diversos períodos para que se possa isolar a variância ambiental com mais precisão. A  $h^2$  pode ser expressa pela seguinte equação.

$$h^2 = \frac{\sigma^2_g}{\sigma^2_f} \qquad h^2 = \frac{\sigma^2_a + \sigma^2_d + \sigma^2_i}{\sigma^2_a + \sigma^2_d + \sigma^2_i + \sigma^2_e}$$

- Herdabilidade restrita: é a razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica. Muito importante para a análise da capacidade de transferência de características quantitativas em alta taxa de homozigose, situação geralmente verificada em linhagens. Pode ser expressa pelas seguintes equações:

$$h^2 = \frac{\sigma^2_a}{\sigma^2_f} \qquad h^2 = \frac{\sigma^2_a}{\sigma^2_a + \sigma^2_d + \sigma^2_i + \sigma^2_e}$$

- Coeficiente de Herdabilidade Individual no sentido restrito:

$$h_a^2 = \frac{\sigma^2_a}{\sigma^2_a + \sigma^2_e}$$

- Ganho de seleção (GS%): no qual  $\bar{X}_0$  é a média de todas as plantas avaliada e  $\bar{X}_s$  é a média das plantas selecionadas, conforme a expressão:

$$GS\% = \frac{(\bar{X}_s - \bar{X}_0)}{\bar{X}_0} \times h_a^2$$

- Capacidade geral de combinação (CGC): é a capacidade que um genitor tem de se combinar com vários outros genitores com sucesso na sua progênie. Genótipos com alta CGC há o acúmulo de genes com ação aditiva.

- Capacidade específica de combinação (CEC): é a capacidade que um genitor tem de se combinar especificamente com um outro genitor com sucesso na sua progênie. Em genótipos com alta CEC há o acúmulo de genes com ação de sobredominância.

- Coeficiente de variação genético:

$$CV_g \% = \frac{100\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu_t}$$

- Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e \% = \frac{100\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu_t}$$

## 2.4 Modelos Mistos usando REML/BLUP

A metodologia de modelos mistos via BLUP foi desenvolvida inicialmente no contexto da avaliação genética de gado de leite (RESENDE, SILVA e AZEVEDO, 2014), através dos estudos de Henderson (1949). Foi apresentada formalmente na década de 70 e, devido a ferramentas computacionais, passou a ser usada na prática a partir da década de 80.

No começo dos programas de melhoramento do sorgo, por exemplo, era possível se obter um cultivar ou um exemplar silvestre que tivesse alguma característica que, se introduzida na coleção de trabalho, (mesmo que uma instituição de pesquisa possua um extenso banco genético de uma cultura, ela trabalha efetivamente com um conjunto mais restrito em seu programa de melhoramento), tinha condições de proporcionar um significativo incremento na produtividade. Mas com o tempo as coleções de trabalho foram se estabilizando, por mais que se aumentassem os bancos de germoplasma. Isso ocorreu devido ao esgotamento ou diminuição de fontes viáveis de introdução de variabilidade genética para as culturas mais intensamente melhoradas. Dito isso, houve a necessidade de um número cada vez maior de combinações entre os acessos da coleção de trabalho e seleções entre uma diversidade genética cada vez mais sutil, principalmente sobre o aspecto fenotípico.

Além da dificuldade da montagem dos experimentos em si, a ocorrência de intempéries ou outros eventos fortuitos faz com que boa parte dos experimentos

montados percam plantas, parcelas e/ou repetições. Apesar de muitas vezes serem aplicadas técnicas para se contornar perdas menores, em muitos casos a análise da variância (ANOVA) e/ou análise de regressão não pode ser concluída ou é concluída de maneira insatisfatória, pois essas análises pressupõem a independência de erros.

A partir desses problemas, começaram a ser desenvolvidas técnicas de biometria não paramétricas, ou seja, usando dados desbalanceados onde não são necessários experimentos retangulares. Nessas técnicas são usadas, no lugar da análise da variância, a análise da deviance. Essa metodologia é basicamente computacional porque trabalha com técnicas de derivações por meio de métodos numéricos, como, por exemplo, o método de Newton-Raphson (RESENDE, SILVA, et al., 2012) onde a raiz de uma equação é obtida por sucessivas derivações da equação até que a raiz seja encontrada por aproximação. São usados métodos numéricos para se calcular a REML (máxima verossimilhança residual ou restrita). Essas técnicas se traduzem em algoritmos de linguagem de programação recursivos, excessivamente trabalhosos para serem realizados manualmente.

As equações de modelos mistos, utilizando o padrão REML, apresentam resultados que foram classificados como BLUE (melhor estimacão não-viesada dos efeitos fixos), além dos preditores BLUP (melhor predição não-viesada dos efeitos aleatórios). Um modelo linear misto contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro (SANTOS, 2012), parâmetros estes que tendem a maximizar o ajuste das equações (ou seja, dados estimados) aos dados observados.

Em estudos de interação genótipo x ambiente, na utilização de modelos mistos com efeitos aleatórios de tratamentos têm-se como as principais vantagens do BLUP a minimização do erro de predição, a maximização da acurácia seletiva, do ganho genético a cada seleção, e da probabilidade de se escolher o melhor genótipo, além da predição não viciada de valores genéticos para cada indivíduo (SANTOS, 2012).

O uso de BLUP no contexto de arranjos e análises experimentais e estatísticas mais completas podem possibilitar predições importantes como a seleção de genótipos estáveis através dos locais, específicos para cada local, responsivos a melhorias introduzidas no ambiente, e pelos três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade) de forma simultânea (SANTOS, 2012).

Pela versatilidade que o uso de modelos mistos REML/BLUP proporciona, o melhorista aumenta significativamente seu ferramental analítico. Assim, culturas

perenes e espécies florestais, que por suas características (tempo de espera para colheita final muito grande, dificuldade de multiplicar populações de vários genótipos ao mesmo tempo, etc.) nos primórdios do melhoramento vegetal com técnicas de biometria praticamente não tinham programas de melhoramento em que se pudesse dimensionar o erro experimental, passaram a ter programas de melhoramento viabilizados e com grande ganho genotípico. Consequentemente, tais modelos proporcionaram a agregação de valor em várias culturas, sendo de destaque o melhoramento de eucalipto (*Eucalyptus sp.*).

Como outros exemplos de usos das metodologias de Modelos Mistos (para seleção de cultivares, genótipos, linhagens e/ou híbridos), pode-se citar que o procedimento REM/BLUP também foi usado para seleção de genótipos de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] de portes semieretos e semiprostrados na região Centro-Oeste (MENEZES-JÚNIOR, ROCHA, *et al.*, 2016) (MENEZES-JÚNIOR, ROCHA, *et al.*, 2016) na região Nordeste (ROCHA, DAMASCENO-SILVA, *et al.*, 2016) (DAMASCENO-SILVA, ROCHA, *et al.*, 2016) na região Norte (ROCHA, DAMASCENO-SILVA, *et al.*, 2016) (DAMASCENO-SILVA, ROCHA, *et al.*, 2016) e em estados da região Sudeste (ROCHA, DAMASCENO-SILVA, *et al.*, 2016) (DAMASCENO-SILVA, ROCHA, *et al.*, 2016).

## **2.5 Seleção recorrente**

Na seleção recorrente se busca o melhoramento de uma população pela seleção dos melhores indivíduos e recombinação dos mesmos, na busca de melhorias das suas características individuais e concentração de alelos favoráveis, geralmente em cultivares de propósito comercial.

Na seleção recorrente intrapopulacional, todo o processo de seleção e recombinação é realizado de dentro de uma mesma população. Esse processo é geralmente utilizado para obtenção de variedades e, no caso específico de alógamas, de linhagens.

Na seleção recorrente interpopulacional o processo se desenvolve entre duas ou mais populações, geralmente esse processo é utilizado para obtenção de híbridos de linhagens de plantas alógamas.

Como o sorgo, apesar de ser uma planta autógama, possibilita a criação de híbridos comerciais com a utilização da macho-esterilidade, em seus programas de melhoramento tanto a seleção recorrente interpopulacional quanto a intrapopulacional

são utilizadas. Para a produção de híbridos comerciais em programas de melhoramento uma etapa muito importante são os cruzamentos artificiais. O grau de dificuldade aumenta quanto menor for o tamanho da flor. Nesse particular, hibridações artificiais em gramíneas não são uma tarefa fácil, pois possuem flores pequenas, com pétalas (glumas) bastante rígidas (HOUSE, 1985). No sorgo, a realização de hibridação em larga escala é viável, devido a existência da macho-esterilidade.

## **2.6 Seleção simultânea de caracteres**

Ao se fazer a seleção sobre apenas uma característica de uma planta, é possível conseguir em poucas gerações grandes ganhos sobre essa característica. Porém ao se desprezar o melhoramento de outras características a cultivar desenvolvida pode ser inviabilizada agronomicamente, pois a mesma pode se tornar muito susceptível a doenças, muito exigente em relação a tratos culturais (alto custo) e/ou de difícil manejo (dificuldade de colheita mecânica, por exemplo).

Por isso, o ideal é que seja feita a seleção simultânea de caracteres para que as características favoráveis sejam desenvolvidas de modo mais homogêneo e aquelas que já estejam fixadas numa planta ou população não sejam perdidas. Neste aspecto a utilização dos índices de seleção são de grande valia, pois possibilitam a seleção simultânea de caracteres, através da possibilidade de que se arbitre pesos e/ou restrições de ganho para diversas características numa mesma geração submetida à seleção.

Encontram-se na literatura (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014) e em trabalhos de pesquisa (DALBOSCO, 2015) a citação e descrição de diferentes métodos de seleção, entre estes os que foram utilizados no presente trabalho são descritos a seguir.

### **2.6.1 Índices de seleção não paramétricos**

Tais índices selecionam os genótipos pela ordenação (*rank*) obtida em relação às características analisadas (DALBOSCO, 2015).

#### **2.6.1.1 Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978)**

Consiste na soma do ordenamento (*rank*) dos genótipos (influenciados por pesos econômicos) das características fenotípicas, utilizando em seguida essa soma como um índice para classificação dos genótipos. Não utiliza variância e covariâncias

fenotípicas e genotípicas, mas alguns parâmetros genéticos podem ser usados como pesos no índice. A fórmula deste índice é:

$$Y_i = \sum p_j r_{ij}$$

$Y_i$  = índice do i-ésimo genótipo;

$P_j$  = peso econômico atribuído à j-ésima variável (característica);

$r_{ij}$  = ordenamento (rank) do i-ésimo genótipo na j-ésima variável.

### 2.6.1.2 Índice livre de Pesos e Parâmetros de Elston (1963)

No índice livre de pesos e parâmetros elaborado por Elston (1963) os mínimos e os máximos das variáveis são usados para gerar um termo que é subtraído do valor fenotípico de cada variável para cada genótipo. Seguem as fórmulas do índice:

$$Y_i = \log \prod_{j=1}^n (x_{ij} - k_j)$$

$$k_j = [n(l_i . x_{ij}) - l_s . x_{ij}] . (n - 1)^{-1}$$

$Y_i$  = índice livre de pesos e parâmetros;

$x_{ij}$  = média da i-ésima variável;

$k_j$  = menor valor selecionável;

$n$  = número de genótipos;

$l_i$  = a menor média da j-ésima variável;

$l_s$  = a maior média da j-ésima variável.

### 2.6.1.3 Índice multiplicativo de Subandi *et al.* (1973)

O índice multiplicativo de Subandi é obtido pela multiplicação dos valores padronizados de cada variável para cada genótipo. A padronização pode ser obtida pela transformação do índice Z comentada em seções subsequentes. Segue a fórmula do índice:

$$Y_j = \prod_{j=1}^n y_j^k$$

$Y_j$  = índice do j-ésimo genótipo;

$y_j$  = média da j-ésima variável; e

$k_j = 1$  se a condição desejada for o incremento da variável e  $-1$  se a condição desejada for a redução da variável.

#### 2.6.1.4 Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006)

O índice de distância entre genótipo e ideótipo necessita que sejam fornecidos o valor ótimo ( $VO_j$ ), o limite inferior ( $LI_j$ ) e o limite superior ( $LS_j$ ) das características. A partir de destes valores o índice cria intervalos ao redor do valor ótimo, de forma que os genótipos que se enquadrarem nos intervalos terão maiores chances de serem selecionados. Seguem as fórmulas do índice:

$$LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j \rightarrow Y_{ij} = X_{ij}$$

$$X_{ij} < LI_j \rightarrow Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$$

$$X_{ij} > LS_j \rightarrow Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j + C_j$$

$$C_j = LS_j - LI_j$$

$X_{ij}$  = média do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;

$Y_{ij}$  = média transformada do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;

$C_j$  = constante para o intervalo da variável j.

$$Y'_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

$$VO'_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

$$I_j = \sqrt{\frac{1}{x} \sum_{j=1}^x (Y'_{ij} - VO'_{ij})^2}$$

$Y'_{ij}$  = média transformada padronizada e ponderada do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;

$VO'_{ij}$  = valor ótimo transformado, padronizado e ponderado do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;

$I_j$  = índice do j-ésimo genótipo.

## 2.6.2 Índices de seleção paramétricos

Tais índices utilizam para a seleção de genótipos as matrizes de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas em conjunto com pesos econômicos relacionados às variáveis analisadas para encontrar os melhores genótipos (DALBOSCO, 2015).

### 2.6.2.1 Índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943)

Este índice é elaborado pela multiplicação de um vetor das médias das características de cada de genótipo por um vetor criado a partir dos pesos econômicos e das variâncias e covariâncias fenotípicas/genotípicas. Seguem as fórmulas do índice:

$$b = P^{-1} G a$$

$$I_{sh} = y b$$

$b$  = vetor ( $n \times 1$ ) dos coeficientes de ponderação do índice de seleção;

$P$  = matriz ( $n \times n$ ) de variâncias e covariâncias fenotípicas;

$G$  = matriz ( $n \times n$ ) de covariâncias genotípicas;

$a$  = vetor ( $n \times 1$ ) de pesos econômicos;

$y$  = vetor ( $1 \times n$ ) de médias;

$I_{sh}$  = índice de seleção estimado.

### 2.6.2.2 Índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969)

A diferença entre este índice e o descrito na seção anterior é que neste ao invés de serem usados pesos econômicos são usados ganhos desejados para cada variável. Seguem as fórmulas do índice:

$$b = G^{-1} \Delta g_d$$

$$I_{pb} = y b$$

$b$  = vetor ( $n \times 1$ ) com os coeficientes de ponderação do índice;

$G$  = matriz ( $n \times n$ ) de covariâncias genotípicas;

$\Delta g_d$  = vetor ( $n \times 1$ ) dos ganhos desejados;

$y$  = vetor ( $1 \times n$ ) de médias;



$I_{pb}$  = índice de seleção estimado.

### 2.6.2.3 Índice base de Willians (1962)

Consiste na soma do ordenamento (*rank*) das médias (influências por pesos econômicos) das características fenotípicas, utilizando em seguida essa soma como um índice para classificação dos genótipos. Segue a fórmula do índice:

$$I_{bw} = \sum_{i=0}^x k_j y_{ij}$$

$I_{bw}$  = índice do *i*-ésimo genótipo;

$k_j$  = peso econômico atribuído à *j*-ésima variável (característica);

$y_{ij}$  = média fenotípica do *i*-ésimo genótipo na *j*-ésima variável.

### 2.6.3 Índices de seleção restritos

Tais índices selecionam os genótipos acrescentando, à perspectiva dos índices paramétricos, restrições à determinadas características (DALBOSCO, 2015).

#### 2.6.3.1 Índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959)

Neste índice algumas variáveis sofrem restrições. Segue a fórmula do coeficiente do índice:

$$b = [I - P^{-1}GC(C'GP^{-1}GC)^{-1}C'G]P^{-1}Ga$$

$b$  = vetor ( $n \times 1$ ) com os coeficientes de ponderação do índice;

$P$  = matriz ( $n \times n$ ) de variâncias e covariâncias fenotípicas;

$G$  = matriz ( $n \times n$ ) de variâncias e covariâncias genotípicas;

$a$  = vetor ( $n \times 1$ ) de pesos econômicos das variáveis;

$C$  = matriz ( $n \times r$ ) de restrições, onde  $r$  é o número de restrições;

$I$  = valor do índice de seleção.

### 2.6.3.2 Índice restrito de Tallis (1962)

Neste índice são aplicados pesos econômicos e a restrição sob a forma da determinação de valores para as covariâncias. Seguem as fórmulas do coeficiente do índice:

$$b = [I - P^{-1}GC(C'GP^{-1}GC)^{-1}C'G]P^{-1}Ga + P^{-1}GC(C'GP^{-1}GC)^{-1}K$$

$b$  = vetor ( $n \times 1$ ) com os coeficientes de ponderação do índice;

$P$  = matriz ( $n \times n$ ) de variâncias e covariâncias fenotípicas;

$G$  = matriz ( $n \times n$ ) de variâncias e covariâncias genotípicas;

$a$  = vetor ( $n \times 1$ ) de pesos econômicos das variáveis;

$C$  = matriz ( $n \times r$ ) de restrições, onde  $r$  é o número de restrições;

$K$  = vetor ( $r \times 1$ ) de valores arbitrários estabelecidos para as covariâncias entre os escores do índice e os valores genotípicos das variáveis sob restrição;

$I$  = valor do índice de seleção.

### 2.6.3.3 Índice restrito de James (1968)

Neste índice são considerados pesos econômicos e como restrições a determinação de valores para as covariâncias e a restrição de ganho para uma característica. Segue a fórmula do coeficiente do índice:

$$b'GC = h'$$

$b'$  = vetor ( $1 \times n$ ), de coeficientes de ponderação das características analisadas para o índice;

$G$  = matriz ( $n \times n$ ), de variâncias e covariâncias genéticas entre as características analisadas;

$C$  = matriz ( $n \times r$ ), com elementos 0 e 1 que determinam as  $r$  restrições de ganhos nas  $n$  características analisadas;

$h'$  = vetor ( $1 \times r$ ), que contém os valores estabelecidos para cada covariância entre o índice e a característica com restrição; e

$r$  = número de restrições feitas quanto aos ganhos ou covariâncias.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Delineamento experimental

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com duas repetições. Foram avaliados 502 híbridos de sorgo granífero provenientes do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo.

Na Tabela 23 (APÊNDICE) são mostrados os híbridos plantados no experimento. Na coluna “Código no experimento” os códigos mostrados são uma nomenclatura adaptada pelos melhoristas de sorgo da Embrapa, específica para o experimento em questão.

A coluna “Nome usado na análise” possui os nomes resultantes da concatenação dos códigos criados para as linhagens usadas como machos e como fêmeas, visando facilitar a associação dos híbridos com seus genitores. Essa nomenclatura foi usada nos arquivos processados pelo programa SELEGEN-REML/BLUP.

A coluna “nr.”, além de servir para indicar o quantitativo de híbridos na tabela, contém a numeração que foi utilizada nos arquivos processados pelo programa GENES.

Alguns híbridos possuíam parcelas perdidas para uma ou mais variáveis em uma das repetições. Para algumas análises estes híbridos foram excluídos na repetição, utilizando-se nestes casos apenas 491 híbridos da repetição 1 e 488 híbridos da repetição 2. Todavia mesmo nestes casos havia pelo menos um representante de cada um dos 502 híbridos em pelo menos uma das repetições.

As parcelas experimentais foram compostas por quatro linhas de cinco metros, espaçadas de 0,50 m entre linhas, sendo consideradas as duas linhas centrais, totalizando 5 m<sup>2</sup> como área útil do experimento.

A semeadura foi realizada no mês de março de 2012 (safreinha) na área experimental da Embrapa Agrossilvipastoril, em Sinop-MT, e foi toda mecanizada. Após a emergência foi realizado o desbaste de forma manual, de forma que a população final constituísse 180.000 plantas.ha<sup>-1</sup>. Para a adubação de plantio foi utilizado 450 kg.ha<sup>-1</sup> do formulado 04-30-16 de N, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> e K<sub>2</sub>O, respectivamente. Posteriormente aplicou-se 400 kg.ha<sup>-1</sup> de ureia 25 dias após o plantio.

Os demais tratamentos culturais foram os comumente utilizados para a cultura. As pulverizações de inseticida e herbicida foram feitas de forma mecanizada e com pulverizador costal.

A colheita foi mecanizada e a pesagem e determinação de umidade foram realizadas manualmente.

### 3.1.1 Características avaliadas

Foram avaliadas as seguintes características:

- a) altura de plantas (em metros): medindo-se o comprimento entre o colo da planta e o ápice da panícula no momento da maturação fisiológica dos grãos, usando uma régua graduada em centímetros;
- b) florescimento (dias): número de dias transcorridos da semeadura até 50% do florescimento (antese das flores do terço médio da panícula) das plantas na parcela;
- c) produtividade: peso de grãos colhidos na área útil da parcela, ajustados para 13% de umidade e transformados em  $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ .

Foi necessário realizar uma análise prévia (*data mining*) antes de rodar os dados nos softwares GENES (CRUZ, 2006) e SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2006), principalmente para filtragem e formatação dos dados de acordo com o gabarito dos programas. Para isso se utilizou principalmente de rotinas SQL (*Structured Query Language*) em ambiente de ferramentas de banco de dados (HOTTEK, 2010).

### 3.1.2 Elaboração da ANADEV

A ANADEV foi processada no aplicativo SELEGEN-REML/BLUP. Ao ser processado o modelo de interesse, o software gera um relatório em tela e vários relatórios em arquivo. Na tela é mostrado o valor da deviance e também é gerado um arquivo "\*.Dev" que contém o valor da deviance e de outros parâmetros estatísticos correlacionados. Quando todos os valores iniciais dos parâmetros estão preenchidos com "0.1" a deviance gerada é a do modelo (no caso desta análise foi usado o modelo 98). Depois, para cada parâmetro, o valor "0.1" foi substituído por zero e o modelo foi processado novamente, de modo a gerar novo valor de deviance. A diferença entre a deviance de determinado parâmetro (no caso h2, c2 e c21) com a deviance do modelo, fornece o valor da LRT, a qual pode ser comparada com o valor de Qui-quadrado a

um grau de liberdade, ao nível de 1% de probabilidade. Na tela de relatório do modelo já são fornecidos quatro valores de Qui-quadrado para efeito de comparação com a LRT e determinação da significância do parâmetro.

Apesar de haver algumas parcelas perdidas, referentes às variáveis produtividade e altura de plantas, foi especificado para o software desconsiderar os zeros durante o processamento do modelo.

### 3.1.3 Elaboração da ANOVA

Para a variável produtividade, dos 502 genótipos (tratamentos) avaliados, na repetição 1 constavam como perdidas 11 parcelas e na repetição 2 constavam como perdidas 14 parcelas. Para a variável altura de plantas, para os mesmos 502 genótipos avaliados, na repetição 1 constavam como perdidas 2 parcelas. Desse modo, inicialmente os dados foram processados no software GENES na opção “DBC com parcelas perdidas” para a geração da ANOVA. Para a geração dos arquivos de médias, variâncias e covariâncias, foi necessário processar o arquivo (contendo os valores ajustados das parcelas) gerado na opção anterior na opção “DBC sem parcelas perdidas”. A ANOVA e as demais estimativas genéticas obtidas na opção “DBC sem parcelas perdidas” são as que foram aplicadas nas análises deste trabalho, uma vez que estas mesmas foram utilizadas pelo software GENES para o processamento de dez dos doze índices usados neste trabalho.

### 3.1.4 Estimativa de correlação simples de Pearson ( $r_{x,y}$ )

A correlação estimada para este estudo foi a correlação simples de Pearson ( $r_{x,y}$ ), com o auxílio do software GENES. A seguir as fórmulas do coeficiente de correlação de Pearson:

$$r_{x,y} = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}}$$

$$r_{x,y} = \frac{cov(X, Y)}{\sqrt{var(X) \cdot var(Y)}}$$

Correlações muito altas com  $r_{x,y}$ , próximo a -1 ou 1, podem ser indícios de multicolinearidade entre as variáveis, o que é negativo para as estimativas

genotípicas. Quando  $r_{x,y} = 0$  não se elimina a possibilidade da existência de algum outro tipo de dependência entre as variáveis estudadas que possa ser encontrada por outros meios.

### 3.2 Critérios para índices de seleção não paramétricos

O processamento dos dados para os índices de seleção não paramétricos avaliados foi realizado com o auxílio do software GENES. Após a obtenção dos resultados da ANOVA para as características avaliadas o programa oferece a opção de geração de arquivos contendo variâncias, covariâncias, correlações e médias. Para possibilitar o processamento dos índices foram gerados três arquivos contendo:

- Variâncias e covariâncias fenotípicas (médias);
- Variâncias e covariâncias genotípicas; e
- Médias dos genótipos.

Estes arquivos também foram usados para o processamento dos índices de seleção paramétricos e dos índices de seleção restritos.

Para o índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978), para as três características avaliadas produtividade, florescimento e altura de plantas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Sentido de seleção” (Superior ou Inferior) e “Peso econômico”. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 2 e na Tabela 3.

Para o índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963), para as três características avaliadas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Critério de seleção” (Acima de  $K_i$  ou Abaixo de  $K_i$ ) e “Valores de  $K_i$ ”. No relatório gerado pelo programa para esta análise há a indicação de quantos genótipos (quantitativamente e percentualmente) poderiam ser selecionados por características (variáveis avaliadas) de acordo com o valor de  $K_i$  proposto, de forma que só os coincidentes nas três variáveis ficam entre os quinze (ou menos) selecionados finais. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 2 e na Tabela 3.

Para o índice multiplicativo de Subandi *et al.* (1973), para as três características avaliadas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Relação Índice-Variável” (Direta ou Inversa). Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 2 e na Tabela 3.

Para o Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006), para as três características avaliadas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Peso econômico”, “Valor ótimo”, “Limite superior” e “Limite inferior”. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 2 e na Tabela 3.

Tabela 2 - Critérios qualitativos para índices não paramétricos

Variável	MUL	ELS	SUB	DGI
	Sentido da Seleção	Critério de Seleção	Relação Índice-Variável	-
Pro	Superior	Acima de Ki	Direta	-
Flo	Inferior	Abaixo de Ki	Inversa	-
Alt	Inferior	Abaixo de Ki	Inversa	-

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT). MUL: Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978). ELS: Índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963). SUB: Índice multiplicativo de Subandi et al. (1973). DGI: Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006).

Tabela 3 - Critérios quantitativos para índices não paramétricos

Variável	MUL	ELS	SUB	DGI			
	Peso Econômico	Valores de Ki	-	Peso	Ótimo	Lim. Inf.	Lim. Sup.
Pro	7	3800	-	200	5300	4300	6300
Flo	1	61	-	40	56	46	58
Alt	0.7	151	-	50	138	128	140

Significados das abreviaturas: mesmos da tabela anterior.

Os índices de seleção não paramétricos utilizam como critério de seleção apenas a classificação dos genótipos de acordo com o conjunto de características que se deseja exercer seleção.

Como exemplo de utilização dos índices MUL, ELS, SUB e DGI, tem-se a sua utilização em seleção de maracujazeiro em experimento realizado em Tangará da Serra-MT (DALBOSCO, 2015).

### 3.3 Critérios para índices de seleção paramétricos

O processamento dos dados para os índices de seleção paramétricos foi realizado como o auxílio do programa GENES.

Para o índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), para as três características avaliadas produtividade, florescimento e altura de plantas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Peso econômico”. No relatório gerado pelo programa para esta análise são mostradas duas seleções de 15 genótipos cada uma. Uma quando os pesos econômicos são considerados como acréscimo e outra como decréscimo, os resultados utilizados neste trabalho foram os

relativos a acréscimo. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 4 e na Tabela 5.

Para o índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969), para as três características avaliadas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Tipo de Variável” (Principal ou Secundária) e “Ganho Desejado”. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 4 e na Tabela 5.

Para o índice base de Willians (1962), para as três características avaliadas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Peso econômico”. No relatório gerado pelo programa para esta análise são mostradas duas seleções de 15 genótipos cada uma, uma quando os pesos econômicos são considerados como acréscimo e outra como decréscimo, os resultados utilizados neste trabalho foram os relativos a acréscimo. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 4 e na Tabela 5.

Tabela 4 - Critérios qualitativos para índices paramétricos

<b>Variável</b>	<b>SMI Índice clássico</b>	<b>PES Tipo de Variável</b>	<b>WIL Índice base</b>
Pro	Acréscimo	Principal	Acréscimo
Flo		Principal	
Alt		Principal	

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT). SMI: Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). PES: Índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969). WIL: Índice base de Willians (1962).

Tabela 5 - Critérios quantitativos para índices paramétricos

<b>Variável</b>	<b>SMI Peso Econômico</b>	<b>PES Ganho Desejado</b>	<b>WIL Peso Econômico</b>
Pro	1	600	1
Flo	-200	-1	-180
Alt	-30	-1	-30

Significados das abreviaturas: mesmos da tabela anterior.

Como exemplo de utilização dos índices SMI, PES e WIL, tem-se a sua utilização em seleção de maracujazeiro em experimento realizado em Tangará da Serra-MT (DALBOSCO, 2015). Os índices SMI e WIL também foram usados em seleção de linhagens de arroz de terras altas (TOMÉ, 2017).



### 3.4 Critérios para índices de seleção restritos

O processamento dos dados para os índices de seleção restritos foi realizado como o auxílio do programa GENES.

Para o índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959), para as três características avaliadas, produtividade, florescimento e altura de planta, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Peso econômico” e de “Cov(I,gj)” a ser preenchida com 0 (zero) ou não ser preenchida. No relatório gerado pelo programa para esta análise o critério “Cov(I,gj)” aparece como “Restrição”, sendo que quando preenchido com zero equivale a restrição “Sim” e quando sem preenchimento equivale a restrição “Não”. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 6 e na Tabela 7.

Para o índice restrito de Tallis (1962), para as três características avaliadas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Peso econômico” e de “Cov(I,gj)”. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 6 e na Tabela 7.

Para o índice restrito de James (1968), para as três características avaliadas, havia opção de entrada como critério de seleção no software GENES de: “Peso econômico”, de “Cov(I,gj)” e “Valor de bj”. Os critérios utilizados são mostrados na Tabela 6 e na Tabela 7.

Tabela 6 - Critérios de restrição para índices restritos

Variável	KEM		TAL	JAM	
	Cov(I,gj)	Restrição	Cov(I,gj)	Cov(I,gj)	Valor de bj
Pro	-	Não	-	-	2
Flo	0	Sim	20	70	-
Alt	0	Sim	30	70	-

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT). KEM: Índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959). TAL: Índice restrito de Tallis (1962). JAM: Índice restrito de James (1968).

Tabela 7 - Pesos econômicos para índices restritos

Variável	KEM	TAL	JAM
Pro	1	1	1
Flo	2	2	2
Alt	3	3	3

Significados das abreviaturas: mesmos da tabela anterior.

Como exemplo de utilização dos índices KEM, TAL e JAM, tem-se a sua utilização em seleção de maracujazeiro em experimento realizado em Tangará da Serra-MT (DALBOSCO, 2015).

### 3.5 Critérios para índices utilizando BLUP

Para a seleção dos melhores genitores as planilhas foram rodadas no modelo 98 do software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2006), o qual é expresso como “ $y = Xr + Zm + Wf + Tc + e$ ” em que as letras minúsculas representam respectivamente os vetores de dados (y), efeitos de repetição considerados como fixos (r), efeitos dos machos considerados como aleatórios (m), efeitos aleatórios das fêmeas (f), efeitos da capacidade específica de combinação dos machos com as fêmeas (c) e resíduo (e) e as letras maiúsculas representam as matrizes de incidência. Este modelo é descrito como “Blocos completos e uma planta por parcela, cruzamento entre linhagens completamente endogâmicas”, que no livro usado como manual do SELEGEN-REML/BLUP é um capítulo da seguinte metodologia “Avaliação de Indivíduos em Progênes de Irmãos Germanos obtidas sob Cruzamentos Fatoriais ou Dialélicos Interpopulacionais”.

Tabela 8 - Critérios quantitativos para índices utilizando BLUP

Variável	IZR	IMB		
	Híbridos	Híbridos	Machos	Fêmeas
Pro	> 3600 kg/ha	7,0	0,77276	0,34528
Flo	-	1,0	0,28965	0,91062
Alt	< 153 cm	0,7	0,33319	0,57047

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT). IRZ: Índice Z com restrição. IMB: Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP.

#### 3.5.1 Índice Z ou do somatório das variáveis padronizadas

Para o índice Z (somados os Z's calculados para as três variáveis avaliadas) foram consideradas duas restrições. As restrições foram que, após a realização da ordenação decrescente (fornecida pelo software SELEGEN-REML/BLUP, indo do melhor genótipo classificado - de nº 1 - ao pior, com a maior numeração) do índice Z obtido para cada genótipo, dentre os 15 genótipos selecionados se eliminaria aquele que tivesse a altura fora do intervalo de 100 cm até 150 cm (com margem de tolerância de 1%) e produtividade inferior a 3600 kg/ha, ou seja, 60 sacas por hectare. Os genótipos que estavam fora deste intervalo possuem baixa viabilidade como cultivar comercial. Estas restrições foram aplicadas sobre as médias corrigidas dos genótipos, obtidas no software GENES após o processamento dos dados na opção “DBC sem parcelas perdidas” e da geração do arquivo de médias dos genótipos.

Quando aplicado aos genitores machos e fêmeas, não foi aplicada nenhuma restrição ao índice Z, porque devido ao número de genitores, muito pequeno em relação ao dos híbridos, a influência das restrições ficava muito alta. Por isso para efeito deste trabalho o índice Z foi aqui denominado IZR ou ISR, ou seja, respectivamente, índice Z com restrição ou índice Z sem restrição. Segue a fórmula do índice:

$$Z_{ij} = \left[ \frac{(x_{ij} - \mu_j)}{s_j} \right] + m$$

$Z_{ij}$  = índice do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;

$x_{ij}$  = média fenotípica do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;

$\mu_j$  = média fenotípica dos genótipos para j-ésima variável;

$s_j$  = desvio padrão dos genótipos para j-ésima variável;

$m$  = no presente estudo foi somado o número 3 para evitar a ocorrência de valores negativos, necessariamente esta somatória não precisa ser aplicada ou pode ser outro número.

Primeiramente realizou-se a fase da padronização, ou seja, foi aplicada a fórmula mostrada anteriormente de forma individual nos valores de cada uma das três variáveis analisadas de cada genótipo. Depois foi realizada a somatória dos três resultados para cada genótipo. O resultado desta somatória foi processado no modelo 98 do software SELEGEN-REML/BLUP.

O índice Z (via método dos quadrados mínimos e via BLUP) foi utilizado, por exemplo, na seleção de progênies de irmãos completos entre *Eucalyptus grandis* e *Eucalyptus urophylla* (REIS, GONÇALVES, *et al.*, 2011).

### 3.5.2 Índice de Mulamba e Mock na seleção de genitores e híbridos

Foi aplicado ao ordenamento dos híbridos, dos genitores machos e dos genitores fêmeas, obtidos ao processar os dados no modelo 98 do software SELEGEN-REML/BLUP, a fórmula do índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978).

Para os híbridos, os pesos econômicos usados foram os mesmos mostrados na Tabela 3, como mostrado na Tabela 8.

Como pesos econômicos para os genitores machos e fêmeas foram utilizadas as respectivas herdabilidades obtidas via REML no software SELEGEN-REML/BLUP, as quais são mostradas na Tabela 8 e na Tabela 10. O número de híbridos (502 genótipos) superava em muito o de genitores, de forma que se testou um dos parâmetros genéticos das próprias variáveis, na busca de um peso econômico mais adequado à situação de poucos (comparativamente) genótipos analisados pelo método. Com o uso da herdabilidade foi possível obter níveis positivos e razoavelmente equilibrados de ganhos de seleção para praticamente todas as variáveis, tanto no caso dos genitores machos quanto nas fêmeas. Segue a fórmula do índice:

$$Y_i = \sum p_j r_{ij}$$

$Y_i$  = índice do i-ésimo genótipo;

$P_j$  = peso econômico atribuído à j-ésima variável (característica);

$r_{ij}$  = ordenamento (rank via BLUP) do i-ésimo genótipo na j-ésima variável;

### 3.6 Índice de coincidência

Para se comparar o desempenho dos genótipos selecionados pelas diferentes estratégias de seleção foi estimado o índice de coincidência, através da seguinte fórmula:

$$IC\% = \frac{A - C}{M - C} \cdot 100$$

$C$  = número de genótipos selecionados em duas estratégias de seleção, devido ao acaso. Assume-se que, deste número, uma proporção igual à intensidade de seleção coincida por acaso;

$A$  = número de genótipos selecionados, comuns às duas estratégias de seleção;

$M$  = número de genótipos selecionados em uma das estratégias.

O mesmo índice de coincidência foi utilizado em seleção de eucalipto, onde foram utilizadas várias estratégias de seleção (FURTINI, 2011).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 ANADEV das características avaliadas

Na Tabela 9 pode se verificar que os três parâmetros aleatórios do modelo são significativos pelo teste do Qui-quadrado com 1 grau de liberdade ao nível 1% de probabilidade, sendo eles:

- h2am que é a herdabilidade individual no sentido restrito na população 1 (machos), representado em campo do software por h2;
- h2af que é a herdabilidade individual no sentido restrito na população 2 (fêmeas), representado em campo do software por h2; e
- c2cec que é o coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação (valor expresso na progênie), representado em campo do software por c21.

Tabela 9 - ANADEV com Teste da Razão da Verossimilhança (LRT)

Parâmetros	Deviance			LRT (Qui-quadrado)					
	h2	c2	c21	PRO	FLO	ALT	PRO	FLO	ALT
h2am**	0	1	1	14707,476	636,796	5153,130	334,531	147,542	149,684
h2af**	1	0	1	14494,761	820,958	5184,560	121,816	331,703	181,113
c2cec**	1	1	0	14420,484	570,666	5043,477	47,539	81,411	40,030
Modelo	1	1	1	14372,945	489,255	5003,447			

\*\* Significativo para as três variáveis pelo teste do Qui-Quadrado com 1 GL (1% = 6,63 e 5% = 3,84). Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT).

É possível verificar na Tabela 10 que a variância genética aditiva média ( $V_a$ ) foi a principal determinante da variância fenotípica ( $V_f$ ) para as três variáveis (PRO, FLO e ALT). Esses resultados são importantes, pois revelam a possibilidade de seleção de genitores com alta frequência de alelos favoráveis (devido à herança aditiva) e, conseqüentemente, da obtenção de híbridos mais produtivos, precoces e de menor porte.

A herdabilidade dos machos foi maior que das fêmeas para a variável produtividade, isso sugere que uma estratégia da seleção de machos superiores pode ser mais indicada para obtenção de ganhos genéticos que gerem híbridos mais produtivos. A herdabilidade das fêmeas foi maior que dos machos para as variáveis FLO e ALT, o que indica que uma estratégia da seleção de fêmeas superiores pode

ser mais indicada para se obter ganhos genéticos que gerem híbridos mais precoces e de menor porte, principalmente mais precoces, uma vez que destas duas características atualmente a precocidade é mais importante quando se visa o lançamento de híbridos comerciais de sorgo granífero.

Na Tabela 10 se verifica que o coeficiente de variação residual (CVe%) ficou em 29%, 3% e 9%, respectivamente para as variáveis PRO, FLO e ALT, o que em termos gerais é adequado, um vez que estão todos abaixo de 30%. A relação CVgp/Cve representa 1,53 para a variável PRO, 1,77 para a variável FLO e 1,24 para a variável ALT, o que é positivo pois a variância genotípica é essencial para o melhoramento de uma cultura, enquanto a variância residual interfere negativamente no processo de melhoramento.

Tabela 10 - Componente da variância determinados via REML

Componentes	PRO	FLO	ALT
Vgm	714871,8689	0,1958	14,8806
Vgf	319415,8416	0,6155	25,4773
Va	1034287,7105	0,8113	40,3579
Vcec	261077,8567	0,2142	13,9352
Ve	554807,2849	0,3263	35,0280
Vf	1850172,8521	1,3519	89,3212
h2am	0,7728	0,2896	0,3332
h2am(i)	+ - 0,1589	+ - 0,0961	+ - 0,1032
h2af	0,3453	0,9106	0,5705
c2cec	0,1411	0,1585	0,1560
h2dom	0,1411	0,1585	0,1560
h2a	0,5590	0,6001	0,4518
h2g	0,7001	0,7586	0,6078
CVgp%	44,0615	5,8699	11,0245
CVe%	28,8360	3,3112	8,8551
Média geral	2583,0722	17,2522	66,8368

Vgm - variância genética entre machos ou genitores da população 1 em cruzamento com a população 2, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente; Vgf - variância genética entre fêmeas ou genitores da população 2 em cruzamento com a população 1, a qual estima (1/4) da variação genética aditiva correspondente; Va - variância genética aditiva média; Vcec - variância da capacidade específica de combinação interpopulacional entre dois genitores, a qual estima (1/4) da variação genética de dominância correspondente; Ve - variância residual; Vf - variância fenotípica individual; h2am - herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais; h2am(i) - variação ou intervalo de confiança da herdabilidade individual no sentido restrito na população 1, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais; h2af - herdabilidade individual no sentido restrito na população 2, ou seja, dos efeitos aditivos interpopulacionais; c2cec - coeficiente de determinação dos efeitos da capacidade específica de combinação; h2dom - herdabilidade individual dos efeitos interpopulacionais de dominância; h2a - herdabilidade interpopulacional individual no sentido restrito, média para as duas populações; h2g - herdabilidade interpopulacional individual no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; CVgp% - coeficiente de variação genotípica entre progênes; CVe% - coeficiente de variação residual; e Média - média geral do experimento. Fonte da descrição das legendas, com adaptações: (RESENDE, 2006). Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT).

A variável mais importante para uma lavoura comercial de sorgo é a produtividade, pois é a que terá maior impacto no resultado financeiro. Todavia a precocidade pode ter um impacto significativo suficiente para servir como fator de escolha de um indivíduo dentro de um grupo de híbridos ou linhagens, mesmo que em detrimento de uma pequena vantagem na produtividade entre um e outro indivíduo de um grupo. Como o sorgo se trata de uma lavoura eminentemente de safrinha (MAY, GONTIJO NETO, et al., 2015), colher a lavoura no menor prazo possível é muito importante.

Quanto à altura da planta de sorgo para a produção de grãos, o intervalo ideal é entre 100 e 150 cm, caso se considere uma margem de 10%, cerca de 78% dos híbridos avaliados (considerando a média ajustada das repetições) já teriam um porte adequado. Ou seja, a altura de planta é uma característica que já atingiu um nível e uma estabilidade muito boa para o sorgo granífero, observando que a planta também não pode ser muito baixa, pois dificultaria a colheita.

Observou-se que para o caso da variável precocidade (dias/florescimento) a princípio quanto menor o número de dias para o florescimento mais precoce o cultivar e, portanto, melhor para o resultado financeiro da lavoura. E que para o caso da variável altura de planta (cm) a princípio quanto menor a altura menor a susceptibilidade da planta ao acamamento e, portanto, melhor para o resultado financeiro da lavoura. Por isso para que estas variáveis fossem processadas no aplicativo SELEGEN-REML/BLUP o valor das variáveis invertido na forma "1/x".

#### **4.2 ANOVA das características avaliadas**

Na Tabela 11 pode ser verificado que para as três características avaliadas ocorreu significância a 1% para ao teste F (Fischer-Snedecor).

As estimativas e parâmetros genéticos mostrados na Tabela 11 foram obtidos do relatório gerado na opção "DBC sem parcelas perdidas" do software GENES.

Tabela 11 - Componentes da variância e parâmetros genéticos pela ANOVA

Parâmetros	PRO	FLO	ALT
MÁXIMO	6993,91	68,00	224,00
MÍNIMO	202,99	49,00	70,00
MÉDIA	2610,00	58,30	152,24
QMG**	3035661,43	25,16	663,48
QMe	523735,02	3,52	129,76
DMS-Tukey (5%)	3116,44	8,08	49,05
CV(%)	27,73	3,22	7,48
VARIÂNCIA FENOTÍPICA (média)	1517830,72	12,58	331,74
VARIÂNCIA AMBIENTAL (média)	261867,51	1,76	64,88
VARIÂNCIA GENOTÍPICA (média)	1255963,20	10,82	266,86
HERDABILIDADE (média da família) - %	82,75	85,99	80,44
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO GENÉTICO (%)	42,94	5,64	10,73
RAZÃO CVg/CVe	1,55	1,75	1,43

\*\*Significativo a 1% pelo teste F para as três variáveis. Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de plantas (ALT). QMG: Quadrado médio dos genótipos. QMe: Quadrado médio do erro. CV: coeficiente de variação. DMS: diferenças mínimas significativas.

### 4.3 Correlação simples das variáveis analisadas

Na Tabela 12 contém dados do relatório emitido como resposta pelo processamento das médias do experimento na opção relativa à Correlação simples de Pearson, com exceção da coluna “Correlação Genotípica” que foi obtida do relatório da ANOVA processada pelo software GENES.

Sob o aspecto da correlação genotípica, a correlação entre as variáveis PRO e ALT é fraca e as outras duas correlações possíveis são negligenciáveis.

Se referindo quanto aos resultados da Correlação simples de Pearson, mostrados na Tabela 12, para as correlações PRO x FLO e PRO x ALT a correlação foi significativa e entre FLO x ALT a correlação não foi significativa.

Tabela 12 - Correlações simples entres as variáveis analisadas

Variáveis	Correlação Fenotípica	Probabilidade (%)	Correlação Genotípica
PRO X FLO	0,1478	0,1058 **	0,1530
PRO X ALT	0,2857	0,0 **	0,3267
FLO X ALT	-0,0141	75,0968 ns	-0,0024

\*\*Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t. Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT).

É importante que se conheça a associação entre as variáveis quando se busca o aumento da produtividade de uma cultura, com o objetivo de aumentar o



ganho genético em variáveis que contribuam favoravelmente (TEODORO, COSTA, *et al.*, 2016).

#### 4.4 Híbridos selecionados

Em relação aos híbridos selecionados por índice de seleção são mostradas a Tabela 13 e a Tabela 14, que na verdade possuem os mesmos genótipos. A Tabela 13 possui os genótipos numerados conforme foram processados no software GENES, esta numeração também facilita encontrar um genótipo na Tabela 23 (APÊNDICE) a qual está ordenada pelo número do genótipo. A Tabela 14, possui os genótipos nomeados de acordo com os nomes dos seus genitores, esta nomenclatura foi utilizada para montar o gabarito (arquivo digital contendo os dados do experimento) processado no software SELEGEN-REML/BLUP.

Tabela 13 - Híbridos selecionados (numeração para o GENES)

nr.	IZR	IMB	MUL	ELS	SUB	DGI	SMI	PES	WIL	KEM	TAL	JAM
1	378	378	53	334	463	59	463	463	463	463	463	463
2	69	61	61	59	132	61	53	53	53	132	132	132
3	334	53	378	61	53	51	132	132	132	53	53	53
4	61	463	334	67	61	334	378	378	61	43	43	43
5	318	318	463	464	368	67	334	334	378	61	61	61
6	336	69	358	463	358	53	61	61	334	368	368	368
7	463	338	59	51	336	378	358	358	358	358	358	358
8	368	368	51	358	334	318	51	51	368	24	24	24
9	88	88	132	341	24	78	59	59	51	169	169	169
10	343	132	368	368	378	464	408	368	59	336	336	336
11	62	122	318	53	59	88	368	408	43	334	334	334
12	53	334	78	336	51	358	88	88	88	51	51	51
13	223	358	88	122	43	368	67	67	67	378	378	378
14	122	97	67	343	67	60	43	43	464	59	59	215
15	464	408	122	318	341	348	464	464	336	215	215	59

IRZ: Índice Z com restrição. IMB: Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP. MUL: Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978). ELS: Índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963). SUB: Índice multiplicativo de Subandi et al. (1973). DGI: Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006). SMI: Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). PES: Índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969). WIL: Índice base de Willians (1962). KEM: Índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959). TAL: Índice restrito de Tallis (1962). JAM: Índice restrito de James (1968).

Tabela 14 - Híbridos selecionados (denominação usada no SELEGEN-REML/BLUP)

nr.	IZR	IMB	MUL	ELS	SUB	DGI	SMI	PES	WIL	KEM	TAL	JAM
1	M4F46	M4F46	M4F14	M10F42	M4F54	M2F15	M4F54	M4F54	M4F54	M4F54	M4F54	M4F54
2	M4F16	M4F15	M4F15	M2F15	M4F22	M4F15	M4F14	M4F14	M4F14	M4F22	M4F22	M4F22
3	M10F42	M4F14	M4F46	M4F15	M4F14	M2F14	M4F22	M4F22	M4F22	M4F14	M4F14	M4F14
4	M4F15	M4F54	M10F42	M2F16	M4F15	M10F42	M4F46	M4F46	M4F15	M3F13	M3F13	M3F13
5	M4F40	M4F40	M4F54	M6F54	M4F45	M2F16	M10F42	M10F42	M4F46	M4F15	M4F15	M4F15
6	M2F42	M4F16	M4F44	M4F54	M4F44	M4F14	M4F15	M4F15	M10F42	M4F45	M4F45	M4F45
7	M4F54	M4F42	M2F15	M2F14	M2F42	M4F46	M4F44	M4F44	M4F44	M4F44	M4F44	M4F44
8	M4F45	M4F45	M2F14	M4F44	M10F42	M4F40	M2F14	M2F14	M4F45	M4F11	M4F11	M4F11
9	M4F18	M4F18	M4F22	M7F42	M4F11	M4F17	M2F15	M2F15	M2F14	M4F26	M4F26	M4F26
10	M9F42	M4F22	M4F45	M4F45	M4F46	M6F54	M4F49	M4F45	M2F15	M2F42	M2F42	M2F42
11	M6F15	M4F21	M4F40	M4F14	M2F15	M4F18	M4F45	M4F49	M3F13	M10F42	M10F42	M10F42
12	M4F14	M10F42	M4F17	M2F42	M2F14	M4F44	M4F18	M4F18	M4F18	M2F14	M2F14	M2F14
13	M4F31	M4F44	M4F18	M4F21	M3F13	M4F45	M2F16	M2F16	M2F16	M4F46	M4F46	M4F46
14	M4F21	M4F19	M2F16	M9F42	M2F16	M3F15	M3F13	M3F13	M6F54	M2F15	M2F15	M4F30
15	M6F54	M4F49	M4F21	M4F40	M7F42	M4F43	M6F54	M6F54	M2F42	M4F30	M4F30	M2F15

Significado das abreviaturas no cabeçalho da tabela: mesmos da tabela anterior.

Observando a Tabela 16, ocorreu 100% de coincidência entre os índices PES/SMI e TAL/KEM/JAM. Entre os doze índices utilizados neste trabalho estes estão entre os que possuem metodologia de cálculo mais similar entre si. Os índices PES e SMI foram os que apresentaram a maior coincidência acumulada quando se considerou todos os doze índices.

Com as seleções de híbridos para doze índices de seleção (mostradas na a Tabela 13 e a Tabela 14), foi elaborada a Tabela 15 e a Tabela 16 que contêm respectivamente o:

- Número de híbridos coincidentes entre os índices de seleção; e
- Índice de coincidência obtido entre os índices de seleção.

Na Tabela 17 são mostrados os ganhos de seleção obtidos por índice. O ganho de seleção total foi a somatória do ganho de seleção de cada variável, sendo que para FLO e ALT o sinal foi invertido (\*-1) porque, como explicado anteriormente, a diminuição de dias para o florescimento e da altura são fatores positivos agronomicamente para a cultura do sorgo.

Tabela 15 - Número de híbridos coincidentes entre índices

-	IZR	IMB	MUL	ELS	SUB	DGI	SMI	PES	WIL	KEM	TAL	JAM
<b>IZR</b>	-	10	9	10	7	8	8	8	9	7	7	7
<b>IMB</b>		-	11	8	8	8	10	10	9	8	8	8
<b>MUL</b>			-	11	11	12	12	12	12	10	10	10
<b>ELS</b>				-	11	10	10	10	11	9	9	9
<b>SUB</b>					-	9	12	12	13	13	13	13
<b>DGI</b>						-	11	11	11	8	8	8
<b>SMI</b>							-	15	14	11	11	11
<b>PES</b>								-	14	11	11	11
<b>WIL</b>									-	12	12	12
<b>KEM</b>										-	15	15
<b>TAL</b>											-	15
<b>JAM</b>												-

IRZ: Índice Z com restrição. IMB: Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP. MUL: Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978). ELS: Índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963). SUB: Índice multiplicativo de Subandi et al. (1973). DGI: Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006). SMI: Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). PES: Índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969). WIL: Índice base de Willians (1962). KEM: Índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959). TAL: Índice restrito de Tallis (1962). JAM: Índice restrito de James (1968).

Tabela 16 - Índice de coincidência (%) entre índices

-	IZR	IMB	MUL	ELS	SUB	DGI	SMI	PES	WIL	KEM	TAL	JAM
<b>IZR</b>	-	66,60	59,92	66,60	46,56	53,24	53,24	53,24	59,92	46,56	46,56	46,56
<b>IMB</b>		-	73,28	53,24	53,24	53,24	66,60	66,60	59,92	53,24	53,24	53,24
<b>MUL</b>			-	73,28	73,28	79,96	79,96	79,96	79,96	66,60	66,60	66,60
<b>ELS</b>				-	73,28	66,60	66,60	66,60	73,28	59,92	59,92	59,92
<b>SUB</b>					-	59,92	79,96	79,96	86,64	86,64	86,64	86,64
<b>DGI</b>						-	73,28	73,28	73,28	53,24	53,24	53,24
<b>SMI</b>							-	100,00	93,32	73,28	73,28	73,28
<b>PES</b>								-	93,32	73,28	73,28	73,28
<b>WIL</b>									-	79,96	79,96	79,96
<b>KEM</b>										-	100,00	100,00
<b>TAL</b>											-	100,00
<b>JAM</b>												-

Significado das abreviaturas: mesmos da tabela anterior.

Os maiores ganhos totais de seleção foram para os índices KEM, TAL e JAM, todavia o ganho para FLO destes casos foi negativo, ou seja, houve aumento de dias de florescimento em relação à média. Os índices com maiores ganhos em FLO foram IMB e DGI, seguidos em terceiro lugar por SMI e PES. Considerando a importância

das variáveis PRO e FLO pode-se dizer que esses quatro índices apresentaram os melhores ganhos de seleção nas condições testadas neste trabalho.

Em outro estudo, o índice KEM aplicado em híbridos de sorgo plantados em duas localidades proporcionou a redução do florescimento (TEODORO, JUNQUEIRA, *et al.*, 2017).

Tabela 17 - Ganhos de seleção por índice para cada variável para o total

GS%	IZR	IMB	MUL	ELS	SUB	DGI	SMI	PES	WIL	KEM	TAL	JAM
<b>PRO</b>	67,65	74,67	81,65	75,63	86,18	74,86	81,72	81,72	83,36	91,63	91,63	91,63
<b>FLO</b>	-1,97	-2,95	-1,77	-0,84	-0,35	-2,56	-2,22	-2,22	-1,33	0,88	0,88	0,88
<b>ALT</b>	-4,99	-3,19	-3,72	-6,36	-4,46	-3,23	-3,35	-3,35	-4,37	-2,45	-2,45	-2,45
<b>Total</b>	74,61	80,81	87,14	82,83	90,99	80,65	87,29	87,29	89,06	93,20	93,20	93,20

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT). IRZ: Índice Z com restrição. IMB: Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP. MUL: Índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978). ELS: Índice livre de pesos e parâmetros de Elston (1963). SUB: Índice multiplicativo de Subandi et al. (1973). DGI: Índice de distância genótipo - ideótipo (Cruz, 2006). SMI: Índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943). PES: Índice baseado em Ganhos Desejados de Pesek e Baker (1969). WIL: Índice base de Willians (1962). KEM: Índice restrito de Kempthorne e Nordskog (1959). TAL: Índice restrito de Tallis (1962). JAM: Índice restrito de James (1968).

Na Figura 1, Figura 2, Figura 3 e Figura 4 são mostrados na forma de gráfico os resultados exibidos na Tabela 17.

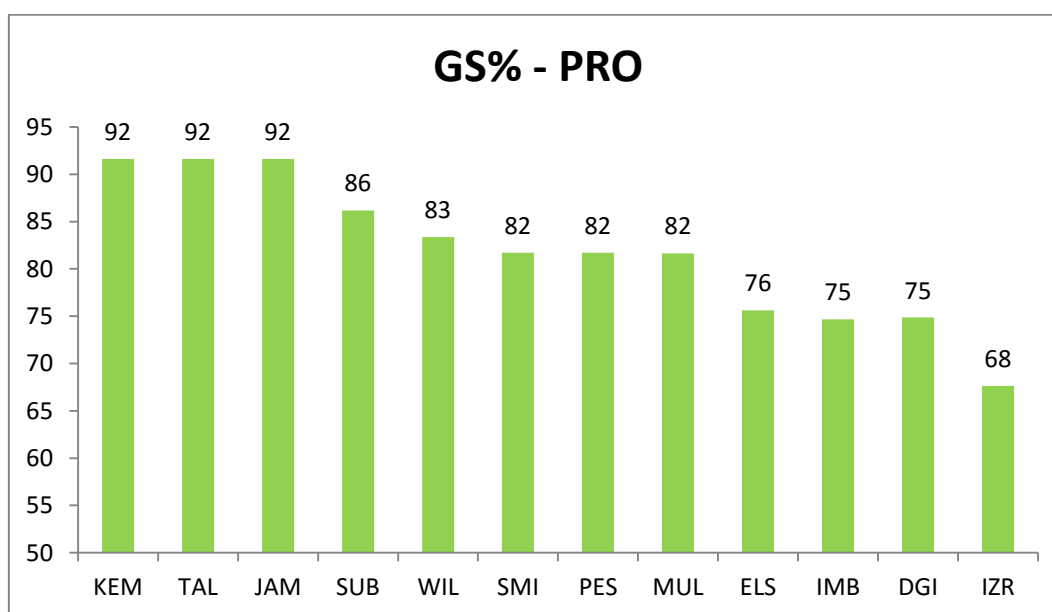


Figura 1 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para a variável produtividade (PRO)

Na Figura 2 e na Figura 3 os valores mostrados nos gráficos estão com os sinais invertidos (\*-1) em relação aos resultados exibidos na Tabela 17.

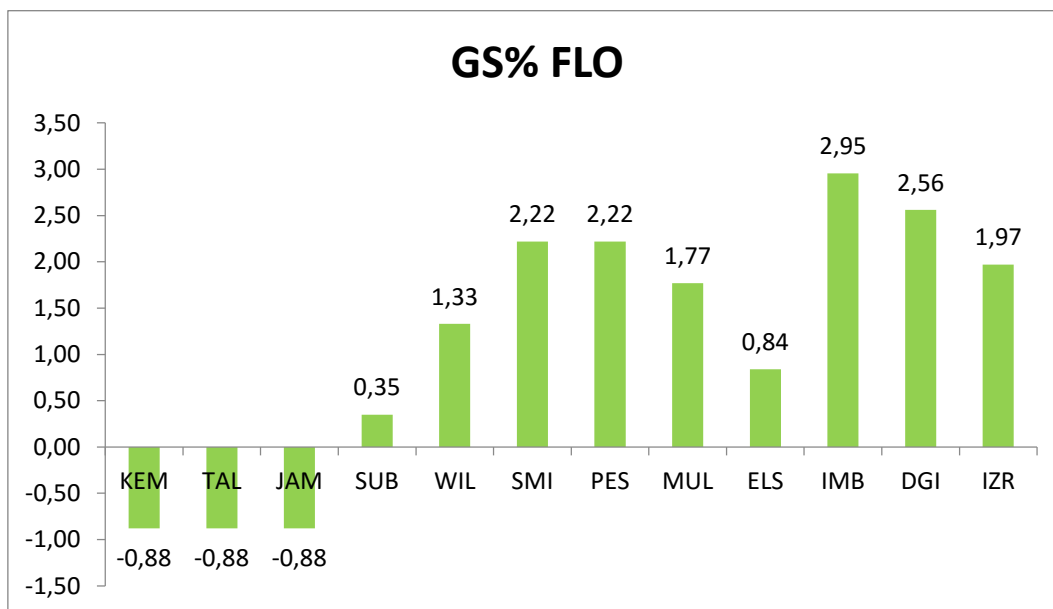


Figura 2 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para a variável florescimento (FLO)

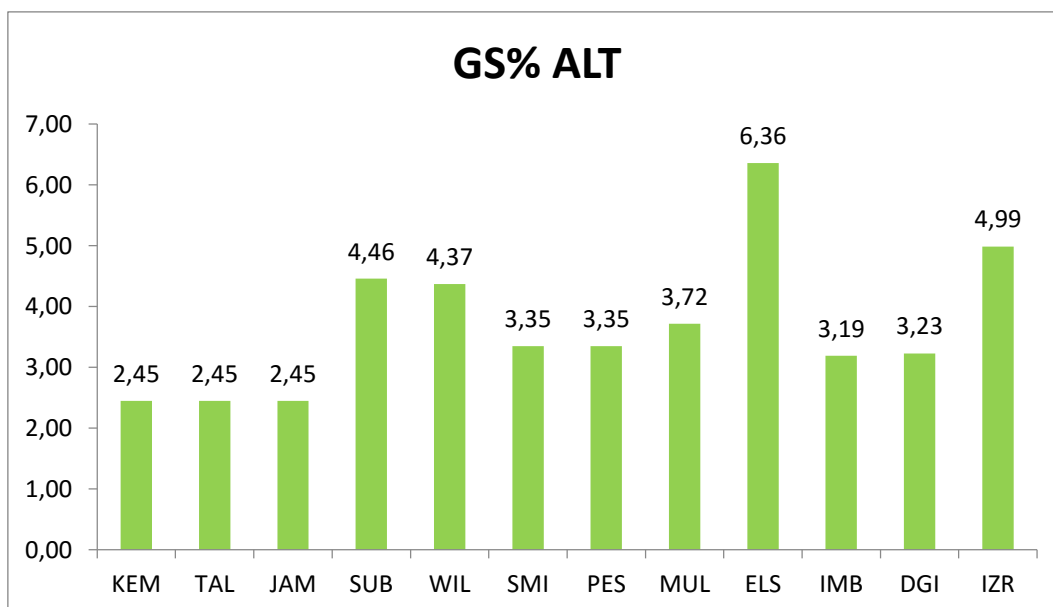


Figura 3 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para a variável altura de plantas (ALT)

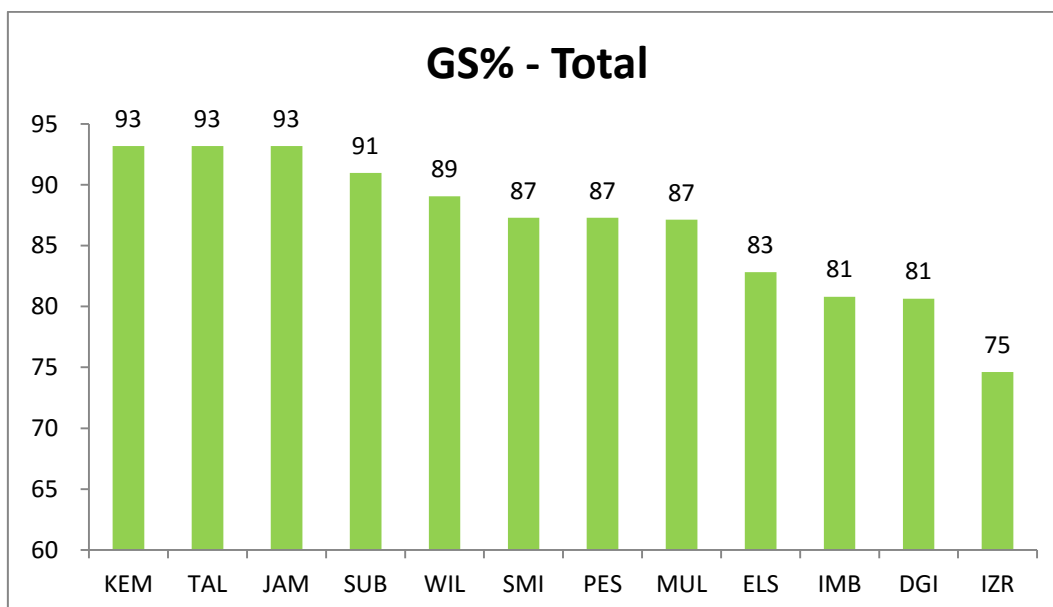


Figura 4 - Gráfico do ganho de seleção (%) por índices para o somatório das três variáveis

Da Figura 5 até a Figura 14 são apresentados os gráficos do radar que contêm os valores de Z para cada uma das características, ou seja, produtividade ( $Z_p$ ), florescimento ( $Z_f$ ) e altura de planta ( $Z_a$ ) de cada um dos dez genótipos coincidentes entre os índices IZR e IMB. Com este tipo de gráfico é possível verificar de forma mais clara em qual genótipo o ganho de seleção em torno da média se distribuiu de modo mais homogêneo, por possibilitar verificar visualmente e comparativamente, através da área formada pelo gráfico, o desempenho de um conjunto de caracteres (OLIVEIRA, 2015). No caso dos valores Z em questão, todas as médias das variáveis são iguais a três. O genótipo de nº 334 (Figura 5) se mostrou um dos mais homogêneos em relação à média, além de valores positivos em relação à mesma.

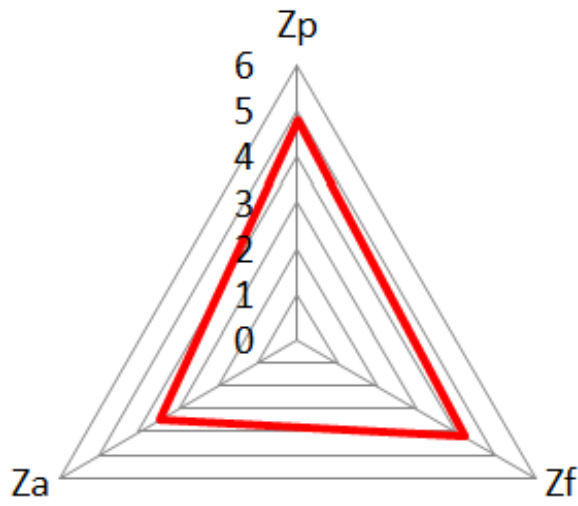


Figura 5 - Gráfico Z do genótipo 334

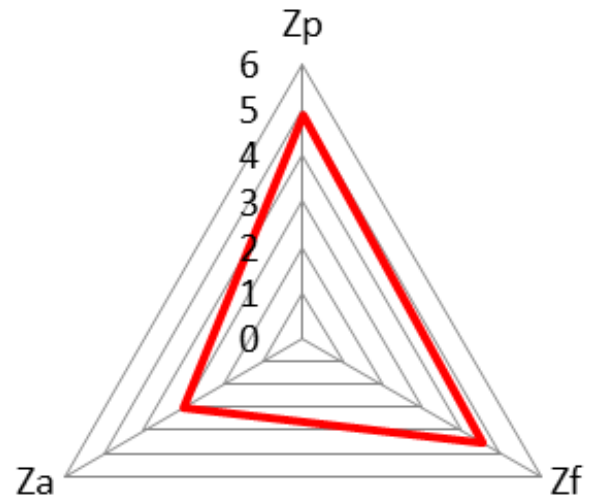


Figura 6 - Gráfico Z do genótipo 378

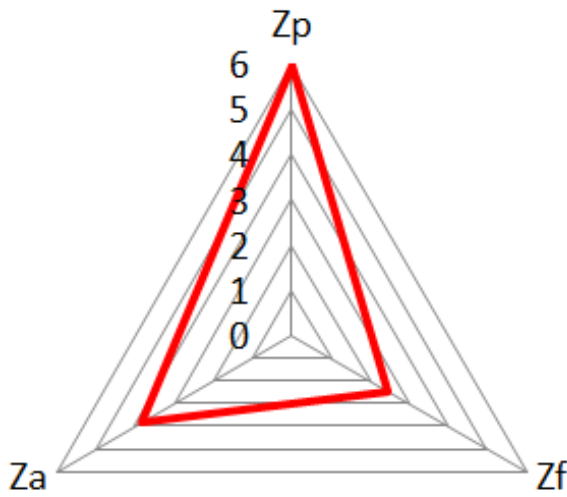


Figura 7 - Gráfico Z do genótipo 463

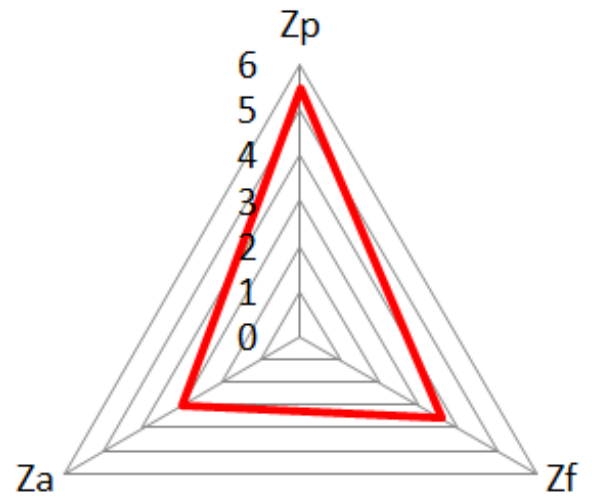


Figura 8 - Gráfico Z do genótipo 53

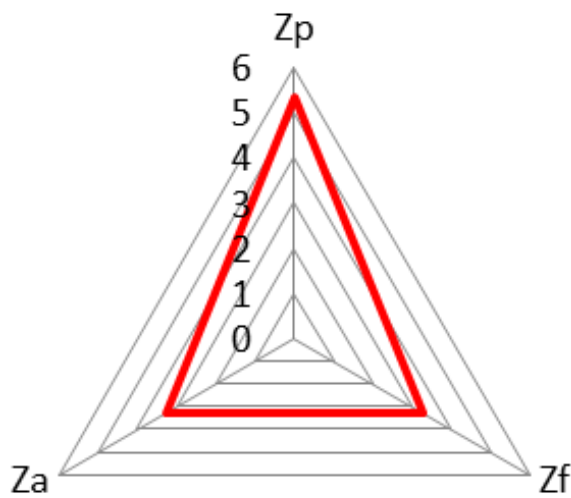


Figura 9 - Gráfico Z do genótipo 61

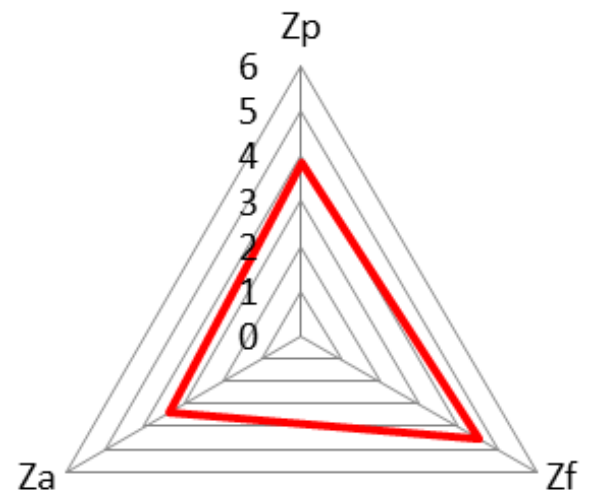


Figura 10 - Gráfico Z do genótipo 69

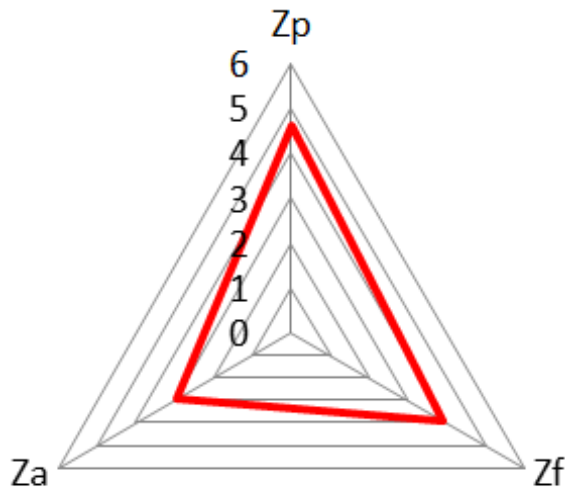


Figura 11 - Gráfico Z do genótipo 88

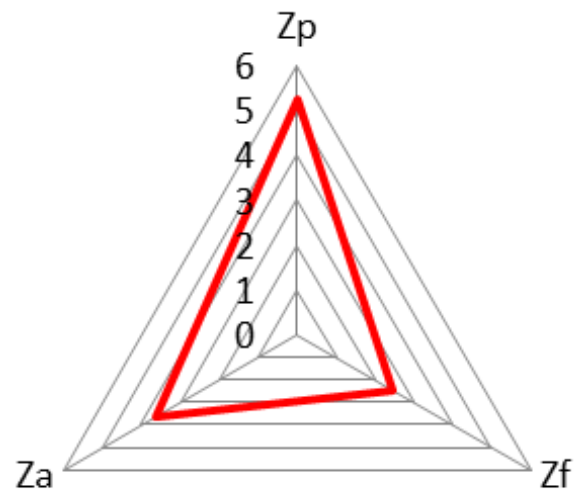


Figura 12 - Gráfico Z do genótipo 368

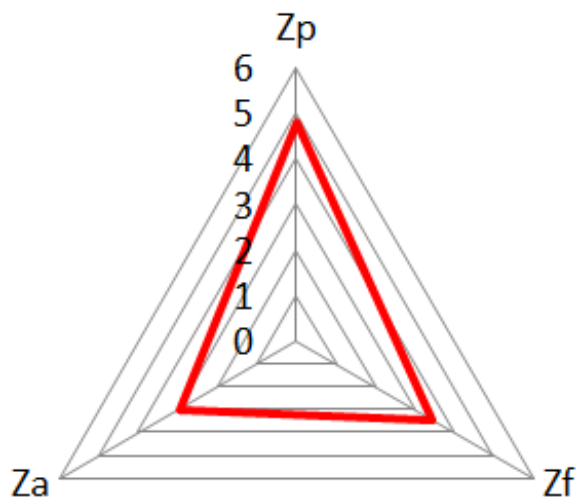


Figura 13 - Gráfico Z do genótipo 318

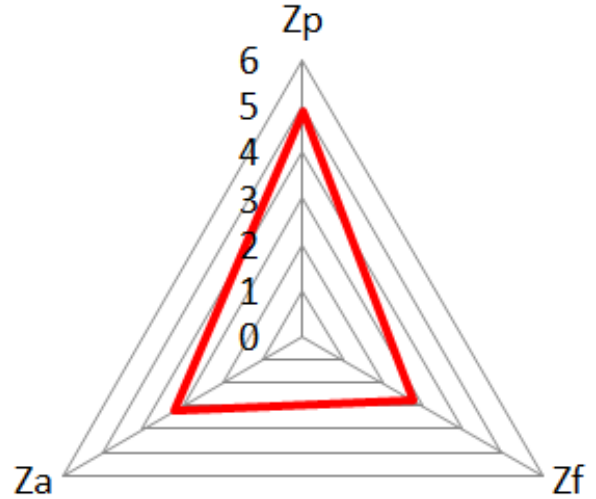


Figura 14 - Gráfico Z do genótipo 122

#### 4.5 Genitores selecionados

Para os genitores foram usados dois métodos, IMB e ISZ, para seleção dos machos e fêmeas.

Quanto à quantidade final de linhagens genitoras, foram escolhidos quatro indivíduos para o caso dos machos e 10 para o caso das fêmeas, pois a finalidade de todos os ensaios e modelos estatísticos aplicados aos dados do experimento é justamente chegar a um número pequeno de indivíduos que apresentem as melhores qualidades possíveis do conjunto inicial.



Como mostrado na Tabela 18, para os machos ocorreu à coincidência de três genótipos entre os quatro selecionados em cada índice. Isto representa um índice de coincidência de 72,22%.

Tabela 18 - Ordem de seleção por índice para genitores machos

<b>Ordem</b>	<b>IMB</b>	<b>ISZ</b>
1	M4	M4
2	M6	M6
3	M3	M10
4	M10	M5

IMB: Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP. ISZ: Índice Z sem restrição.

Como mostrado na Tabela 19 para as fêmeas ocorreu à coincidência de oito genótipos, entre os dez selecionados em cada índice, o que representa um índice de coincidência de 79,62%.

Tabela 19 - Ordem de seleção por índice para genitores fêmeas

<b>Ordem</b>	<b>IMB</b>	<b>ISZ</b>
1	F23	F42
2	F40	F23
3	F42	F49
4	F49	F35
5	F46	F16
6	F50	F46
7	F19	F50
8	F16	F40
9	F45	F15
10	F31	F19

IMB: Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP. ISZ: Índice Z sem restrição.

Na Tabela 20 são mostrados os ganhos de seleção (elaborados com as novas médias preditas, obtidas a partir do processamento dos dados no modelo 98 do software SELEGEN-REML/BLUP) para os genitores machos e fêmeas para cada índice. Como aqui as variáveis FLO e ALT já foram transformadas pela fórmula  $1/x$  ou  $x^{-1}$ , ou seja, tiveram seus valores invertidos, os ganhos não estão com sinais invertidos, ou seja, os ganhos com sinal negativo realmente representam que a variável foi inferior à média sob o aspecto quantitativo e agrônômico.

No caso dos machos, que apresentaram herdabilidade maior que as fêmeas para a variável produtividade, o ganho foi bem maior no índice IMB. Apesar do mesmo ter perdido em relação ao índice ISZ nas variáveis FLO e ALT, ele ganhou de forma

muito relevante em relação à variável PRO, que é considerada a mais importante para este estudo.

No caso das fêmeas, que apresentaram herdabilidades maiores que as dos machos para as variáveis florescimento e altura de planta, o ganho de seleção entre os dois índices testados foi razoavelmente similar, com pequena vantagem para o índice ISZ. Além disso, o ganho de seleção para o mesmo foi maior para as variáveis PRO e FLO, as quais são, respectivamente, a primeira e a segunda variável mais importante para este estudo.

Tabela 20 - Ganhos de seleção (%) em genitores para índices utilizando BLUP

GS% Genitores	Machos		Fêmeas	
	IMB	ISZ	IMB	ISZ
PRO	9,14	1,57	1,66	2,22
FLO	0,13	0,40	3,16	3,54
ALT	-0,33	0,01	1,29	0,74
<b>Total</b>	<b>8,94</b>	<b>1,99</b>	<b>6,12</b>	<b>6,51</b>

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT). IMB: Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP. ISZ: Índice Z sem restrição.

#### 4.5.1 Intervalos de confiança dos valores genotípicos

Da Figura 15 até a Figura 20 são mostrados gráficos com os valores genotípicos relativos aos dez machos analisados e trinta das melhores fêmeas das cinquenta e quatro analisadas. Esses valores genotípicos são do tipo BLUP e provenientes do processamento dos dados do experimento (dados das parcelas dos híbridos para as 3 variáveis avaliadas) no software SELEGEN-REML/BLUP para elaboração do IMB (Índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP).

Nos gráficos das mesmas figuras também consta o intervalo de confiança que é armazenado pelo software SELEGEN-REML/BLUP em um arquivo tipo texto "\*.Fam" após cada processamento. Com estes intervalos de confiança é possível analisar se os genitores possuem diferença significativa entre si.

A utilização de intervalos de confiança (pelo método REML/BLUP) foi registrada, por exemplo, em seleção entre e dentro de famílias de cana de açúcar com modelos mistos sob o enfoque Bayesiano (SILVA, 2012).

Entre os machos coincidentes entre os índices IMB e ISR (M4, M6 e M10), para produtividade o macho M4 se mostrou diferente (positivamente) de M6 e M10, de acordo com a Figura 15.

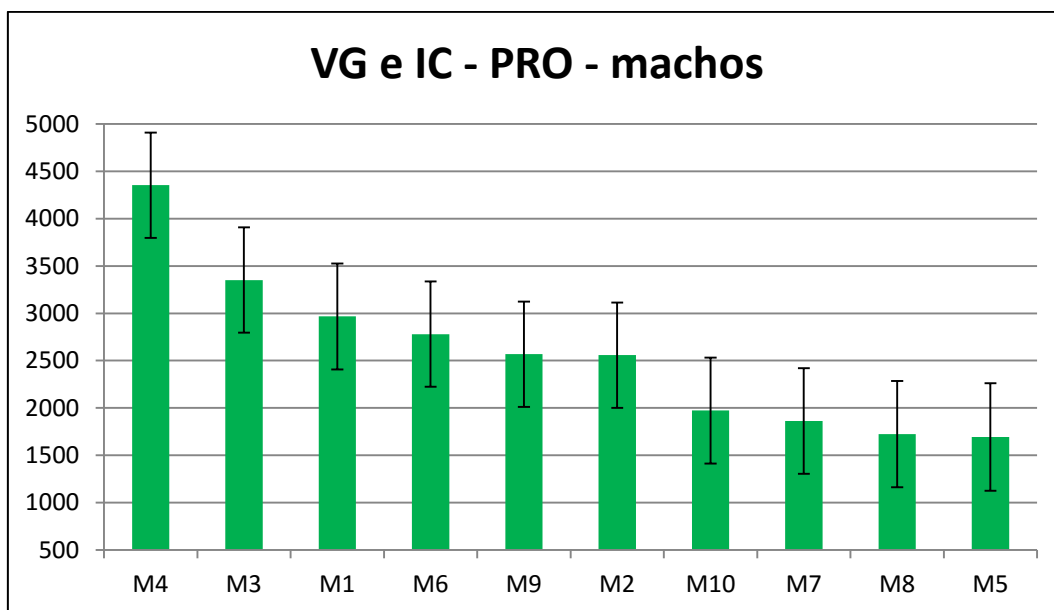


Figura 15 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável Produtividade (PRO) para os machos

Entre os machos coincidentes entre os índices IMB e ISR (M4, M6 e M10), para florescimento, o macho M4 se mostrou visualmente diferente (negativamente) de M10 de acordo com a Figura 16.

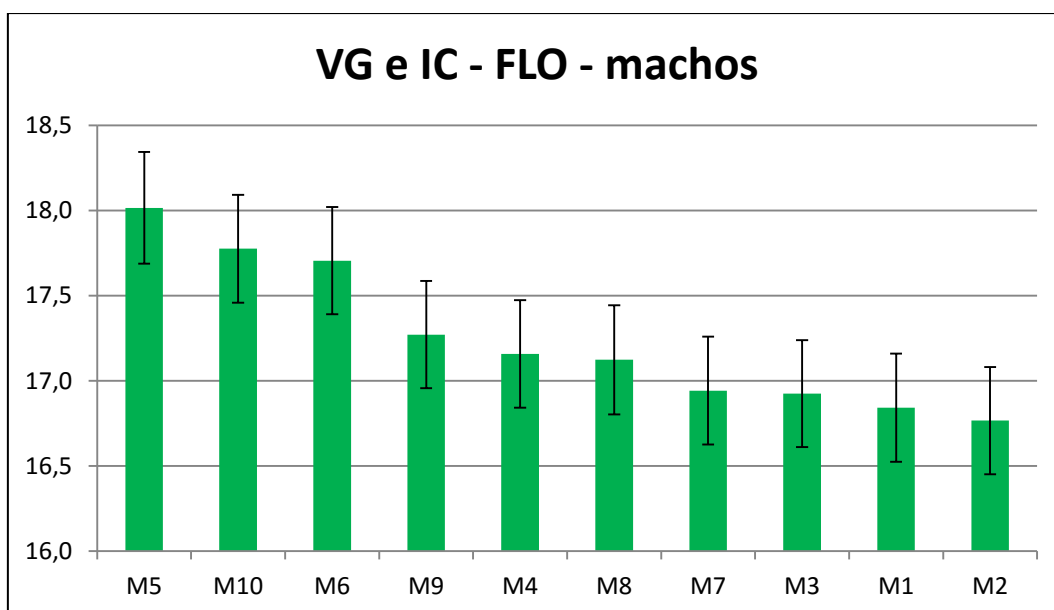


Figura 16 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável florescimento (FLO) para os machos

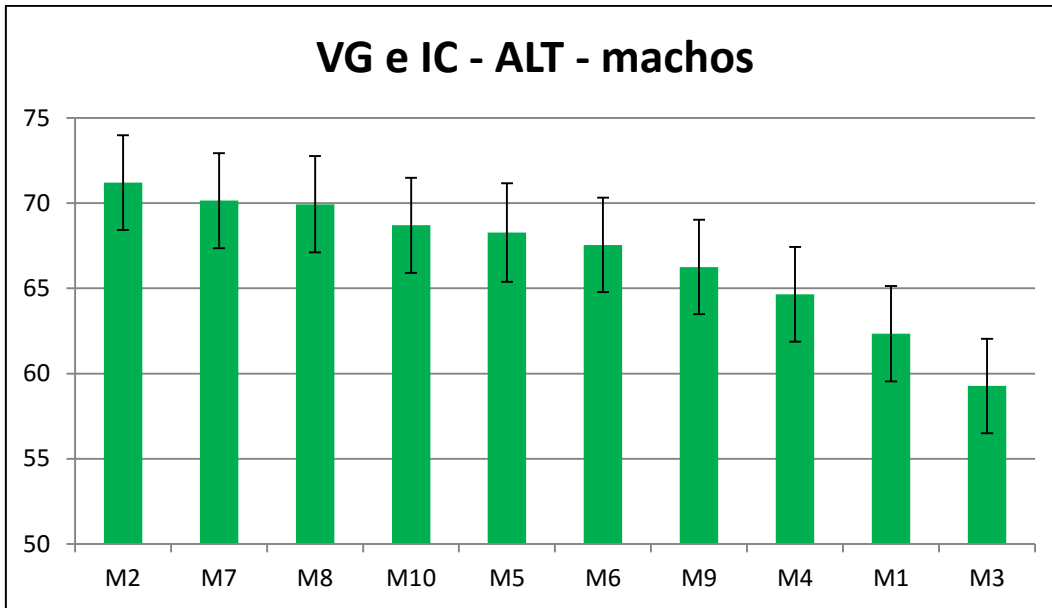


Figura 17 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável altura de plantas (ALT) para os machos

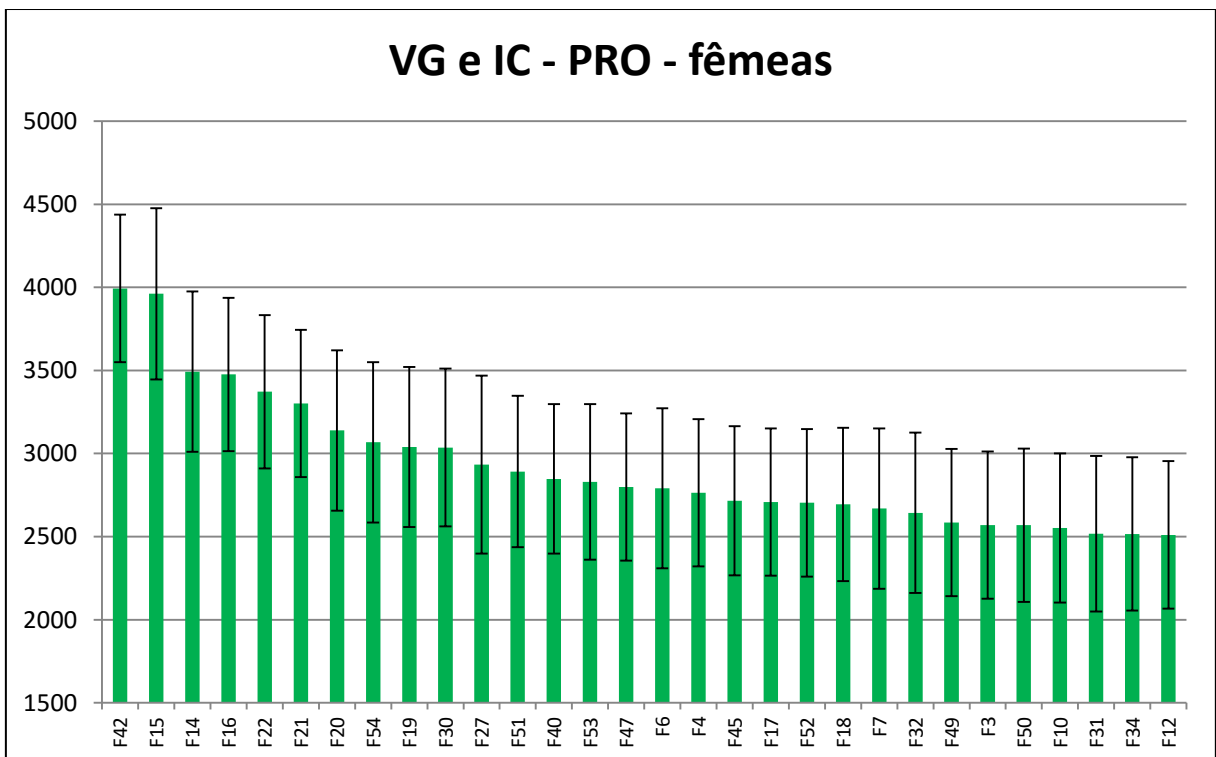


Figura 18 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável Produtividade (PRO) para as fêmeas

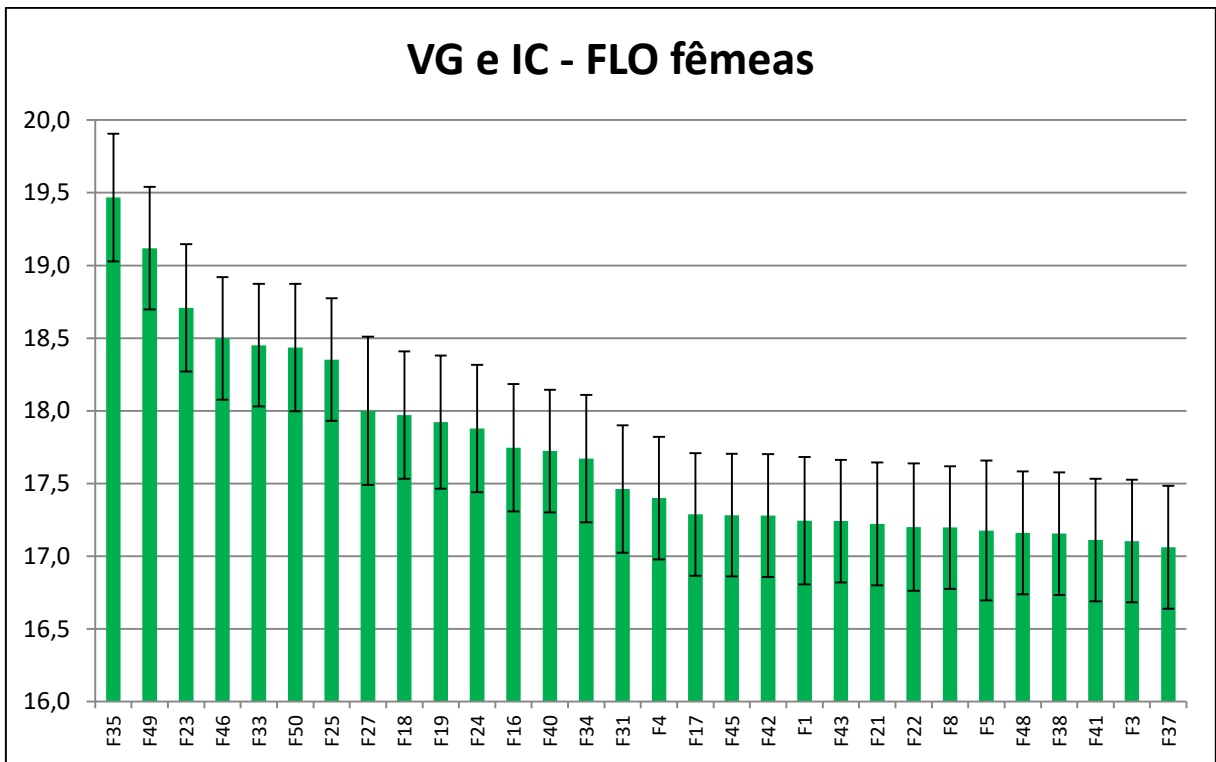


Figura 19 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável florescimento (FLO) para as fêmeas

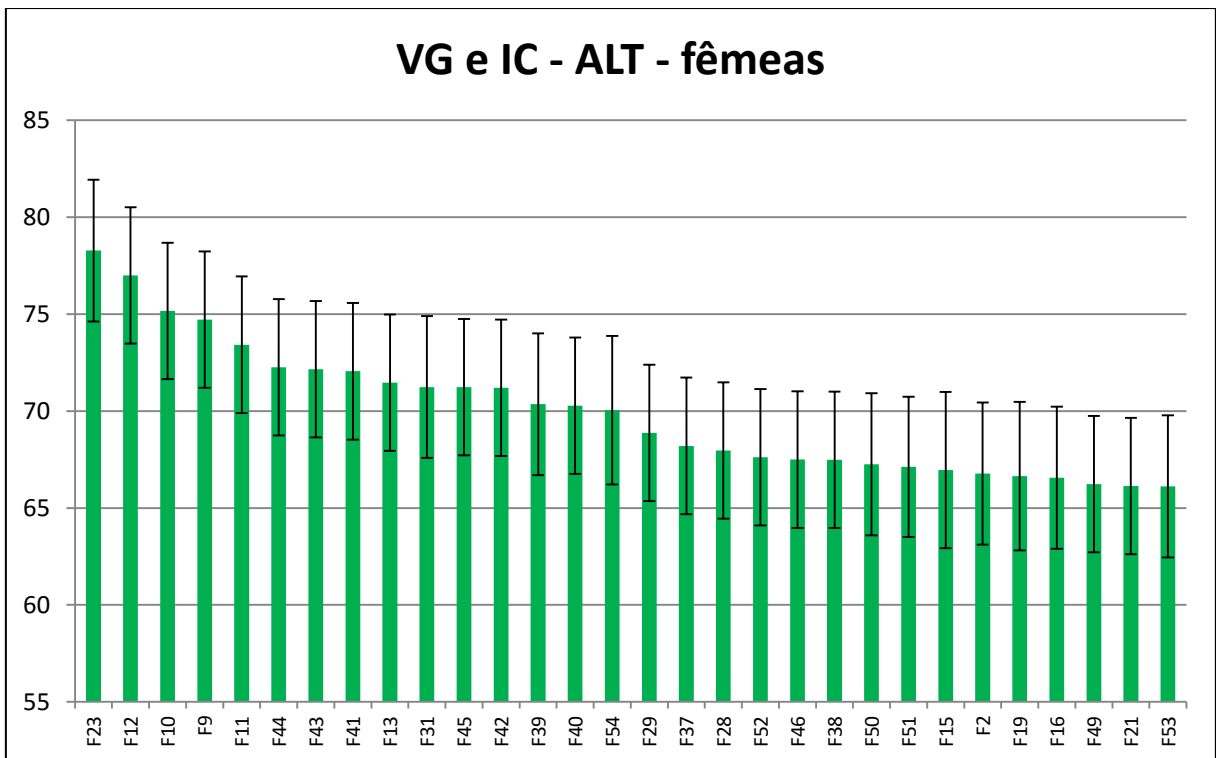


Figura 20 - Gráfico do intervalo de confiança (IC) para os valores genotípicos preditos (VG) da variável altura de plantas (ALT) para as fêmeas

Entre as oito fêmeas coincidentes entre os índices IMB e ISR (F42, F23, F49, F16, F46, F50, F40 e F19), foi possível verificar, por exemplo, que para a variável produtividade a fêmea F42 se mostrou diferente (positivamente) em relação às outras (com exceção da F16) ao se considerar os intervalos de confiança, de acordo com a Figura 18.

## 5 CONCLUSÕES

Os índices de seleção utilizados possibilitaram identificar as melhores linhagens genitoras e os melhores híbridos do ensaio em questão, fazendo seleção simultânea para as características, produtividade, florescimento (precocidade) e altura de plantas.

Cada uma das doze estratégias de seleção escolheu 15 híbridos de um total de 502. Para as linhagens genitoras foram aplicadas apenas duas estratégias de seleção e foram selecionados 4 machos de um total de 10 e 10 fêmeas num total de 54.

Foi verificada correlação significativa entre as variáveis produtividade e florescimento e entre produtividade e altura de plantas. Sob o aspecto genotípico a única correlação não negligenciável ocorreu entre produtividade e altura de plantas, e foi considerada fraca.

Foi verificado índice de coincidência de 100% entre o índice de Pesek e Baker e o índice de Smith e também entre o índice de Kempthorne e Nordskog, o índice de Tallis e o índice de James. O índice de Pesek e Baker e o índice de Smith foram os que apresentaram a maior coincidência acumulada quando considerados todos os doze índices.

Para dez híbridos (coincidentes entre o índice Z com restrição e o índice de Mulamba e Mock utilizando BLUP) foram elaborados gráficos de radar, que possibilitaram verificar visualmente quais destes possuíam ganhos de seleção melhor distribuídos entre as características.

Os gráficos de intervalo de confiança elaborados para os machos e as fêmeas possibilitaram verificar visualmente quando havia diferença significativa entre as linhagens genitoras selecionadas.

Para os híbridos, o índice de Mulamba e Mock com valores BLUP obteve o maior ganho de seleção para a característica florescimento (2,95%) e também teve bom desempenho (comparado aos outros índices) para produtividade e altura de plantas (respectivamente 74,67% e 3,19%). O segundo maior ganho em florescimento foi do índice de distância genótipo-ideótipo (2,56%), seguido em terceiro lugar pelo índice de Pesek e Baker e o pelo índice de Smith (ambos com 2,22%). Como todos estes quatro índices apresentaram ganhos acima de 74% em produtividade, e diante da importância das variáveis produtividade e florescimento, considerou-se que estes quatro índices apresentaram os melhores ganhos sob o aspecto de seleção simultânea para as características testadas neste trabalho.

Os índices de James, de Kempthorne e Nordskog e o de Tallis obtiveram os maiores ganhos totais de seleção (93,20% para os três índices), mas apresentaram ganho de seleção negativo para a variável florescimento.

Para as linhagens genitoras machos, o índice com o maior ganho de seleção total foi o índice de Mulamba e Mock com valores BLUP (8,94%). O mesmo teve ganho de seleção inferior ao índice Z para as variáveis florescimento e altura de plantas, mas como o ganho em produtividade foi várias vezes maior (respectivamente 9,14% e 1,57% para os dois índices), considerou-se que o índice de Mulamba e Mock com valores BLUP apresentou o melhor desempenho neste caso.

Para as linhagens genitoras fêmeas, o índice Z apresentou o maior ganho de seleção total (6,51%) e o maior ganho de seleção para as características produtividade e florescimento (respectivamente 2,22% e 3,54%).

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADUGNA, A. et al. Population genetic structure of in situ wild Sorghum bicolor in its Ethiopian center of origin based on SSR markers. **Genetic resources and crop evolution**, v. 60(4), p. 1313-1328, 2013. doi: 10.1007/s10722-012-9921-8.
- ALMEIDA FILHO, J. E. D. **Avaliação agrônômica e de estabilidade e adaptabilidade de híbridos de sorgo granífero**. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF. Campos dos Goytacazes, p. 82. 2012. Disponível em: <http://uenf.br/posgraduacao/gmp/wp-content/uploads/sites/6/2012/06/Tese-MS-janeio-Eustaquio-final-1.pdf>.
- ANDRADE, J. A. D. C. Teoria do Melhoramento Animal (Graduação)-Aula 5. **Unesp/Departamentos/Biologia e Zootecnia/Material didático**, 2018. Disponível em: <http://www.feis.unesp.br/#!/departamentos/biologia-e-zootecnia/material--didatico/joao-antonio-da-costa-andrade/>. Acesso em: 11 jan. 2018.
- ASSUNÇÃO, M. P. D. **Estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção no maracujazeiro azedo**. Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT. Tangará da Serra, p. 54. 2014. Disponível em: <http://portal.unemat.br/media/files/MARCELO%20PEREIRA%20DE%20ASSUN%C3%87%C3%83O.pdf>.
- CAMARINHA FILHO, J. A. **Modelos lineares mistos: estruturas e matrizes de variâncias e covariâncias e seleção de modelos**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2002. 85 p. Tese para Doutorado de Agronomia: Área de concentração Estatística e Experimentação Agrícola.
- CHAGAS, F. et al. Projeto: Genética Quantitativa – Ensino e Aprendizagem. **UFV - Departamento de Biologia Geral - Laboratório de Bioinformática/BIOAGRO e Laboratório de Biometria/DBG**, [201-?]. Disponível em: [http://arquivo.ufv.br/dbg/genetica\\_quant/](http://arquivo.ufv.br/dbg/genetica_quant/). Acesso em: 10 jan. 2018.
- CHARFAUROS JR., G. L. **Agricultural, Nutritional, and Physical Fitness Policies That Support National Security**. U.S. Army War College, Carlisle Barracks, PA. Carlisle, p. 32. 2011. Strategy Research Project - Master of Strategic Studies Degree.
- CONAB. **Sorgo granífero em Mato Grosso conjuntura bimestral: maio e junho/15**. CONAB - Superintendência Regional do Mato Grosso. Cuiabá, p. 4. 2015. (ano 1, nº 1). Disponível em:



[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15\\_07\\_14\\_10\\_22\\_13\\_conjuntura\\_sorgo\\_mt\\_001.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_07_14_10_22_13_conjuntura_sorgo_mt_001.pdf).

CONAB. Grãos - Série histórica. **Companhia Nacional de Abastecimento/Portal de informações agropecuárias/Observatório agrícola**, 2018. Disponível em: <<https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/index.php/safra-serie-historica-dashboard>>. Acesso em: mar. 2018.

CRUZ, C. D. **Programa Genes - Biometria**. 1ª. ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3ª. ed. Viçosa: Editora UFV, v. 2, 2014. 668 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético**. 4ª. ed. Viçosa: UFV, v. 1º, 2012. 514 p.

DALBOSCO, E. Z. **Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo**. Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT. Tangará da Serra, p. 77. 2015. Disponível em: [http://portal.unemat.br/media/files/Dissertacao\\_Edineia%20Zulian%20-%20Final.pdf](http://portal.unemat.br/media/files/Dissertacao_Edineia%20Zulian%20-%20Final.pdf).

DAMASCENO-SILVA, K. J. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semiprostrados na região Nordeste do Brasil via procedimento REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados: resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília: Embrapa. Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em: <http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

DAMASCENO-SILVA, K. J. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semiprostrados na região Norte do Brasil via procedimento REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados: resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília: Embrapa. Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em: <http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

DAMASCENO-SILVA, K. J. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semiprostrados no estado de Minas Gerais via procedimento REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados: resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília:

Embrapa. Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em:  
<http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

FEITOSA, M. L. et al. Glucose and lipid profile of obese dogs fed with different starchy sources. **Ciência Rural On-line version**, Santa Maria, v. 46, n. 12, p. 2189-2194, Dec 2016. ISSN <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20151327>. Available from: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0103-84782016001202189&lng=en&nrm=iso](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782016001202189&lng=en&nrm=iso).

FLORES-NAVEDA, et al. Comportamiento agronómico de líneas para la producción de semilla de sorgo. **Agronomía Mesoamericana (On-line version)**, San Pedro, v. 24, n. 1, p. 111-118, June 2013. Available from:  
[http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1659-13212013000100011&lng=en&nrm=iso](http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1659-13212013000100011&lng=en&nrm=iso).

FURTINI, I. V. **Estratégias de seleção em testes de progênies visando à obtenção de clones de eucalipto para a indústria de celulose**. Universidade Federal de Lavras - UFLA. Lavras, p. 111. 2011. Disponível em:  
<http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/3671>.

GABRIEL, V. D. A. et al. A importância das plantações de eucalipto na conservação da biodiversidade. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 33, n. 74, p. 203/213, 2013.

GAINZA, F. et al. Rootstock breeding in Prunus species: Ongoing efforts and new challenges. **Chilean journal of agricultural research**, Chillán, v. 75, supl. 1, p. 6-16, Aug 2015. ISSN Disponível em:  
[http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0718-58392015000300002&lng=en&nrm=iso](http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0718-58392015000300002&lng=en&nrm=iso). <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392015000300002>.

HOTEK, M. **Microsoft SQL Server 2008 Passo a Passo**. 1ª. ed. Porto alegre: Bookman, 2010. 536 p.

HOUSE, L. R. **A guide to sorghum breeding**. 2ª. ed. Patancheru: ICRISAT (International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics), 1985. 206 p.

INDEXMUNDI. Corn Production by Country in 1000 MT. **IndexMundi**, 2017. Disponível em:  
<<https://www.indexmundi.com/agriculture/?commodity=corn&graph=production>>.  
Acesso em: 08 março 2018. Ano da estimativa: 2017.

INDEXMUNDI. Sorghum Production by Country in 1000 MT. **IndexMundi**, 2017. Disponível em:

<<https://www.indexmundi.com/agriculture/?commodity=sorghum&graph=production>>. Acesso em: 08 março 2018. Ano da estimativa: 2017.

KAUSHIK. The Mysterious Moray Agricultural Terraces of the Incas. **Amusing Planet**, 2013. Disponível em: <<http://www.amusingplanet.com/2013/03/the-mysterious-moray-agricultural.html>>. Acesso em: 14 outubro 2017.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; RODRIGUES, J. A. S. **Cultivo de Sorgo**. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas, p. 7. 2008. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/35247/1/Ecofisiologia.pdf>.

MAY, A. et al. **Cultivares de Sorgo Granífero em Safrinha no Sudoeste Goiano**. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas, p. 20. 2015.

MENEZES-JÚNIOR, J. Â. N. D. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semieretos na região Centro-Oeste do Brasil via procedimento REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados: resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília: Embrapa. Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em: <http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

MENEZES-JÚNIOR, J. Â. N. D. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semiprostrados na região Centro-Oeste do Brasil via procedimento REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados: resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília: Embrapa. Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em: <http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

MONTEIRO, M. C. D. et al. Obtenção e seleção de híbridos interespecíficos de sorgo forrageiro para Pernambuco e áreas similares. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. Vol. 35, Número Especial, p. 238-247, out. 2004.

MURTY, D. S.; TABO, R.; AJAYI, O. **Sorghum hybrid seed production and management**. [S.l.]: ICRISAT, 1994.

OLIVEIRA, G. E. **Capacidade geral de combinação e análise multivariada de caracteres econômicos em couve-flor**. Universidade Federal de Lavras - UFLA. Lavras, p. 56. 2015. Disponível em: <http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/10587>.

PEREIRA FILHO, I. A.; RODRIGUES, J. A. S. **Sorgo: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. (Coleção 500 perguntas, 500 respostas). Brasília: Embrapa, 2015. 327 p.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n.11, p. 882/890, novembro 2014. Disponível em: <<http://www.scielo.br/pdf/pab/v49n11/0100-204X-pab-49-11-00882.pdf>>.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Utilização de modelos mistos na estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético em feijão-comum. **Anais do 8º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, Goiânia, agosto 2015. Disponível em: <<http://www.sbmp.org.br/8congresso/anais/resumos/resAnexo1-0634-0396.pdf>>.

QIN, J. et al. Neolithic agriculture, freshwater resources and rapid environmental changes on the lower Yangtze, China. **Quaternary Research**, v. 75(1), p. 55-65, 2011. doi:10.1016/j.yqres.2010.07.014.

REDDY, P. S.; PATIL,. **Genetic Enhancement of Rabi Sorghum: Adapting the Indian Durra**. [S.l.]: Academic Press, 2015. 248 p.

REIS, C. A. F. et al. Seleção de progênies de eucalipto pelo índice Z por MQM e Blup. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 5, p. 517-523, 2011. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/898220/selecao-de-progenies-de-eucalipto-pelo-indice-z-por-mqm-e-blup>.

RESENDE, M. D. V. D. **O Software SELEGEN-REML/BLUP**. Campo Grande: Documentos Embrapa, 2006. 305 p.

RESENDE, M. D. V. D. et al. **Seleção Genômica Ampla (GWS) via Modelos Mistos (REML/BLUP), Inferência Bayesiana (MCMC), Regressão Aleatória Multivariada e Estatística Espacial**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012. 291 p. Disponível em: <[http://www.cnpso.embrapa.br/gws/selecao\\_genomica.pdf](http://www.cnpso.embrapa.br/gws/selecao_genomica.pdf)>.

RESENDE, M. D. V. D.; SILVA, F. F. E.; AZEVEDO, C. F. **Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categorias e Generalizados (REML/BLUP), Inferência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTI-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência**. 1ª. ed. Viçosa: Suprema, 2014. 881 p.

ROCHA, M. D. M. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semieretos na região Nordeste do Brasil via procedimento REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados: resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília: Embrapa.

Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em:

<http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

ROCHA, M. D. M. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semieretos na região Norte do Brasil via procedimento**

**REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de mercados:

resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília: Embrapa.

Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em:

<http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

ROCHA, M. D. M. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi semieretos nos estados de Minas Geras e São Paulo via**

**procedimento REML/BLUP**. Feijão-caupi: avanços e desafios tecnológicos e de

mercados: resumos / IV Congresso Nacional de Feijão-caupi (Sorriso-MT). Brasília:

Embrapa. Junho 2016. p. 269 (anais). Disponível em:

<http://www.cpamn.embrapa.br/conac2016/downloads/EBOOK.pdf>.

SANTOS, G. A. D. **Interação genótipos x ambientes para produtividade de**

**híbridos multi-espécies de eucalipto**. Universidade Federal do Paraná. Curitiba, p. 129. 2012. Tese de Doutorado.

SILVA, A. J. D. et al. Modelos mistos e estatística não paramétrica na seleção de linhagens avançadas de soja na presença de interação genótipo por ambiente.

**Anais do 8º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, Goiânia, 2015.

Disponível em: <<http://www.sbmp.org.br/8congresso/anais/resumos/resAnexo1-0216-0480.pdf>>.

SILVA, M. A. G. D. **Modelos mistos na seleção entre e dentro de famílias de**

**cana de açúcar sob o enfoque Bayesiano**. Universidade Federal de Viçosa - UFV.

Viçosa, p. 59. 2012. Disponível em:

<http://alexandria.cpd.ufv.br:8000/teses/estatistica%20aplicada%20e%20biometria/2012/241875f.pdf>.

SOLAGES, P. D. Milho corpo e alma do México. **Site da Revista Planeta**, 2007.

Disponível em: <<https://www.revistaplaneta.com.br/milho-corpo-e-alma-do-mexico/>>.

Acesso em: 13 jan. 2018.

TEODORO, P. E. et al. Contribuição de caracteres agronômicos para a

produtividade de grãos em pinhão-manso. **Bragantia**, Campinas, v. 75, p. 51-56,

2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.314>.

TEODORO, P. E. et al. **Predição de ganho genético em híbridos de sorgo utilizando modelo aditivo-materno multicaracterístico**. 9º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas: Resumos. Foz do Iguaçu: SBMP. Junho 2017. p. 393 (anais). Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1081318/predicao-de-ganho-genetico-em-hibridos-de-sorgo-utilizando-modelo-aditivo-materno-multicaracteristico>.

TOMÉ, L. M. **Emprego dos índices de seleção no melhoramento de arroz**.

Universidade Federal de Lavras - UFLA. Lavras, p. 54. 2017.

Disponibilidade/informações: <http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/13038>.

VENTURINI, et al. Consumo e desempenho de cordeiros e borregos alimentados com dietas de alto concentrado de milho ou sorgo. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia (On-line)**, Belo Horizonte, v. 68, n. 6, p. 1638-1646, Dec 2016. Available from: [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0102-09352016000601638&lng=en&nrm=iso](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0102-09352016000601638&lng=en&nrm=iso).

WAYMAN, E. How to Retrace Early Human Migrations. **Smithsonian.com**, 2012.

Disponível em: <https://www.smithsonianmag.com/science-nature/how-to-retrace-early-human-migrations-50762656/>. Acesso em: 14 outubro 2017.

WILLIAMS-ALANÍS, H.; ARCOS-CAVAZOS, G. Comportamiento agronómico de híbridos y progenitores de sorgo para grano en las Huastecas. **Agronomía**

**Mesoamericana (On-line version)**, San Pedro, v. 26, n. 1, p. 88-97, June 2015.

Available from: [http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1659-13212015000100009&lng=en&nrm=iso](http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1659-13212015000100009&lng=en&nrm=iso).

## APÊNDICE

Tabela 21 - Genitores machos dos híbridos do ensaio e ordenamentos via valores genotípicos preditos (VG)

Ordem	PRO		FLO		ALT	
	Linhagem	VG	Linhagem	VG	Linhagem	VG
1	M4	4354,3037	M5	18,0154	M2	71,2141
2	M3	3352,0213	M10	17,7752	M7	70,1548
3	M1	2967,1489	M6	17,7054	M8	69,9371
4	M6	2779,4443	M9	17,2713	M10	68,7027
5	M9	2567,3408	M4	17,1575	M5	68,2859
6	M2	2557,1978	M8	17,1230	M6	67,5523
7	M10	1972,2227	M7	16,9421	M9	66,2549
8	M7	1862,5632	M3	16,9244	M4	64,6562
9	M8	1724,3150	M1	16,8415	M1	62,3354
10	M5	1694,1648	M2	16,7664	M3	59,2744

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT).

Tabela 22 - Genitores fêmeas dos híbridos do ensaio e ordenamentos via valores genotípicos preditos (VG)

Ordem	PRO		FLO		ALT	
	Linhagem	VG	Linhagem	VG	Linhagem	VG
1	F42	3994.0102	F35	19.4670	F23	78.2777
2	F15	3961.7847	F49	19.1186	F12	76.9974
3	F14	3492.9556	F23	18.7080	F10	75.1599
4	F16	3476.4466	F46	18.4985	F9	74.7123
5	F22	3372.4423	F33	18.4513	F11	73.4200
6	F21	3301.6946	F50	18.4349	F44	72.2520
7	F20	3139.0096	F25	18.3524	F43	72.1541
8	F54	3067.5723	F27	18.0006	F41	72.0519
9	F19	3039.4144	F18	17.9706	F13	71.4648
10	F30	3036.2455	F19	17.9222	F31	71.2409
11	F27	2933.8321	F24	17.8776	F45	71.2349
12	F51	2891.9576	F16	17.7470	F42	71.1991
13	F40	2847.7423	F40	17.7239	F39	70.3514
14	F53	2829.6742	F34	17.6723	F40	70.2784
15	F47	2798.5734	F31	17.4622	F54	70.0499
16	F6	2790.7220	F4	17.3999	F29	68.8771
17	F4	2763.6700	F17	17.2878	F37	68.2033
18	F45	2716.2208	F45	17.2827	F28	67.9616
19	F17	2707.9761	F42	17.2799	F52	67.6140
20	F52	2703.3934	F1	17.2434	F46	67.4943
21	F18	2694.3076	F43	17.2413	F38	67.4915
22	F7	2669.0715	F21	17.2223	F50	67.2569

Ordem	Linhagem	VG	Linhagem	VG	Linhagem	VG
	PRO		FLO		ALT	
23	F32	2643.0035	F22	17.2007	F51	67.1230
24	F49	2584.5261	F8	17.1972	F15	66.9540
25	F3	2569.8143	F5	17.1766	F2	66.7765
26	F50	2568.7375	F48	17.1608	F19	66.6444
27	F10	2552.0161	F38	17.1558	F16	66.5613
28	F31	2517.5994	F41	17.1113	F49	66.2351
29	F34	2516.4315	F3	17.1043	F21	66.1287
30	F12	2510.3453	F37	17.0611	F53	66.1157
31	F39	2509.0363	F51	17.0510	F18	66.1034
32	F48	2490.5481	F54	17.0466	F35	65.9333
33	F46	2478.4826	F52	17.0066	F14	65.8901
34	F2	2448.3876	F20	16.9946	F47	65.7716
35	F41	2441.7520	F53	16.9820	F1	65.5430
36	F38	2409.9974	F14	16.9525	F27	65.4485
37	F13	2405.0282	F15	16.9341	F30	65.3912
38	F37	2399.1253	F36	16.9037	F22	65.0411
39	F5	2379.9238	F11	16.8959	F20	64.9607
40	F25	2260.7366	F32	16.8771	F26	64.8553
41	F29	2181.4066	F39	16.8747	F25	64.8324
42	F26	2154.1167	F2	16.8678	F17	63.9301
43	F44	2113.6536	F13	16.8640	F33	63.6683
44	F43	2095.9506	F44	16.8484	F3	63.1385
45	F24	2090.6806	F7	16.8427	F24	63.0466
46	F33	2081.5727	F6	16.8238	F6	62.6711
47	F1	2067.7716	F47	16.5701	F4	62.3778
48	F28	2000.6230	F10	16.4416	F5	61.0047
49	F8	1968.1901	F12	16.2786	F8	61.0014
50	F11	1941.5957	F26	16.2472	F7	60.4379
51	F9	1924.8458	F28	16.0401	F32	58.8616
52	F36	1749.0275	F30	15.9348	F36	58.0722
53	F35	1744.4108	F9	15.9055	F34	56.5995
54	F23	1457.8476	F29	15.9042	F48	56.3241

Variáveis: produtividade (PRO), florescimento (FLO) e altura de planta (ALT).

Tabela 23 - Híbridos avaliados no experimento e respectivas médias ajustadas

nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
1	1173-735	M10F1	1233.5862	55.0	155.0
2	1173-015	M1F1	2559.1724	59.5	150.0
3	1173-135	M2F1	2795.6776	60.0	143.0
4	1173-255	M3F1	2840.5517	60.5	170.5
5	1173-375	M4F1	3297.1494	60.5	153.0
6	1173-1095	M5F1	2037.2414	55.0	157.0
7	1173-855	M6F1	1988.5517	55.0	149.5
8	1173-975	M7F1	987.8851	60.0	152.0
9	1173-615	M9F1	1115.0115	57.0	160.5
10	1173-771	M10F10	2075.2184	55.0	139.0
11	1173-051	M1F10	2613.5632	63.5	137.5



nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
12	1173-171	M2F10	1377.1494	63.0	110.0
13	1173-291	M3F10	3544.9885	63.0	151.5
14	1173-411	M4F10	3844.7816	62.5	131.0
15	1173-1131	M5F10	2439.7241	62.5	170.0
16	1173-891	M6F10	3092.6897	56.0	135.5
17	1173-1011	M7F10	1502.9655	64.5	106.0
18	1173-531	M8F10	2134.2074	60.0	134.0
19	1173-651	M9F10	2993.9310	62.0	124.0
20	1173-773	M10F11	871.8621	57.0	135.0
21	1173-053	M1F11	2163.5862	61.0	160.0
22	1173-173	M2F11	1414.5747	62.0	102.5
23	1173-293	M3F11	3281.1954	60.0	169.5
24	1173-413	M4F11	5593.2644	62.0	146.0
25	1173-1133	M5F11	304.4828	57.0	131.0
26	1173-893	M6F11	1630.4368	57.0	140.0
27	1173-1013	M7F11	742.0000	59.5	119.5
28	1173-533	M8F11	599.5402	57.0	133.5
29	1173-653	M9F11	1636.8281	61.0	141.0
30	1173-775	M10F12	2327.5862	57.5	162.0
31	1173-055	M1F12	1944.5517	66.5	117.0
32	1173-175	M2F12	1563.9080	66.0	100.0
33	1173-295	M3F12	3607.3793	63.5	130.0
34	1173-415	M4F12	4379.6782	66.5	124.0
35	1173-1135	M5F12	1191.8851	55.0	137.0
36	1173-895	M6F12	3170.4828	58.5	134.0
37	1173-1015	M7F12	1641.0575	62.5	125.0
38	1173-535	M8F12	1959.2644	61.5	143.0
39	1173-655	M9F12	3195.0575	61.5	130.0
40	1173-759	M10F13	1310.5287	56.0	141.0
41	1173-039	M1F13	2836.2069	62.5	157.0
42	1173-159	M2F13	2296.2304	61.5	123.5
43	1173-279	M3F13	6334.1604	61.0	171.0
44	1173-399	M4F13	4786.9540	58.5	149.5
45	1173-1119	M5F13	544.6897	56.0	135.5
46	1173-879	M6F13	2072.6207	57.0	141.0
47	1173-999	M7F13	1735.1494	62.0	130.5
48	1173-519	M8F13	697.0115	59.5	129.0
49	1173-639	M9F13	2182.8966	61.0	126.0
50	1173-825	M10F14	2922.9425	62.5	148.5
51	1173-225	M2F14	4980.6437	57.0	143.5
52	1173-345	M3F14	4536.1839	59.0	159.5
53	1173-465	M4F14	5627.7931	56.0	149.5
54	1173-1185	M5F14	2571.3333	55.0	149.5
55	1173-945	M6F14	3315.8621	57.0	150.5
56	1173-1065	M7F14	3748.6552	63.0	163.5
57	1173-705	M9F14	2248.7816	62.5	152.0
58	1173-107	M1F15	3441.2874	62.5	158.5
59	1173-227	M2F15	4809.0575	57.0	138.5
60	1173-347	M3F15	5338.5977	58.0	162.5
61	1173-467	M4F15	5469.6552	57.0	144.5
62	1173-947	M6F15	3750.3448	58.5	140.0
63	1173-1067	M7F15	4542.7126	63.0	152.0
64	1173-707	M9F15	5641.5408	63.0	172.5
65	1173-761 1173-819	M10F16	3476.2529	52.5	143.0
66	1173-041	M1F16	3939.9310	60.0	155.5
67	1173-161 1173-219	M2F16	4545.0345	57.0	136.5
68	1173-281 1173-339	M3F16	4159.1264	55.0	169.5
69	1173-401 1173-459	M4F16	3651.8851	53.0	143.0
70	1173-881 1173-939	M6F16	3343.5402	53.0	145.5

nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
71	1173-1001 1173-1059	M7F16	3425.0115	62.5	164.5
72	1173-579	M8F16	4019.3333	60.0	150.5
73	1173-641 1173-699	M9F16	3122.8506	58.0	155.5
74	1173-751	M10F17	1862.1379	53.0	154.5
75	1173-031	M1F17	3983.4253	65.0	160.0
76	1173-151	M2F17	2445.9770	60.0	151.0
77	1173-271	M3F17	3711.4713	60.5	178.0
78	1173-391	M4F17	4988.2299	58.0	152.5
79	1173-1111	M5F17	1262.0920	53.5	156.5
80	1173-871	M6F17	3403.7931	56.5	166.0
81	1173-991	M7F17	1519.9310	57.0	153.5
82	1173-511	M8F17	700.5287	54.5	159.0
83	1173-631	M9F17	3412.7356	63.5	149.0
84	1173-753	M10F18	2088.0920	53.5	160.5
85	1173-033	M1F18	1999.4483	56.5	130.0
86	1173-153	M2F18	2709.3103	60.0	153.0
87	1173-273	M3F18	4018.0000	57.0	172.5
88	1173-393	M4F18	4628.0690	55.0	150.5
89	1173-873	M6F18	3484.3678	56.0	157.0
90	1173-993	M7F18	1640.5747	57.0	139.5
91	1173-513	M8F18	984.5057	53.5	149.0
92	1173-633	M9F18	3772.8276	54.5	165.0
93	1173-763	M10F19	2993.6322	53.0	157.0
94	1173-043	M1F19	4595.3563	56.5	165.5
95	1173-163	M2F19	3535.5172	60.0	150.5
96	1173-283	M3F19	3767.7931	58.0	164.0
97	1173-403	M4F19	3400.6667	53.0	134.0
98	1173-883	M6F19	3561.6552	54.5	152.5
99	1173-1003	M7F19	2108.2759	60.0	134.0
100	1173-643	M9F19	2869.3793	53.5	163.5
101	1173-721	M10F2	2021.0115	59.0	141.5
102	1173-001	M1F2	2523.2874	60.0	149.0
103	1173-121	M2F2	3205.2414	61.0	147.0
104	1173-241	M3F2	3614.4138	60.5	189.0
105	1173-361	M4F2	4110.7356	59.5	168.5
106	1173-1081	M5F2	1003.0345	55.0	140.0
107	1173-841	M6F2	1237.1035	60.5	145.0
108	1173-961	M7F2	3014.5287	59.5	145.0
109	1173-601	M9F2	1937.8391	59.5	143.5
110	1173-837	M10F20	3000.7816	58.0	162.5
111	1173-237	M2F20	3549.6782	61.0	151.0
112	1173-357	M3F20	3605.9770	61.0	180.0
113	1173-477	M4F20	4805.4943	62.0	159.5
114	1173-1197	M5F20	1675.1724	55.0	153.0
115	1173-957	M6F20	4025.0115	58.5	157.0
116	1173-597	M8F20	2678.8046	56.5	136.0
117	1173-717	M9F20	3044.7816	58.0	145.0
118	1173-839	M10F21	2922.1379	60.5	144.5
119	1173-119	M1F21	4480.0000	58.5	152.0
120	1173-239	M2F21	2056.0000	61.5	152.0
121	1173-359	M3F21	5220.8966	58.5	168.5
122	1173-479	M4F21	4912.7356	59.0	146.5
123	1173-1199	M5F21	1357.5172	53.0	148.0
124	1173-959	M6F21	3780.5747	53.0	148.0
125	1173-1079	M7F21	1577.8391	60.0	151.5
126	1173-599	M8F21	3248.8736	58.5	143.5
127	1173-719	M9F21	4671.8161	60.0	166.5
128	1173-829 1173-831	M10F22	3123.3333	57.0	150.5
129	1173-111 1173-113	M1F22	2047.0115	62.0	152.0

nr.	Código no experimento			Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
130	1173-229	1173-231	1173-233	M2F22	3737.7701	60.0	155.5
		1173-235					
131	1173-349	1173-351	1173-353	M3F22	4573.7011	61.5	178.0
		1173-355					
132	1173-469	1173-471	1173-473	M4F22	6286.6667	58.5	157.5
		1173-475					
133	1173-1191	1173-1193	1173-1195	M5F22	1646.1149	52.5	157.5
134	1173-949	1173-953	1173-955	M6F22	4222.4828	55.0	162.0
135	1173-1071	1173-1073	1173-1075	M7F22	2814.2299	58.0	146.0
136	1173-709	1173-711	1173-713	M9F22	4090.1379	60.5	145.0
		1173-715					
		1173-781		M10F23	740.0230	52.5	105.0
138		1173-061		M1F23	2325.7017	52.5	146.0
139		1173-181		M2F23	819.8391	57.5	120.5
140		1173-301		M3F23	1579.1724	53.5	175.0
141		1173-421		M4F23	2339.2644	53.5	137.5
142		1173-901		M6F23	1307.8621	53.0	130.0
143		1173-1021		M7F23	782.2529	53.0	124.0
144		1173-541		M8F23	1299.5172	53.5	101.0
145		1173-661		M9F23	1084.9885	52.5	148.5
146		1173-755		M10F24	1052.3448	53.0	122.5
147		1173-035		M1F24	2894.9885	58.0	185.0
148		1173-155		M2F24	1781.3793	58.0	178.5
149		1173-275		M3F24	2938.8046	60.0	161.5
150		1173-395		M4F24	2944.5977	53.5	177.5
151		1173-875		M6F24	1632.5977	53.0	159.5
152		1173-995		M7F24	1192.0000	57.0	151.0
153		1173-515		M8F24	2480.1609	61.0	160.5
154		1173-635		M9F24	1958.0920	53.0	173.0
155		1173-765		M10F25	1466.7586	53.0	154.5
156		1173-045		M1F25	2872.9655	53.0	176.0
157		1173-165		M2F25	2698.8046	54.5	157.5
158		1173-285		M3F25	3323.4713	57.0	171.0
159		1173-405		M4F25	3148.9195	53.0	160.0
160		1173-1125		M5F25	1540.1149	53.0	140.5
161		1173-885		M6F25	1231.1954	54.5	147.5
162		1173-1005		M7F25	1800.0920	53.0	156.5
163		1173-525		M8F25	1755.1724	60.0	140.5
164		1173-645		M9F25	2226.4828	53.0	157.0
165		1173-821		M10F26	816.3448	60.5	163.5
166		1173-101		M1F26	2401.5627	65.0	137.5
167		1173-221		M2F26	1661.3339	63.0	137.5
168		1173-341		M3F26	2711.2874	64.0	172.5
169		1173-461		M4F26	6286.5977	64.0	175.0
170		1173-1181		M5F26	1122.6207	57.5	172.5
171		1173-941		M6F26	1574.6897	60.0	153.5
172		1173-1061		M7F26	840.8276	63.5	142.5
173		1173-581		M8F26	2516.4138	60.5	160.0
174		1173-701		M9F26	681.1494	61.0	154.5
175		1173-067		M1F27	4526.6897	57.0	173.0
176		1173-187		M2F27	3748.9195	60.5	160.5
177		1173-307		M3F27	2650.2299	56.5	156.5
178		1173-907		M6F27	2236.6667	52.0	143.5
179		1173-547		M8F27	2971.9540	57.0	173.0
180		1173-667		M9F27	2508.8736	53.0	142.5
181		1173-739		M10F28	897.2874	60.5	147.5
182		1173-019		M1F28	2195.8391	65.5	154.0

nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
183	1173-139	M2F28	1028.6207	65.5	151.0
184	1173-259	M3F28	4208.3448	66.0	165.5
185	1173-379	M4F28	3367.5172	65.0	136.0
186	1173-1099	M5F28	1157.1724	59.0	155.5
187	1173-859	M6F28	3359.7012	61.5	150.0
188	1173-979	M7F28	937.4023	63.0	136.0
189	1173-499	M8F28	633.4253	61.5	136.0
190	1173-619	M9F28	1239.0345	60.0	153.5
191	1173-741	M10F29	1101.9540	60.5	144.0
192	1173-021	M1F29	2320.3218	67.0	158.5
193	1173-141	M2F29	1744.2989	66.0	141.0
194	1173-261	M3F29	4576.3448	64.5	180.0
195	1173-381	M4F29	5109.9310	65.5	158.5
196	1173-1101	M5F29	1381.5402	59.5	149.0
197	1173-861	M6F29	1957.5402	61.5	131.0
198	1173-981	M7F29	845.6552	63.0	132.5
199	1173-501	M8F29	564.8276	63.0	126.5
200	1173-621	M9F29	1534.5287	62.5	142.5
201	1173-723	M10F3	1711.9540	54.5	153.5
202	1173-003	M1F3	3620.3448	61.0	177.5
203	1173-123	M2F3	2824.9195	60.5	145.0
204	1173-243	M3F3	4271.0575	60.5	190.0
205	1173-363	M4F3	3989.8851	58.0	163.5
206	1173-1083	M5F3	2738.4828	59.0	151.5
207	1173-843	M6F3	2405.1954	55.0	160.0
208	1173-963	M7F3	1522.6437	60.5	150.5
209	1173-483	M8F3	726.2069	58.0	160.0
210	1173-603	M9F3	1865.1034	59.0	157.5
211	1173-737	M10F30	2625.2868	61.5	162.5
212	1173-017	M1F30	3474.3448	66.5	172.5
213	1173-137	M2F30	4531.6782	65.0	144.5
214	1173-257	M3F30	4189.2874	62.5	190.0
215	1173-377	M4F30	5577.0115	65.0	155.0
216	1173-1097	M5F30	1266.3908	61.0	150.0
217	1173-857	M6F30	2812.8276	61.0	142.5
218	1173-977	M7F30	2229.7006	63.0	150.0
219	1173-617	M9F30	2278.1379	62.5	139.0
220	1173-743	M10F31	1107.3103	56.0	126.5
221	1173-023	M1F31	2663.1494	58.0	166.0
222	1173-263	M3F31	3947.0345	56.0	165.5
223	1173-383	M4F31	3742.0230	58.0	152.5
224	1173-1103	M5F31	1290.6207	59.0	120.0
225	1173-863	M6F31	2825.8621	59.5	132.5
226	1173-983	M7F31	2629.2419	56.0	134.0
227	1173-503	M8F31	1603.5862	56.0	130.0
228	1173-623	M9F31	3049.4943	56.0	152.5
229	1173-783	M10F32	2039.7241	60.5	167.5
230	1173-063	M1F32	4494.0230	60.5	205.0
231	1173-183	M2F32	3345.2874	60.0	176.5
232	1173-303	M3F32	2864.1379	60.0	174.5
233	1173-903	M6F32	1867.0575	58.0	170.0
234	1173-1023	M7F32	2179.3793	58.0	175.0
235	1173-543	M8F32	1839.5862	59.5	180.0
236	1173-663	M9F32	1733.5402	61.0	154.0
237	1173-757	M10F33	1580.1379	55.0	157.5
238	1173-037	M1F33	2985.6322	54.0	171.5
239	1173-157	M2F33	2256.9201	53.0	160.0
240	1173-277	M3F33	2203.9080	52.5	140.0
241	1173-397	M4F33	2145.7241	62.5	157.5

nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
242	1173-1117	M5F33	1812.0920	54.0	153.5
243	1173-877	M6F33	3277.1264	57.5	162.5
244	1173-997	M7F33	1131.9540	51.0	156.0
245	1173-517	M8F33	888.8966	51.5	170.0
246	1173-637	M9F33	1757.8161	51.0	160.0
247	1173-823	M10F34	2602.6207	53.5	158.5
248	1173-103	M1F34	4176.1609	54.5	197.0
249	1173-223	M2F34	2854.8276	59.5	191.5
250	1173-343	M3F34	2479.4483	59.5	205.5
251	1173-463	M4F34	2383.7241	56.0	181.5
252	1173-943	M6F34	1541.0460	55.0	175.0
253	1173-1063	M7F34	2193.6552	60.0	177.5
254	1173-583	M8F34	2872.2299	58.5	175.5
255	1173-703	M9F34	2320.7356	56.0	185.0
256	1173-785	M10F35	1702.2523	53.0	155.5
257	1173-065	M1F35	1552.5287	49.5	161.5
258	1173-185	M2F35	1487.8621	51.0	144.5
259	1173-305	M3F35	1796.9885	51.5	158.5
260	1173-425	M4F35	2943.5402	50.5	164.5
261	1173-905	M6F35	1215.0115	51.5	159.5
262	1173-1025	M7F35	1233.6092	54.5	135.0
263	1173-545	M8F35	2109.3328	51.0	144.5
264	1173-665	M9F35	1740.1379	49.0	157.5
265	1173-749	M10F36	966.2759	58.5	155.5
266	1173-029	M1F36	2486.3908	58.5	223.5
267	1173-149	M2F36	1380.6897	60.5	178.0
268	1173-269	M3F36	1599.5862	60.0	199.5
269	1173-389	M4F36	3468.5517	60.5	197.5
270	1173-1109	M5F36	1247.5862	59.5	158.5
271	1173-869	M6F36	1838.3448	56.0	148.0
272	1173-989	M7F36	841.7931	61.0	171.0
273	1173-509	M8F36	1308.0690	60.5	165.5
274	1173-629	M9F36	946.9655	58.5	187.5
275	1173-789	M10F37	1702.6207	55.0	140.0
276	1173-069	M1F37	3625.7471	60.5	165.5
277	1173-189	M2F37	2061.3333	60.0	137.5
278	1173-309	M3F37	2382.1494	61.0	172.5
279	1173-429	M4F37	4358.9425	57.5	155.5
280	1173-1149	M5F37	2467.8626	61.5	166.5
281	1173-909	M6F37	2703.5287	54.0	141.0
282	1173-1029	M7F37	1390.5517	61.0	122.0
283	1173-549	M8F37	1238.2759	61.5	141.5
284	1173-669	M9F37	2077.2414	56.0	142.5
285	1173-791	M10F38	1875.9770	55.0	145.0
286	1173-071	M1F38	3363.9310	62.0	169.5
287	1173-191	M2F38	1923.7012	58.0	140.5
288	1173-311	M3F38	1465.8161	60.5	173.0
289	1173-431	M4F38	4488.1609	60.5	158.5
290	1173-1151	M5F38	1664.9310	54.0	143.0
291	1173-911	M6F38	3154.7586	55.0	142.5
292	1173-1031	M7F38	1940.4598	59.5	141.0
293	1173-551	M8F38	998.5862	61.0	128.5
294	1173-671	M9F38	2931.8851	59.0	156.0
295	1173-793	M10F39	1693.7012	60.5	132.5
296	1173-073	M1F39	2390.7356	61.0	172.0
297	1173-193	M2F39	2069.5632	60.0	135.0
298	1173-313	M3F39	4591.6552	61.5	168.0
299	1173-433	M4F39	4702.1839	59.5	157.0
300	1173-913	M6F39	3733.7012	55.0	137.5

nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
301	1173-1033	M7F39	1078.4598	59.0	124.5
302	1173-553	M8F39	1164.1379	61.0	122.5
303	1173-673	M9F39	1921.2874	60.0	146.5
304	1173-733	M10F4	1491.4023	54.5	157.5
305	1173-013	M1F4	2499.9310	59.0	145.0
306	1173-133	M2F4	4210.0230	60.5	157.5
307	1173-253	M3F4	3620.8276	60.0	190.0
308	1173-373	M4F4	5018.8276	58.5	170.0
309	1173-1093	M5F4	1445.0345	53.5	146.5
310	1173-853	M6F4	2421.1494	53.0	157.5
311	1173-973	M7F4	2872.0230	60.5	162.5
312	1173-493	M8F4	1206.8276	58.0	179.0
313	1173-613	M9F4	3155.1034	58.5	165.0
314	1173-795	M10F40	3035.2874	55.0	144.5
315	1173-075	M1F40	3496.7816	57.0	167.5
316	1173-195	M2F40	2604.6437	57.0	150.0
317	1173-315	M3F40	3041.3793	58.5	160.0
318	1173-435	M4F40	4797.7012	56.5	150.0
319	1173-1155	M5F40	2907.4028	54.0	117.5
320	1173-915	M6F40	2760.2759	55.0	142.5
321	1173-1035	M7F40	1122.7816	56.5	121.5
322	1173-555	M8F40	2223.5862	59.5	134.0
323	1173-675	M9F40	3257.7701	55.0	143.0
324	1173-797	M10F41	1290.0690	55.0	135.0
325	1173-077	M1F41	2996.6437	61.0	158.0
326	1173-197	M2F41	1449.2868	60.5	132.0
327	1173-317	M3F41	3736.1379	60.0	169.0
328	1173-437	M4F41	4835.4023	61.5	146.5
329	1173-1157	M5F41	883.2184	54.0	124.0
330	1173-917	M6F41	3633.6092	57.0	130.5
331	1173-1037	M7F41	1206.0235	59.5	134.0
332	1173-557	M8F41	814.0690	60.5	120.0
333	1173-677	M9F41	2830.9885	57.0	147.0
334	1173-799	M10F42	4799.6782	54.0	141.5
335	1173-079	M1F42	4752.9885	61.0	163.0
336	1173-199	M2F42	4803.3103	60.5	125.0
337	1173-319	M3F42	5272.8506	59.0	158.5
338	1173-439	M4F42	4944.4828	59.5	155.0
339	1173-1159	M5F42	2105.1035	53.0	127.0
340	1173-919	M6F42	3022.8966	56.5	132.0
341	1173-1039	M7F42	4741.2644	59.5	136.5
342	1173-559	M8F42	3829.5862	59.5	129.5
343	1173-679	M9F42	4046.4828	57.5	140.0
344	1173-801	M10F43	1260.8966	60.5	125.0
345	1173-081	M1F43	1999.2414	60.5	133.5
346	1173-201	M2F43	1893.6207	58.5	130.5
347	1173-321	M3F43	2383.1035	57.5	156.0
348	1173-441	M4F43	4535.2414	55.0	156.0
349	1173-1161	M5F43	1584.8966	55.0	132.5
350	1173-921	M6F43	2040.0000	58.0	137.0
351	1173-1041	M7F43	1016.5287	58.5	132.5
352	1173-561	M8F43	965.4598	57.5	136.0
353	1173-681	M9F43	2459.3333	60.0	144.0
354	1173-803	M10F44	1712.9425	57.5	141.0
355	1173-083	M1F44	1680.9885	59.5	144.5
356	1173-203	M2F44	1750.2529	61.0	121.0
357	1173-323	M3F44	2364.2759	59.5	156.0
358	1173-443	M4F44	5381.0805	58.5	142.5
359	1173-1163	M5F44	1346.8276	58.5	132.0

nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
360	1173-923	M6F44	1732.2759	60.0	142.5
361	1173-1043	M7F44	1373.2644	60.0	123.0
362	1173-563	M8F44	1212.0230	61.5	139.5
363	1173-683	M9F44	1791.2644	59.0	137.5
364	1173-777	M10F45	1505.5632	55.0	162.5
365	1173-057	M1F45	4146.8041	60.0	152.0
366	1173-177	M2F45	2045.3103	59.5	114.0
367	1173-297	M3F45	2911.2184	59.0	148.5
368	1173-417	M4F45	5386.3448	60.0	139.0
369	1173-1137	M5F45	2544.5977	55.0	136.0
370	1173-897	M6F45	3104.0000	56.5	155.0
371	1173-1017	M7F45	1224.9195	59.0	138.0
372	1173-537	M8F45	1384.4828	58.5	130.5
373	1173-657	M9F45	3487.7701	57.0	140.0
374	1173-779	M10F46	1687.0115	53.0	141.5
375	1173-059	M1F46	3064.6667	55.0	182.0
376	1173-179	M2F46	1301.7012	55.0	139.5
377	1173-299	M3F46	3672.6207	55.0	161.5
378	1173-419	M4F46	4908.1839	53.0	150.5
379	1173-1139	M5F46	2280.5063	51.5	151.0
380	1173-899	M6F46	2616.2069	51.0	150.0
381	1173-1019	M7F46	1834.7126	56.5	132.5
382	1173-539	M8F46	1151.9310	54.0	137.0
383	1173-659	M9F46	2327.3793	55.0	153.0
384	1173-805	M10F47	2737.7931	61.5	162.0
385	1173-085	M1F47	1717.0460	62.0	158.0
386	1173-205	M2F47	1742.5057	61.0	125.5
387	1173-325	M3F47	4259.2874	60.5	177.5
388	1173-445	M4F47	3164.2299	61.0	143.0
389	1173-1165	M5F47	2609.6092	57.5	142.5
390	1173-925	M6F47	2807.3563	60.0	153.5
391	1173-1045	M7F47	3148.4828	62.0	167.0
392	1173-565	M8F47	3184.4598	60.5	145.5
393	1173-685	M9F47	2978.2529	59.5	166.0
394	1173-807	M10F48	1618.1379	52.5	167.0
395	1173-087	M1F48	1323.4138	60.0	207.0
396	1173-207	M2F48	3852.5517	61.5	178.0
397	1173-327	M3F48	3226.2759	60.0	198.0
398	1173-447	M4F48	3802.5517	60.0	187.5
399	1173-1167	M5F48	1902.9655	55.0	182.5
400	1173-927	M6F48	3118.9885	58.0	173.0
401	1173-1047	M7F48	2074.8046	61.0	179.0
402	1173-567	M8F48	1042.9195	60.0	164.5
403	1173-687	M9F48	2786.8966	56.5	193.0
404	1173-809	M10F49	1813.6322	52.5	157.0
405	1173-089	M1F49	2348.0690	51.0	155.5
406	1173-209	M2F49	2329.0805	51.5	129.5
407	1173-329	M3F49	3788.5058	54.0	165.0
408	1173-449	M4F49	4023.8391	51.5	154.0
409	1173-1169	M5F49	1811.5862	50.0	145.0
410	1173-929	M6F49	3220.3218	50.0	153.0
411	1173-1049	M7F49	2646.1264	54.0	147.5
412	1173-569	M8F49	1400.6437	54.0	156.0
413	1173-689	M9F49	2465.9080	52.0	160.5
414	1173-729	M10F5	2544.3678	61.0	141.0
415	1173-129	M2F5	1970.7586	60.0	167.0
416	1173-249	M3F5	2879.3563	60.0	207.5
417	1173-369	M4F5	4307.7241	57.0	185.0
418	1173-1089	M5F5	1176.4138	55.5	150.0

nr.	Código no experimento	Nome usado na análise	PRO	FLO	ALT
419	1173-849	M6F5	2861.1954	56.0	169.0
420	1173-969	M7F5	1067.5977	57.0	160.0
421	1173-811	M10F50	2237.0115	55.0	147.5
422	1173-091	M1F50	2362.8966	52.5	162.5
423	1173-211	M2F50	1735.5172	55.0	134.0
424	1173-331	M3F50	3434.0230	54.0	165.0
425	1173-451	M4F50	3921.6092	54.0	158.0
426	1173-931	M6F50	3486.0230	54.0	155.0
427	1173-1051	M7F50	1760.7816	55.0	127.0
428	1173-571	M8F50	1249.7931	55.0	150.5
429	1173-691	M9F50	3795.7241	54.0	155.0
430	1173-813	M10F51	1279.6776	55.0	139.9
431	1173-093	M1F51	3521.8161	60.0	171.0
432	1173-213	M2F51	2604.3218	60.5	132.0
433	1173-333	M3F51	2234.9420	57.5	164.9
434	1173-453	M4F51	4800.6667	58.5	153.5
435	1173-1173	M5F51	3308.9655	65.0	152.5
436	1173-933	M6F51	3848.6207	55.0	153.5
437	1173-1053	M7F51	2277.1264	60.0	148.5
438	1173-573	M8F51	1669.9310	58.5	127.5
439	1173-693	M9F51	3065.9080	58.5	154.5
440	1173-815	M10F52	2323.4483	59.0	152.5
441	1173-095	M1F52	3405.4713	60.0	167.0
442	1173-215	M2F52	2817.1034	60.5	132.5
443	1173-335	M3F52	2610.3448	59.5	180.0
444	1173-455	M4F52	4706.8966	59.0	158.0
445	1173-1175	M5F52	2050.2069	55.0	153.5
446	1173-935	M6F52	3770.8046	57.5	145.5
447	1173-1055	M7F52	1718.8276	60.0	132.0
448	1173-575	M8F52	996.8391	59.5	145.5
449	1173-695	M9F52	2836.8276	59.0	130.0
450	1173-767	M10F53	1560.5287	55.0	139.0
451	1173-047	M1F53	4366.1614	59.5	175.0
452	1173-167	M2F53	2210.2069	60.5	134.0
453	1173-287	M3F53	3694.3448	59.5	167.5
454	1173-407	M4F53	5278.7126	60.5	155.0
455	1173-887	M6F53	3826.7816	57.0	142.5
456	1173-1007	M7F53	2114.7586	62.0	155.5
457	1173-527	M8F53	1277.6552	59.5	147.5
458	1173-647	M9F53	2835.8621	60.5	161.5
459	1173-817	M10F54	2896.8736	57.0	136.0
460	1173-097	M1F54	3055.1724	61.0	166.5
461	1173-217	M2F54	2601.2874	61.5	132.5
462	1173-337	M3F54	3509.5172	59.0	155.5
463	1173-457	M4F54	6259.0000	60.0	135.0
464	1173-937	M6F54	4372.7356	56.5	134.5
465	1173-577	M8F54	974.2874	60.0	141.5
466	1173-697	M9F54	3297.8851	57.0	151.5
467	1173-005	M1F6	2908.0920	59.0	144.5
468	1173-125	M2F6	3934.5057	63.0	164.0
469	1173-245	M3F6	2505.2414	62.5	185.0
470	1173-365	M4F6	5451.6322	61.0	181.0
471	1173-845	M6F6	3077.0575	62.5	166.0
472	1173-965	M7F6	885.9310	58.0	165.5
473	1173-485	M8F6	3013.6552	57.0	157.5
474	1173-605	M9F6	2399.4713	59.0	147.5
475	1173-127	M2F7	3228.6897	63.0	171.5
476	1173-247	M3F7	3169.0345	60.5	188.0
477	1173-367	M4F7	4364.6897	56.0	175.0



<b>nr.</b>	<b>Código no experimento</b>	<b>Nome usado na análise</b>	<b>PRO</b>	<b>FLO</b>	<b>ALT</b>
478	1173-1087	M5F7	1602.8046	55.0	180.0
479	1173-847	M6F7	3057.6552	62.0	161.5
480	1173-967	M7F7	1808.6897	57.0	167.5
481	1173-487	M8F7	2727.8621	62.0	152.5
482	1173-607	M9F7	1764.8966	62.0	152.5
483	1173-731	M10F8	1206.0690	54.0	152.5
484	1173-011	M1F8	3288.9655	62.5	160.0
485	1173-131	M2F8	1609.1494	59.5	185.0
486	1173-251	M3F8	2086.8506	57.0	196.0
487	1173-371	M4F8	3051.7012	56.0	185.0
488	1173-1091	M5F8	500.7586	55.0	170.0
489	1173-851	M6F8	2475.4943	60.5	159.5
490	1173-971	M7F8	1743.9545	58.5	157.5
491	1173-491	M8F8	754.4368	57.0	172.0
492	1173-611	M9F8	2098.1839	63.5	145.0
493	1173-769	M10F9	1132.2069	58.5	122.5
494	1173-049	M1F9	1730.7356	66.0	161.5
495	1173-169	M2F9	1452.4828	66.5	105.0
496	1173-289	M3F9	1841.7471	66.5	161.5
497	1173-409	M4F9	3626.4138	66.0	148.5
498	1173-1129	M5F9	928.9655	59.5	125.0
499	1173-889	M6F9	2230.2299	62.0	138.5
500	1173-1009	M7F9	897.9310	64.5	129.0
501	1173-529	M8F9	1030.3908	62.0	117.5
502	1173-649	M9F9	3267.7241	62.0	144.0

Variáveis: produtividade (PRO) em kg.ha<sup>-1</sup>, dias de florescimento (FLO) e altura de plantas (ALT) em centímetros.