

GABRIELA NUNES DA PIEDADE

**SELEÇÃO GENOTÍPICA E PARÂMETROS GENÉTICOS DA MAMONA
INFLUENCIADOS POR MODELOS FIXOS, ALEATÓRIOS E MISTOS**

Botucatu

2019

GABRIELA NUNES DA PIEDADE

**SELEÇÃO GENOTÍPICA E PARÂMETROS GENÉTICOS DA MAMONA
INFLUENCIADOS POR MODELOS FIXOS, ALEATÓRIOS E MISTOS**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agronômicas da Unesp Câmpus de Botucatu, para obtenção do título de Mestre em Agronomia (Agricultura).

Orientadora: Maria Márcia Pereira Sartori

Botucatu

2019

P613s Piedade, Gabriela Nunes da
Seleção genotípica e parâmetros genéticos da mamona influenciados por modelos fixos, aleatórios e mistos / Gabriela Nunes da Piedade. -- Botucatu, 2019
55 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu
Orientadora: Maria Márcia Pereira Sartori

1. Ricinus communis L.. 2. Análise. 3. Efeito. 4. Herdabilidade. 5. Produtividade. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrônomicas, Botucatu. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.


CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

Título: **“SELEÇÃO GENOTÍPICA E PARÂMETROS GENÉTICOS DA MAMONA INFLUENCIADOS POR MODELOS FIXOS, ALEATÓRIOS E MISTOS”**

AUTORA: GABRIELA NUNES DA PIEDADE

ORIENTADORA: MARIA MÁRCIA PEREIRA SARTORI

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA (AGRICULTURA), pela Comissão Examinadora:


Pesquisadora Dr.^a MARIA MÁRCIA PEREIRA SARTORI
Produção e Melhoramento Vegetal / Faculdade de Ciências Agronômicas - UNESP


Profa. Dra. JULIANA PARISOTTO POLETINE
Ciências Agronômicas - DCA / Universidade Estadual de Maringá - UEM


Pós-Doutoranda MARCELA APARECIDA DE MORAES
Produção e Melhoramento Vegetal / FCA/Unesp Botucatu

Botucatu, 22 de julho de 2019.

*Aos meus avós,
Raimundo (in memoriam) e Maria (in memoriam),
Alcebiades e Francisca.*

Aos meus pais, Raimundo e Socorro,

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo dom da vida, pelos cuidados diários em cada detalhe e por todas as bênçãos concedidas. A Ele toda honra!

Aos meus pais, por todo amor e dedicação, por todos os esforços e abdições feitas por eles para que meu irmão Caio e eu, conseguíssemos realizar todos os nossos sonhos. Seus exemplos me motivam a atingir esforços máximos para ser uma pessoa melhor a cada dia. Serão para sempre a minha maior inspiração!

À minha querida família (Nunes e Piedade), pelo apoio e incentivo imensurável em cada fase da minha vida. Sou grata pela benção em poder receber o carinho de cada um.

A Jhonilson Almeida e sua família, por sempre se fazerem presentes e atenciosos. Ter pessoas tão especiais ao meu redor é de fato, presente de Deus.

À Prof. Dr. Maria Márcia Pereira Sartori, por todo o conhecimento, incentivo e confiança. Me sinto imensamente honrada em ter sido sua orientada e ter tido a chance de conviver com a excelente profissional e ser humano que você é! Será sempre o meu exemplo, sobretudo como mulher e pesquisadora!

Ao Prof. Dr. Maurício Dutra Zanotto, pelos ensinamentos, disponibilidade e prestatividade.

Às companheiras de república pela relação não só de amizade, mas de irmandade (em pensar que tivemos que sair do MA para que isso fosse acontecer em SP). Estar tão longe da família e amigos e cada vez mais suscetíveis a sentimentos tristes, foi superado pelo excelente e divertido convívio diário com vocês - minha pequena grande família em Botucatu: Gyslane e Ivanayra.

Aos integrantes do grupo de pesquisa MODELSTAT: Deoclecio, Amanda, Rute, Jackson, Lucas, Michelane, Keyse, Brunna e Otávio, que entre aulas, congressos e experimentos, dividiram a sua amizade e momentos incomparáveis.

Aos amigos Luan, Jéssica, Jania e Dayane por todo carinho e companheirismo.

Aos meus amigos que muito antes de tudo isso acontecer estavam e estão sempre torcendo por mim, pelas minhas conquistas. A maioria divide, em essência, os mesmos sonhos, pois compartilham das mesmas origens e realidade. Por isso, o reconhecimento do quão importante representa cada passo como este. Eu amo ser amiga de vocês e torço igualmente pela vitória de cada um!

Aos meus conterrâneos que sempre me receberam com entusiasmo, incentivo e positividade no aconchego da nossa querida Nina Rodrigues (Vila da Manga – Terra da Balaiada).

À minha família do coração (Vale Rodrigues) pelo apoio.

A todos os mestres que fizeram parte da minha vida acadêmica, em especial à Prof. Iracema Diamantina e ao Prof. Dr. Jefferson Siqueira, ao qual devo eterna gratidão pelas oportunidades, conselhos e ensinamentos que me inspiram desde a graduação.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” pela oportunidade de realização deste curso de Mestrado e contribuição na minha formação profissional, bem como aos docentes e demais funcionários desta instituição.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e à Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (2018/14148-3), pela concessão de bolsa de estudo.

A todos que contribuíram para realização deste estudo.

“Não acho que eu já tenha alcançado o prêmio, mas uma coisa eu faço: esqueço-me do que fica para trás e avanço para o que está na frente”.

Filipenses 3:13

RESUMO

Os efeitos da interação genótipos x ambientes dificultam a recomendação de cultivares de mamona (*Ricinus communis* L.) com características agronômicas satisfatórias, devendo-se o melhorista atentar-se à correta avaliação dos dados. Objetivou-se neste estudo avaliar os diferentes modelos em experimentos de melhoramento de mamona FCA Porte Baixo e compará-los com a análise tradicional de experimentos agrícolas, no que se refere aos parâmetros genéticos obtidos e a ordenação dos genótipos avaliados. Para tanto, foram utilizados dados de experimentos desenvolvidos nos anos de 2014 e 2015 nos municípios de Botucatu, Ilha Solteira, Penápolis e São Manuel, na época de semeadura da safra, nos quais 20 linhagens S5 foram distribuídas em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições. Com os dados de produtividade média dos grãos, análises de variância conjunta (ANOVA), considerando os diferentes modelos: fixo, aleatório e misto (bloco aleatório e fixo, ambiente e linhagem fixo), foram realizadas, assim como foram obtidos os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios e os componentes quadráticos associados aos efeitos fixos. Parâmetros utilizados em programas de melhoramento genético e o ordenamento dos genótipos, também foram calculados. Observou-se que os valores da estatística F, assim como sua significância, obtidos na ANOVA, apresentaram variações de acordo com o modelo utilizado. Houve diferença entre os componentes de variância e quadráticos, assim como entre os parâmetros genéticos estimados. As metodologias de análise tradicional, modelo aleatório e modelo misto, proporcionaram o mesmo ordenamento dos genótipos, exceto para o modelo onde bloco assume efeito fixo. Deve-se evitar o modelo em que todas as fontes de variação apresentam efeito aleatório, além do modelo em que apenas a fonte de variação bloco assume efeito fixo. Em contrapartida, quando ambiente assume efeito fixo, estimativas favoráveis são obtidas.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L. Análise. Efeito. Herdabilidade. Produtividade.

ABSTRACT

The effects of genotype x environment interaction make it difficult to recommend castor bean (*Ricinus communis* L.) cultivars with satisfactory agronomic characteristics, and the breeder should pay attention to the correct evaluation of the data. The aim of this study was to evaluate the different models in FCA Porte Low castor bean breeding experiments and compare them with the traditional analysis of agricultural experiments, regarding the genetic parameters obtained and the ordering of the evaluated genotypes. For this purpose, data from experiments developed in 2014 and 2015 in the municipalities of Botucatu, Ilha Solteira, Penápolis and São Manuel at the time of sowing were used, in which 20 S5 strains were distributed in a randomized complete block design with three repetitions. With the average grain yield data, joint variance analysis (ANOVA), considering the different models: fixed, random and mixed (random and fixed block, environment and fixed lineage), were performed, as well as the variance components were obtained, associated with random effects and the quadratic components associated with fixed effects. Parameters used in breeding programs and genotyping were also calculated. It was observed that the F statistic values, as well as their significance, obtained in ANOVA, presented variations according to the model used. There was a difference between the variance and quadratic components, as well as between the estimated genetic parameters. The methodologies of traditional analysis, random model and mixed model, provided the same ordering of genotypes, except for the model where the block assumes fixed effect. Avoid the model in which all sources of variation have a random effect, in addition to the model in which only the source of variation block assumes a fixed effect. In contrast, when environment assumes a fixed effect, favorable estimates are obtained.

Keywords: *Ricinus communis* L. Analysis. Effect. Heritability. Productivity.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Caracterização climática das áreas experimentais	28
Tabela 2 -	Análise de variância conjunta envolvendo quatro ambientes (A), 20 genótipos (G) e três blocos/repetições (r), para a característica produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de mamona	31
Tabela 3 -	Esperanças dos quadrados médios (E(QM)) e estatística F para as fontes de variação de uma análise de variância conjunta, envolvendo quatro ambientes (A), 20 genótipos (G) de mamona e três blocos/repetições (r)	32
Tabela 4 -	Análise de variância para 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes, com relação a característica produtividade de grãos (kg ha^{-1})	37
Tabela 5 -	Análise de variância conjunta entre 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes, para a característica produtividade de grãos (kg ha^{-1}), em relação aos diferentes modelos: a (fixo), b (aleatório), c (bloco fixo), d (bloco aleatório), e (ambiente fixo) e f (genótipo fixo)	39
Tabela 6 -	Estimativas de componentes de variância e quadráticos e parâmetros genéticos de 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes, para a característica produtividade de grãos (kg ha^{-1}), em relação aos diferentes modelos: a (fixo), b (aleatório), c (bloco fixo), d (bloco aleatório), e (ambiente fixo) e f (genótipo fixo)	43
Tabela 7 -	Ordenamento de 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes, para a característica produtividade de grãos (kg ha^{-1}), em relação aos diferentes modelos: a (fixo), b	47

(aleatório), c (bloco fixo), d (bloco aleatório), e (ambiente fixo) e
f (genótipo fixo)

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	19
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	21
2.1	Características gerais da mamona.....	21
2.2	Interação genótipos x ambientes.....	22
2.3	Modelos fixos, aleatórios e mistos.....	24
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	28
3.1	Localização e caracterização das áreas experimentais.....	28
3.2	Delineamento experimental e material vegetal utilizado.....	29
3.3	Instalação e condução dos experimentos.....	29
3.4	Característica avaliada.....	30
3.5	Análises estatísticas.....	30
3.6	Parâmetros genéticos.....	35
3.7	Seleção.....	36
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	37
4.1	Análises de variância individuais.....	37
4.2	Análises de variância conjunta.....	38
4.3	Componentes de variância ou quadráticos.....	42
4.4	Parâmetros genéticos.....	44
4.5	Seleção.....	46
5	CONCLUSÕES.....	48
	REFERÊNCIAS.....	49

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da cultura da mamona (*Ricinus communis* L.) tem sido fundamental para o cultivo comercial da espécie no país, em razão da disponibilidade de cultivares com alto potencial produtivo e ampla adaptação. O aumento na produtividade, no teor de óleo na semente, diminuição do porte da planta e indeiscência do fruto, são os principais avanços obtidos, facilitando e reduzindo o número de colheitas mecânicas ou manuais e evitando desperdícios no campo (MILANI et al., 2009).

Entretanto, apesar do expressivo êxito dos programas de melhoramento de mamona quanto à recomendação de novas cultivares, a superação dos níveis atuais de produtividade não é tarefa fácil para os melhoristas, principalmente por se tratar de um caráter de herança quantitativa (PIMENTEL et al., 2014). Além disso, um dos maiores problemas enfrentados é que, quando as cultivares são comparadas em vários ambientes, a classificação relativa entre elas difere, causando dificuldades na identificação de cultivares significativamente superiores (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Dessa forma, há possibilidades do melhor genótipo de mamona em um ambiente não o ser em outro, tornando a avaliação dessa interação de grande importância no melhoramento, uma vez que influencia o ganho de seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade. A responsabilidade do melhorista, entre outros fatores, é quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e, ou, seu aproveitamento (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A busca de metodologias mais eficientes de seleção mostra-se como alternativa, sobretudo quanto à produção de grãos, para a qual a variabilidade genética ainda está longe de ser exaurida (CARGNIN; SOUZA; FRONZA, 2008). Além de constituir a principal meta dos programas de melhoramento, necessitando para isso extensivas e demoradas avaliações de progênies em condições de campo.

Visando à maximização da eficiência da seleção em programas de melhoramento e da predição de valores genéticos, estimacões precisas dos componentes de variância tornam-se importantes. Neste contexto, métodos diferenciados de estimacão e predição são necessários, em função das diferentes

situações experimentais e do balanceamento associados aos dados (RESENDE et al., 1993-1996).

O uso de procedimentos genético-estatísticos mais refinados, como os modelos mistos, mostra-se como tendência no melhoramento genético de plantas, os quais fornecem parâmetros adicionais relevantes para a identificação de genótipos superiores (MAIA et al., 2011; RAMALHO; ARAÚJO, 2011). Essa metodologia ainda é pouco usada na rotina dos programas de melhoramento da mamona, sendo igualmente incomum a estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos a partir desta (OAKLEY et al., 2006).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar os diferentes modelos em experimentos de melhoramento de mamona FCA Porte Baixo e compará-los com a análise tradicional de experimentos agrícolas, no que se refere aos parâmetros genéticos obtidos e a ordenação dos genótipos avaliados.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Características gerais da mamona

A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma oleaginosa da família Euphorbiaceae, de clima tropical com ampla adaptação e distribuição ao redor do mundo. Isto faz com que haja controvérsias na determinação, com precisão, de sua origem (RIOS, 2012). Entretanto, devido apresentar alta diversidade na Etiópia, é provável que esta cultura seja proveniente deste local (WEISS, 2000).

Não existem informações precisas sobre a época de introdução da cultura no Brasil, mas alguns autores acreditam que ela tenha sido trazida por ocasião da vinda dos escravos africanos, na época da colonização portuguesa, com a finalidade de utilizar seu óleo para a iluminação e a lubrificação de eixos de carroças (AZEVEDO; BELTRÃO, 2007). No território brasileiro, a mamona ocorre espontaneamente em muitas áreas, apresentando porte variado, mas, sob cultivo, apresenta hábito de crescimento arbustivo (RODRIGUES et al., 2002).

Por possuir forte e penetrante sistema radicular, do tipo pivotante com raízes fistulosas, que se estende lateral e profundamente, oferece à planta a característica de tolerância à seca. A ramificação caulinar do tipo simpodial é cilíndrica, grossa, podendo alcançar até 30 centímetros de diâmetro na base, além de apresentar cera no caule, dependendo da cultivar (RODRIGUES et al., 2002). As folhas são simples, alternadas e glabras. A inflorescência, denominada racemo, é composta de uma ráquis, eixo em torno do qual crescem as flores femininas, na parte superior e masculinas, na inferior (BELTRÃO et al., 2001).

A relação de flores femininas/masculinas geralmente é de 50% a 70%: 50% a 30%. Entretanto, essa relação varia grandemente, dependendo do genótipo e também do ambiente de cultivo (SAVY FILHO, 2005). A maior porcentagem de flores femininas no racemo monoico da mamoneira é um fator importante do ponto de vista agrônomo, podendo ter relação com o aumento em produtividade de grãos da planta.

Os frutos, em geral, possuem estruturas semelhantes a espinhos, e em alguns casos, são inermes; uma cápsula globosa com cerca de 2,5 cm de diâmetro (SAVY FILHO, 2005). Podem ser deiscentes, indeiscentes ou semideiscentes (SOUSA et al., 2004).

A semente pode ser carunculada, ovalada, de tamanho grande, médio ou pequeno, apresentando teor de óleo, seu principal produto, com variação de 35 a 55% (BELTRÃO et al., 2006). O óleo extraído das sementes de mamona é um dos mais nobres, pela presença de 90% de ácido graxo ricinoleico. Este ácido possui uma estrutura química diferenciada – duas duplas ligações, um grupo hidroxila e ligação éster - que confere ao óleo a propriedade de solubilidade em álcool, além da rara possibilidade de suportar variadas condições de pressão e temperatura sem perder a densidade e a viscosidade (SAVY FILHO et al. 2005).

A versatilidade deste óleo permite a fabricação dos mais variados produtos: cosméticos, plásticos, defensivos agrícolas, lubrificantes, tintas, vernizes, graxas, próteses para uso na medicina, além de produtos farmacêuticos. Como subproduto, o farelo é utilizado na adubação orgânica, uma vez que possui grande quantidade de nitrogênio, atingindo até 50% em teor de proteínas (FREIRE, 2001).

Na década de 1970, o Brasil era o maior produtor mundial de mamona, atingindo 600 mil hectares de área plantada. A partir de 1978, a produção nacional da mamona sofreu um forte declínio e a estimativa para safra 2018/19 é que sejam cultivados apenas 47,9 mil hectares, com produtividade média de 0,638 Mg ha⁻¹. A produção nacional está concentrada no Nordeste (60,6%), onde o Estado da Bahia destaca-se com a maior produção, equivalente a 27,6 mil toneladas (CONAB, 2019).

A baixa produtividade da cultura nos últimos anos tem sido atribuída ao uso de sementes de baixa qualidade, além da escassez de tecnologias de produção, tornando imprescindível o avanço do nível tecnológico empregado no cultivo da espécie, por meio de técnicas mais eficientes de manejo e adoção de variedades melhoradas. Assim, a demanda da cultura da mamona concentra-se no desenvolvimento de novas cultivares por programas de melhoramento, visando principalmente o aumento da produtividade e do teor de óleo presente nas sementes (LUZ, 2012).

2.2 Interação genótipos x ambientes

Para solucionar problemas de baixa produtividade são necessários estudos que envolvam, entre outros fatores, as limitações em relação ao desempenho agrônomo da cultura às condições edafoclimáticas. O desempenho agrônomo é frequentemente avaliado em diferentes ambientes, podendo estes ser, ano, local ou

época de semeadura. Contudo, a decisão de lançamento de novas cultivares normalmente é dificultada pela ocorrência da interação significativa entre genótipos e ambientes (GxE) (CARVALHO et al., 2002).

Além disso, muitos dos caracteres que são importantes economicamente nas diversas culturas são de natureza quantitativa como, por exemplo, a produtividade. A expressão dos caracteres quantitativos não está completamente sobre o controle genético, visto que todos os caminhos metabólicos e de desenvolvimento são influenciados, de alguma forma, por fatores ambientais (LYNCH; WALSH, 1997). Por esta razão, os genótipos são submetidos à avaliações experimentais em diversos ambientes, para medir seu desempenho relativo (BERNARDO, 2010).

Desta forma, genótipos e ambientes interagem para produzir uma variedade de fenótipos. Vista por outro lado, a interação resulta da resposta diferencial dos genótipos à variação das condições ambientais (CHAVES, 2001).

Como ilustração, pode-se verificar o que ocorre quando diferentes cultivares que diferem geneticamente para o caráter produtividade de grãos são avaliadas em ambientes contrastantes. Neste caso, as três situações mais frequentes que podem ocorrer segundo Arias (1996) são: i) as cultivares apresentam comportamentos concordantes nos dois ambientes, neste caso, não existe interação significativa e a recomendação da cultivar superior para os dois ambientes é a mesma; ii) o comportamento das cultivares não é semelhante nos dois ambientes e uma delas responde mais acentuadamente à melhoria do ambiente do que a outra, neste caso, ocorre interação, todavia a classificação das cultivares não é alterada nos diferentes ambientes e, por esta razão, a cultivar superior também pode ser recomendada para os dois ambientes. Este tipo de interação é denominado de interação simples e; iii) o comportamento das cultivares é inverso nos dois ambientes, neste caso, existe uma complicação para o trabalho do melhorista, a interação é denominada de complexa e a recomendação de uma cultivar é restrita a um ambiente específico. Somente quando ocorre interação complexa haverá dificuldades nos programas de melhoramento (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Deste modo, é fácil compreender que quando este tipo de interação se encontra presente, indica a existência de cultivares especificamente adaptadas à ambientes particulares, bem como de outras com adaptação mais ampla, porém, nem sempre

com alto potencial produtivo. Isto impede que a recomendação de cultivares possa ser feita de forma generalizada (ARIAS, 1996).

Dada a sua importância, o melhorista deve avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos sobre as técnicas de melhoramento e estratégias de difusão de tecnologia e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e/ou aproveitamento (CRUZ; REGAZZI, 1997).

No entanto, como as diferenças entre os melhores genótipos têm sido cada vez mais difíceis de serem detectadas fenotipicamente, algumas metodologias de análise estatística vêm sendo utilizadas como ferramentas a fim de minimizar a interferência de fatores ambientais nos resultados da seleção (CANDIDO, 2009).

Usualmente a interação GxE é detectada por meio do Teste F, sendo que o valor de F para a interação é calculado dividindo-se o quadrado médio da interação pelo quadrado médio residual, independentemente se os efeitos principais forem considerados de natureza fixa ou aleatória. Obviamente, se o Teste F for significativo, pode-se inferir que há ocorrência de interação GxE (SQUILASSI, 2003).

Quando verificada a existência da interação significativa entre genótipos e ambientes, utilizam-se técnicas para identificar genótipos adaptados e estáveis à ambientes específicos. Destacando-se que, quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes, maior será a importância da interação GxE (BORÉM, 2005).

O uso de procedimentos genético-estatísticos mais refinados, como os modelos mistos, mostra-se como tendência no melhoramento genético de plantas, os quais fornecem parâmetros adicionais relevantes para a identificação de genótipos superiores (MAIA et al., 2011; RAMALHO; ARAÚJO, 2011).

2.3 Modelos fixo, aleatório e mistos

Como as diferenças entre os melhores genótipos têm sido cada vez mais difíceis de serem detectadas fenotipicamente, algumas metodologias de análise estatística vêm sendo utilizadas como ferramentas a fim de minimizar a interferência de fatores ambientais nos resultados da seleção. Resende (2005) recomenda o uso dos modelos mistos.

Um modelo linear que apresenta somente fatores de efeitos fixos, além do erro experimental, que é sempre aleatório, é denominado modelo fixo. Os modelos que

apresentam apenas fatores de efeitos aleatórios, exceto a constante μ , que é sempre fixa, é denominado modelo aleatório.

Se um determinado fator é considerado de efeito fixo, naturalmente, o interesse do pesquisador será estimar e testar hipóteses sobre combinações lineares dos níveis do mesmo. Por outro lado, caso o efeito desse fator seja considerado aleatório, o interesse residirá na estimação de componentes de variâncias e covariâncias associadas a esse fator, uma vez que seus níveis são considerados como sendo uma amostra aleatória de certa população, a qual se deseja avaliar. Desta forma, um modelo misto é aquele que apresenta tanto fatores de efeitos fixos como aleatórios, além do erro experimental e da constante μ (CAMARINHA FILHO, 2002).

A eficiência do uso de modelos mistos no melhoramento de plantas anuais tem sido comprovada em diferentes culturas, como arroz (BORGES et al., 2010), soja (PINHEIRO et al., 2013), milho-pipoca (FREITAS et al., 2013), feijão-caupi (BARROS et al., 2011), feijão-comum (BERTOLDO et al., 2009) e cana-de-açúcar (BARBOSA et al., 2005; OLIVEIRA et al., 2008). Além de espécies perenes, a exemplo de Bueno Filho e Vencovsky (2000), Garcia e Nogueira (2005) e Rocha et al. (2007).

O procedimento ótimo de estimação/predição no melhoramento de espécies perenes, os quais geralmente apresentam dados desbalanceados pela complexidade e durabilidade na condução dos experimentos, é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). Entretanto, para o caso de dados balanceados, a estimação de componentes de variância pelo método dos quadrados mínimos (análise de variância) equivale à estimação por REML (RESENDE et al., 1996), e a predição de valores genéticos pelo método do índice multi-efeitos (RESENDE; HIGA, 1994) equivale ao BLUP individual.

Para o método da análise de variância, Cruz e Regazzi (1997) apresentam as esperanças dos quadrados médios para blocos, genótipos, ambientes e interação GxE, as quais dependem da natureza destes efeitos. Dessa forma, as fontes de variação dos experimentos de competição entre cultivares, podem ser considerados como fator fixo ou aleatório, dependendo da interpretação do pesquisador. Mas, segundo Searle et al. (1992), em muitas situações a decisão entre admitir certos efeitos como fixos ou aleatórios não é tão óbvia quanto pode parecer.

No caso de modelos com blocos, as discussões cercam-se nas suposições acerca dos seus efeitos. Gusmão (1986) comenta que, para serem considerados

aleatórios, os blocos não devem ser alocados de forma sistemática como geralmente são. Mas, por outro lado, assumir blocos como fixos significa que a população está restrita apenas aos blocos incluídos no experimento, o que também não ocorre na maioria dos casos. De todo modo, o autor prefere admitir blocos como fixos, devido à forma de alocação dos mesmos, o que na prática por si só, já descaracteriza o processo de amostragem aleatória.

Entretanto, a grande vantagem de assumir blocos aleatórios é a possibilidade de se fazer inferências mais amplas. Contudo, quando os blocos não são uma amostra aleatória, por exemplo, blocos contíguos, inferências amplas podem ser equivocadas. Em razão disso, Piepho (1997), sugere que na dúvida, parece mais razoável reduzir o espaço de inferência e, então, adotar blocos como fixos.

Bueno Filho (1997) encontrou diferenças de ordenamento em ensaios florestais, apenas pelo fato de considerar o fator blocos, ora como fixo, ora como aleatório no processo de predição. Por sua vez, Tomé et al. (2002), avaliaram a melhor especificação para o efeito de blocos, em simulações de experimentos no delineamento em látice quadrado. Os autores concluíram que os modelos que consideraram blocos como fator fixo foi mais informativo e adequado do que os modelos que trataram efeito de blocos como aleatório.

Em estudos de genética e melhoramento, geralmente considera-se que o genótipo e ambiente são de efeito fixo em ensaios de competição e recomendação de cultivares nos quais o principal objetivo é eleger o material genético e o ambiente de melhor desempenho, confrontados estatisticamente, por teste de comparação de médias (CRUZ, 2005). Entretanto, nas etapas iniciais dos processos seletivos, comumente os novos tratamentos representam uma amostra de genótipos oriundos da mesma população (procedência, cruzamento, família), assim como os ambientes, caracterizando-os como de efeitos aleatórios (DUARTE et al., 2001).

Apesar de tal discussão, muitos autores, no entanto, entendem tal objetivo como banal, sem consequências para os processos de estimação e predição. Entretanto, considerar fatores como fixos ou aleatórios pode afetar a estimação e suas consequências pela presença das variâncias das variáveis aleatórias perturbadoras, o que acarretará em alteração nos testes de hipóteses sobre contrastes paramétricos, na magnitude de testes F, nas conclusões sobre os parâmetros e nas estimativas dos componentes de variância (SCHEFFÉ, 1959 e HOCKING, 1985).

A predição de valores genéticos e os métodos de seleção dependem, essencialmente, de estimativas de componentes de variância (RESENDE et al., 1996). Um dos métodos mais utilizados para obter o estimador da variância genotípica e de seus componentes, é por meio de esperança matemática dos quadrados médios da análise de variância.

A obtenção dos componentes de variância tem sido de grande interesse no melhoramento genético, uma vez que é possível, por meio de delineamentos experimentais, estimar a variância genotípica a partir dos dados fenotípicos observados. Conhecidas essas estimativas, o geneticista poderá gerar informações de grande utilidade para predição de ganhos, alterações na estrutura e predição da potencialidade das populações para diferentes características avaliadas (CRUZ et al., 2014).

A escolha do melhor modelo em relação aos efeitos das fontes sendo testadas ainda é tarefa difícil, sobretudo nos casos de modelos mistos. Apesar disso, as deficiências de cada método não se mantem sob todas as condições. Há casos especiais em que determinado método leva vantagem sobre os outros. Cabe ao pesquisador identificar tais situações e, com base nisto, escolher o que otimize as inferências (LITTELL; MCCUTCHAN, 1987).

As hipóteses deste trabalho consistiram em:

- i) Os modelos fixos, aleatórios e mistos influenciam os componentes de variância e quadráticos
- ii) Os modelos fixos, aleatórios e mistos influenciam a estimação dos parâmetros do melhoramento genético da mamona
- iii) Os modelos fixos, aleatórios e mistos influenciam a seleção genética das linhagens de mamona

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos pelo grupo de pesquisa do Professor Maurício Dutra Zanotto, do Departamento de Produção e Melhoramento Vegetal da Faculdade de Ciências Agrônômicas (FCA/Unesp) de Botucatu.

3.1 Localização e caracterização das áreas experimentais

Os experimentos foram desenvolvidos na safra agrícola 2014/2015, nos meses de novembro a junho, simultaneamente, em quatro municípios do estado de São Paulo: Botucatu, Ilha Solteira, Penápolis e São Manuel.

Tabela 1 – Caracterização climática das áreas experimentais

a) Botucatu	
Classificação climática de Köppen	cfa
Coordenadas geográficas	22°53'25" S e 48°27'19" W
Altitude	920 m
Temperatura média	20,3°C
Precipitação pluviométrica média	1428,4 mm
b) São Manuel	
Classificação climática de Köppen	cfa
Coordenadas geográficas	22°44'28" S e 48°34'37" W
Altitude	740 m
Temperatura média	21°C
Precipitação pluviométrica média	1376,7 mm
c) Ilha Solteira	
Classificação climática de Köppen	Aw
Coordenadas geográficas	20°25'28" S e 51°21'15" W
Altitude	354 m
Temperatura média	24,5°C
Precipitação pluviométrica média	1232 mm

continua...

d) Penápolis

Classificação climática de Köppen	Aw
Coordenadas geográficas	21°15'00" S e 50°02'00" W
Altitude	415 m
Temperatura média	23,5°C
Precipitação pluviométrica média	1312 mm

3.2 Delineamento experimental e material vegetal utilizado

O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com três repetições para todos os experimentos, no esquema fatorial 20 x 4, compreendendo a 20 linhagens (genótipos) e 4 ambientes.

Vale destacar que as linhagens foram obtidas da População FCA Porte Baixo de Mamona (*Ricinus communis* L.) desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Mamona do Departamento de Produção Vegetal, da Faculdade de Ciências Agrônomicas FCA/Unesp, Botucatu, o qual foi iniciado no ano de 1999, tendo como objetivo desenvolver cultivares e híbridos para o Estado de São Paulo.

3.3 Instalação e condução dos experimentos

Antes da instalação dos experimentos, foram retiradas amostras de solo na profundidade de 0,0 a 0,2 m, para prosseguir com a adubação de fundação. O preparo do solo foi realizado de modo tradicional com duas arações e duas gradagens.

Na semeadura foram colocadas três sementes manualmente a cada 1,0 m de sulco, com profundidades de 4 a 8 centímetros, e após a emergência procedeu-se o desbaste deixando-se uma planta por metro.

A parcela experimental constitui-se de linhas de 10 m de comprimento, com espaçamento entre linhas e entre plantas de 1,0 m, compreendendo área útil de 10 m².

Os tratos culturais foram realizados de acordo com as indicações técnicas para o cultivo da mamona em São Paulo, seguindo as recomendações de Savy Filho et al., (2005).

3.4 Característica avaliada

Após o completo desenvolvimento das plantas, calculou-se a produtividade média dos grãos (PG), sendo tomados dados da massa dos grãos dos frutos descascados por parcela de 10 m², com posterior estimativa em kg ha⁻¹.

3.5 Análises estatísticas

Os dados foram submetidos aos testes de normalidade e homocedasticidade. Atendido a esses pressupostos, realizou-se a análise de variância individual por experimento, afim de verificar a existência de variabilidade entre os genótipos estudados, bem como a homogeneidade dos quadrados médios residuais, condição necessária para análise de variância conjunta (Tabela 2). Adotou-se para isso o critério prático da relação entre o maior e o menor quadrado médio residual segundo Pimentel-Gomes (2009). Neste caso, se o valor da relação entre os quadrados médios não for superior a sete, a análise conjunta dos ensaios pode ser realizada sem prejuízo. No entanto, se os valores forem superiores convém considerar a análise em subgrupos de ensaios menos heterogêneos.

As análises foram realizadas com auxílio do programa SAS[®] 9.4, por meio dos procedimentos GLM e MIXED, considerando o modelo estatístico a seguir:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + ga_{ij} + (b/a)_{jk} + \varepsilon_{ijk} \quad (1)$$

Onde:

Y_{ijk} é o valor observado na parcela que recebeu a k-ésima repetição do genótipo i, no ambiente j;

μ : média geral;

g_i : efeito do i-ésimo genótipo;

a_j : efeito do j-ésimo ambiente;

ga_{ij} : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente;

b/a_{jk} : efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

ε_{ijk} : erro aleatório.

Tabela 2 - Análise de variância conjunta envolvendo quatro ambientes (A), 20 genótipos (G) e três blocos/repetições (r), para a característica produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de mamona

FV ¹	GL ²	SQ ³	QM ⁴	F
Blocos/Ambientes	a(r - 1)	SQB	QMB	*
Ambientes (A)	a - 1	SQA	QMA	*
Genótipos (G)	g - 1	SQG	QMG	*
G x A	(a - 1) (g - 1)	SQGA	QMGA	*
Resíduo	a(r - 1) (g - 1)	SQR	QMR	
Total	agr - 1	SQT		

¹Fonte de variação; ²Grau de liberdade; ³Soma de quadrados; ⁴Quadrado médio; *Varia de acordo com a natureza fixa, aleatória ou mista do modelo.

Apesar dos resultados da análise de variância serem importantes como indicadores da potencialidade da população e da precisão experimental, eles ainda são deficientes para o geneticista, por não quantificarem a magnitude da variância genética disponível. No entanto, as informações da análise de variância podem ser ampliadas se forem acrescentadas à análise, as esperanças dos quadrados médios. A partir destas, fica possível estabelecer também os testes F para cada modelo (CRUZ, 2005).

Foram considerados os modelos: fixo (análise tradicional), aleatório e misto - com efeito de bloco fixo ou aleatório, ou ambiente ou genótipo com efeito aleatório (Tabela 3).

Para verificar a influência dos diferentes modelos, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios (σ^2) e os componentes quadráticos associados aos efeitos fixos (Φ), foram quantificados por meio de um sistema no qual se igualam os quadrados médios, obtidos em análises de variâncias (Tabela 3), aos respectivos estimadores dos componentes de suas esperanças matemáticas (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO, 2012).

Tabela 3 - Esperanças dos quadrados médios (E(QM)) e estatística F para as fontes de variação de uma análise de variância conjunta, envolvendo quatro ambientes (A), 20 genótipos (G) de mamona e três blocos/repetições (r)

(a) Efeitos fixos: B, A, G e GA

FV	E(QM)	F
Blocos/Ambientes	$\sigma^2 + g\phi_b$	QMB/QMR
Ambientes (A)	$\sigma^2 + ra\phi_a$	QMA/QMR
Genótipos (G)	$\sigma^2 + rg\phi_g$	QMG/QMR
G x A	$\sigma^2 + r\phi_{ga}$	QMGA/QMR
Resíduo	σ^2	

(b) Efeitos aleatórios: B, A, G e GA

FV	E(QM)	F
Blocos/Ambientes	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	QMB/QMR
Ambientes (A)	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + g\sigma_b^2 + gr\sigma_a^2$	(QMA + QMR)/(QMB + QMGA)
Genótipos (G)	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + ar\sigma_g^2$	QMG/QMGA
G x A	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2$	QMGA/QMR
Resíduo	σ^2	

(c) Efeitos aleatórios: A, G e GA e fixo: B

FV	E(QM)	F
Blocos/Ambientes	$\sigma^2 + g\phi_b$	QMB/QMR
Ambientes (A)	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + gr\sigma_a^2$	QMA/QMGA
Genótipos (G)	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + ar\sigma_g^2$	QMG/QMGA
G x A	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2$	QMGA/QMR
Resíduo	σ^2	

(d) Efeito aleatório: B e fixos: G, A e GA

FV	E(QM)	F
Blocos/Ambientes	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	QMB/QMR
Ambientes (A)	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + gr\phi_a$	QMA/QMB
Genótipos (G)	$\sigma^2 + ar\phi_g$	QMG/QMR
G x A	$\sigma^2 + r\phi_{ga}$	QMGA/QMR
Resíduo	σ^2	

continua...

(e) Efeitos aleatórios: B, G e GA e fixo: A

FV	E(QM)	F
Blocos/Ambientes	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	QMB/QMR
Ambientes (A)	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2 + g\sigma_b^2 + gr\phi_a$	$(QMA + QMR)/(QMB + QMGA)$
Genótipos (G)	$\sigma^2 + ar\sigma_g^2$	QMG/QMR
G x A	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2$	QMGA/QMR
Resíduo	σ^2	

$$l = a/(a-1)$$

(f) Efeitos aleatórios: B, A e GA e fixo: G

FV	E(QM)	F
Blocos/Ambientes	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	QMB/QMR
Ambientes (A)	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + gr\sigma_a^2$	QMA/QMB
Genótipos (G)	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2 + ar\phi_g$	QMG/QMGA
G x A	$\sigma^2 + rl\sigma_{ga}^2$	QMGA/QMR
Resíduo	σ^2	

$$l = g/(g-1)$$

Vale destacar que a variância residual ($\sigma^2 = \text{QMR}$) possui sempre efeito aleatório. Assim, as estimativas dos demais componentes foram dadas por:

Modelo a:

$$\text{Bloco } (\phi_b) = \frac{QMB - QMR}{g} \quad (2)$$

$$\text{Ambiental } (\phi_a) = \frac{QMA - QMR}{rg} \quad (3)$$

$$\text{Genética } (\phi_g) = \frac{QMG - QMR}{ra} \quad (4)$$

$$\text{Genética x ambiental } (\phi_{ga}) = \frac{QMGA - QMR}{r} \quad (5)$$

Modelo b:

$$\text{Bloco } (\sigma_b^2) = \frac{QMB - QMR}{g} \quad (6)$$

$$\text{Ambiental } (\sigma_a^2) = \frac{QMA - QMR - r\sigma_{ga}^2 - g\sigma_b^2}{gr} \quad (7)$$

$$\text{Genética } (\sigma_g^2) = \frac{QMG - QMR - r\sigma_{ga}^2}{ar} \quad (8)$$

$$\text{Genética x ambiental } (\sigma_{ga}^2) = \frac{QMGA - QMR}{r} \quad (9)$$

Modelo c:

$$\text{Bloco } (\phi_b) = \frac{QMB - QMR}{g} \quad (10)$$

$$\text{Ambiental } (\sigma_a^2) = \frac{QMA - QMR - r\sigma_{ga}^2}{gr} \quad (11)$$

$$\text{Genética } (\sigma_g^2) = \frac{QMG - QMR - r\sigma_{ga}^2}{ar} \quad (12)$$

$$\text{Genética x ambiental } (\sigma_{ga}^2) = \frac{QMGA - QMR}{r} \quad (13)$$

Modelo d:

$$\text{Bloco } (\sigma_b^2) = \frac{QMB - QMR}{g} \quad (14)$$

$$\text{Ambiental } (\phi_a) = \frac{QMA - QMR - g\sigma_b^2}{gr} \quad (15)$$

$$\text{Genética } (\phi_g) = \frac{QMG - QMR}{ar} \quad (16)$$

$$\text{Genética x ambiental } (\phi_{ga}) = \frac{QMGA - QMR}{r} \quad (17)$$

Modelo e:

$$\text{Bloco } (\sigma_b^2) = \frac{QMB - QMR}{g} \quad (18)$$

$$\text{Ambiental } (\phi_a) = \frac{QMA - QMR - rl\sigma_{ga}^2 - g\sigma_b^2}{gr} \quad (19)$$

$$\text{Genética } (\sigma_g^2) = \frac{QMG - QMR}{ar} \quad (20)$$

$$\text{Genética x ambiental } (\sigma_{ga}^2) = \frac{QMGA - QMR}{rl} \quad (21)$$

Modelo f:

$$\text{Bloco } (\sigma_b^2) = \frac{QMB - QMR}{g} \quad (22)$$

$$\text{Ambiental } (\sigma_a^2) = \frac{QMA - QMR - g\sigma_b^2}{gr} \quad (23)$$

$$\text{Genética } (\phi_g) = \frac{QMG - QMR - rl\sigma_{ga}^2}{ar} \quad (24)$$

$$\text{Genética x ambiental } (\sigma_{ga}^2) = \frac{QMGA - QMR}{rl} \quad (25)$$

3.6 Parâmetros genéticos

Os componentes de variância são úteis, entre outras, para estimação de parâmetros genéticos e para avaliação da precisão e qualidade de experimentos (RESENDE e DUARTE, 2007). Neste sentido, foram calculados alguns parâmetros essenciais aos programas de melhoramento genético, de acordo com os modelos propostos na Tabela 3:

Herdabilidade ao nível de parcelas, segundo Borém e Miranda, (2013):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2 + \sigma^2} \quad (26)$$

Onde:

h^2 = herdabilidade em nível de parcelas

σ_g^2 = variância genética

σ_{ga}^2 = variância genética x ambiental

σ^2 = variância residual

Ganho genético esperado, segundo Cruz et al. (2012):

$$\Delta G = i \frac{\sigma_g^2}{\sqrt{\sigma_g^2 + \frac{\sigma^2}{r}}} \quad (27)$$

Onde:

ΔG = estimativa do progresso genético esperado com 20% de intensidade de seleção em kg ha⁻¹.

i = 1,4 diferencial de seleção standardizado, correspondendo a 20% de intensidade de seleção (Vencovsky, 1980).

σ_g^2 = variância genética

r = número de repetições

σ^2 = variância residual

Coeficiente de variação genético:

$$CV_g\% = \frac{100}{\hat{m}} \cdot \sqrt{\sigma_g^2} \quad (28)$$

Onde:

$CV_g\%$ = coeficiente de variação genético

\hat{m} = média de produtividade

σ_g^2 = variância genética

Coeficiente de variação ambiental:

$$CV_a\% = \frac{100}{\hat{m}} \cdot \sqrt{\sigma_a^2} \quad (29)$$

Onde:

$CV_a\%$ = coeficiente de variação ambiental

\hat{m} = média de produtividade

σ_a^2 = variância ambiental

3.7 Seleção

O ordenamento dos genótipos para os diferentes modelos, foram obtidos e comparados. Para o modelo (a) utilizou-se o teste de médias de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Já para os demais modelos, o ordenamento foi realizado utilizando a metodologia BLUP, considerando-se a variância genética.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variância individuais

Os quadrados médios das análises de variância individuais para genótipos, apresentaram diferenças significativas pelo teste F a 1% de probabilidade para todos os experimentos, indicando a existência de variabilidade genética entre o material avaliado (Tabela 4).

A variabilidade genética é a capacidade de uma espécie, população ou progênie apresentar diferentes fenótipos (BUENO et al., 2001). Desta forma, é de grande interesse a sua obtenção e identificação nas plantas, uma vez que auxilia no processo de seleção efetiva que resulte em ganhos genéticos significativos (BERNARDO, 2002).

Tabela 4 – Análise de variância para 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes, com relação a característica produtividade de grãos (kg ha⁻¹)

Fonte de variação	GL ¹	QM ²			
		Botucatu	Ilha Solteira	Penápolis	São Manuel
Genótipos	19	483460,76**	504278,24**	1497961,52**	1131872,58**
Blocos	2	69266,45	58923,21	516332,15	289530,62*
Resíduo	38	50841,87	42243,58	167891,36	80239,28
Média		1289,40	1476,66	2899,95	2011,68
Desvio padrão		225,48	205,53	409,74	283,26
CV ³ (%)		17,49	13,92	14,13	14,08

**Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; ¹Graus de liberdade; ²Quadrado médio; ³Coeficiente de variação.

Em relação aos coeficientes de variação experimental (CV), Pimentel-Gomes (2000) considera valores inferiores a 10% como baixo, ou seja, o experimento apresenta alta precisão, 10% a 20% são considerados médios, implicando em boa precisão, 20% a 30% altos, significando baixa precisão e, acima de 30% são tidos como muito altos, indicando baixíssima precisão. Neste estudo os CV variaram de 13,92% a 17,49%, os quais foram considerados moderados, indicando boa precisão dos experimentos.

Em função da ocorrência de homogeneidade entre os quadrados médios residuais obtidos, uma vez que a razão entre o maior e o menor quadrado médio foi inferior a 7 (PIMENTEL-GOMES, 2009), foram realizadas as análises de variância conjunta segundo cada modelo proposto, de maneira a verificar seus efeitos e implicações.

4.2 Análises de variância conjunta

Os valores do teste F bem como sua significância para uma mesma fonte de variação sofreram alterações (Tabela 5) de acordo com os modelos descritos na Tabela 2. Essa diferença já era esperada uma vez que as expressões para o cálculo da estatística F admitem tanto numeradores quanto denominadores divergentes, conforme cada modelo (Tabela 3).

O modelo fixo (a), compreende a análise tradicionalmente realizada na maioria dos estudos, principalmente na área do melhoramento genético de plantas (BARBIN, 1993), além de constar como única opção de análise em alguns softwares executáveis disponíveis, com ampla utilização. Neste caso, é de total conhecimento que o denominador utilizado para obter o valor de F de todas as fontes de variação estudadas é sempre o QM do resíduo. Dessa forma, foram encontradas diferenças ao nível de 5% de probabilidade para o fator blocos/ambiente, e de 1% para as demais fontes de variação analisadas (genótipo, ambiente e interação genótipos x ambientes) (Tabela 5).

Sobre o efeito significativo de bloco, alguns autores sugerem que este resultado evidencia blocos heterogêneos e que o uso do delineamento blocos ao acaso foi adequado. Ao contrário, nos casos de sua não significância, o uso do delineamento inteiramente casualizado é indicado, entretanto, o uso de blocos deve continuar sendo utilizado nessas áreas experimentais, como forma de garantir o controle dessa fonte de heterogeneidade no caso de sua existência (CARGNELUTTI FILHO; GUADAGNIN, 2011).

O efeito significativo de genótipos e ambientes indica que para ambos existe pelo menos um contraste entre médias de cada fator com efeito significativo. Assim, pelo menos um genótipo e um ambiente se mostram superior aos demais em relação à característica avaliada.

Tabela 5 - Análise de variância conjunta entre 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes, para a característica produtividade de grãos (kg ha⁻¹), em relação aos diferentes modelos: a (fixo), b (aleatório), c (bloco fixo), d (bloco aleatório), e (ambiente fixo) e f (genótipo fixo)

Fonte de variação	GL ¹	QM ²	F					
			a	b	c	d	e	f
Blocos (Ambiente)	8	233513,11	2,74*	2,74*	2,74*	2,74*	2,74*	2,74*
Genótipos (G)	19	1202705,26	14,10**	1,49	1,49	14,10**	14,10**	1,49
Ambientes (A)	3	31258146,36	366,43**	30,18**	38,83**	133,86**	30,18**	133,86**
Genótipos x Ambientes	57	804955,94	9,44**	9,44**	9,44**	9,44**	9,44**	9,44**
Resíduo	152	85304,02						
Total	239	177342644,65						
CV ³ (%)	15,65							

**Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F; *Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; ¹Graus de liberdade; ²Quadrado médio; ³Coeficiente de variação.

Já para a interação genótipos x ambientes, o efeito significativo indica que o grupo de genótipos, em média, apresenta comportamento diferente para produtividade de grãos nos diferentes ambientes avaliados (CARNEIRO, 2015).

Essa interação deve ser entendida como um fenômeno biológico em suas aplicações no melhoramento de plantas e não como um simples efeito estatístico ou fator indesejável, o qual deve ser minimizado. Ao contrário, como um fenômeno biológico natural, cumpre conhecê-la bem para melhor aproveitá-la (CHAVES, 2001), uma vez que dificulta a seleção de genótipos superiores para todos os ambientes (HAGOS; ABAY, 2013) tornando-se necessário um estudo detalhado, de modo que essa interação possa ser controlada no sentido de não interferir negativamente na recomendação dos genótipos.

Assim, procedimentos estatísticos específicos para auxiliar no processo de seleção de genótipos são requeridos (BORNHOFEN et al., 2017). Uma opção bastante explorada nos últimos anos é a análise de modelos mistos, a qual, entretanto, apresenta dúvidas, principalmente quanto as influências em relação a natureza dos efeitos de seus modelos.

Segundo Cruz (2005), na análise de variância, a hipótese testada varia de acordo com a natureza fixa ou aleatória da fonte de variação estudada. Para o modelo fixo, o valor significativo obtido pelo teste F indica a existência de pelo menos um contraste entre as médias avaliadas que apresente diferença estatística. Se o modelo for aleatório, a significância obtida pelo teste F indica a existência de variabilidade genética entre as médias testadas, indicando conseqüentemente, a viabilidade do uso de uma técnica seletiva. Assim, para o modelo misto, são testadas simultaneamente ambas as hipóteses citadas. Além disso, do ponto de vista da estatística experimental, há uma grande importância sobre os efeitos de tais modelos em relação as expressões adequadas do teste F.

Nesse sentido, ao comparar o modelo fixo (a) com os demais modelos propostos (Tabela 5), observa-se que os valores e significâncias para o teste F se mantiveram iguais para as fontes de variação bloco/ambiente (2,74; $p < 0,05$) e interação genótipos x ambientes (9,44; $p < 0,01$), não acarretando desta forma em grandes prejuízos para a análise sob o ponto de vista de comparação linear entre as médias, já que nesse caso foca-se no desdobramento da interação, independente da significância ou não dos fatores principais.

Entretanto, o mesmo não aconteceu para as fontes de variação genótipos e ambientes. Para este primeiro, enquanto o valor da estatística F e da sua significância para os modelos fixo (a), bloco aleatório (d) e ambiente fixo (e) foram de 14,10 e 1% respectivamente, para os demais modelos - aleatório (b), bloco fixo (c) e genótipo fixo (f) – não foi observada diferença ($p > 0,05$). Ou seja, entre os modelos de efeito fixo de genótipos, (a) e (d), apresentaram diferença entre pelo menos um contraste de médias. Ao contrário, no modelo (f), essa diferença não foi observada. Já nos modelos de efeito aleatório para os genótipos, (b) e (c), por não apresentarem diferenças significativas ($p > 0,05$), indicaram que não há variabilidade genética entre o material estudado, ao contrário de (e) ($p < 0,01$).

Estas divergências podem acarretar em prejuízos aos programas de melhoramento genético de plantas, uma vez que é a partir da presença de variabilidade entre os genótipos em estudo que decisões são tomadas quanto aos cruzamentos futuros, visando o lançamento de cultivares com características agronômicas de interesse.

Em relação ao fator ambientes, foi possível verificar que o valor de significância de F, obtido na análise tradicional (modelo fixo (a)), foi superestimado em relação aos valores encontrados para os demais modelos aleatórios e mistos, proporcionando maior poder de discriminação neste fator, para este tipo de análise.

Candido (2009), ao comparar a análise tradicional de experimentos agrícolas com a metodologia de modelos mistos sob duas modelagens de efeitos de tratamentos (genótipos fixos/blocos aleatórios e genótipos aleatórios/blocos fixos), em experimentos de melhoramento de cana-de-açúcar, observou que o valor de significância de F para os fatores genótipo e interação genótipo x local obtidos pela análise tradicional, foram inferiores aos encontrados pela análise via modelo misto, considerando genótipo fator fixo nos dados de TCH (toneladas de cana ha^{-1}) no 1º corte. Para dados do 3º corte, os valores foram semelhantes nas duas análises.

De maneira geral, observou-se que, independente das fontes de variação assumirem efeito fixo, bloco aleatório ou ambiente com efeito fixo, as significâncias para o teste F não sofrem alterações. Assim como para o caso em que todas as fontes de variação assumem efeito aleatório, bloco ou genótipo fixo. Havendo diferença, entretanto, entre estes dois grupos.

Em relação ao CV de 15,65%, este valor foi similar ao de outros trabalhos conduzidos com a cultura da mamona (MYCZKOWSKI, 2003; SILVA, 2018). Por se tratar da produtividade de grãos, este valor é esperado, visto que este caráter é significativamente influenciado pelas características edafoclimáticas de cada ambiente.

4.3 Componentes de variância ou quadráticos

Para verificar a influência dos diferentes modelos, os componentes de variância associados aos efeitos aleatórios (σ^2) e os componentes quadráticos associados aos efeitos fixos (Φ), foram quantificados por meio de um sistema no qual se igualam os quadrados médios, obtidos em análises de variâncias, aos respectivos estimadores dos componentes de suas esperanças matemáticas (CRUZ e REGAZZI, 2012), (Tabela 6).

Estudos e estimativas de parâmetros de variabilidade genética são de fundamental importância pois possibilitam realizar inferências quanto à frequência em que um alelo aparece em determinada população, permitem distinguir genótipos de forma eficaz, uma vez que facilitam a identificação de casos de sinonímias e homonímias entre cultivares, além de auxiliar na seleção dos indivíduos que poderão ser utilizados para compor bancos de germoplasma ou serem utilizados no melhoramento genético (PAULA et al., 2012).

Os modelos influenciaram todas as estimativas, exceto as relacionadas ao efeito de blocos dentro de locais (7410,454167) (Tabela 6). Segundo Barbin (2003), este efeito geralmente não apresenta importância prática, podendo ser desprezado. Entretanto, como o objetivo deste trabalho consiste em um estudo detalhado de tais análises, optou-se então por mantê-lo na avaliação.

Já as variâncias ambientais apresentaram pequenas divergências, indicando certo grau de semelhança entre as seis metodologias utilizadas em relação à obtenção de parâmetros genéticos nessa população, para o atributo estudado.

A variância genotípica estimada pela modelo fixo (a) foi igual à estimada pelos modelos (d) e (e). Em relação aos modelos (b) e (c) onde o fator bloco ora é considerado fixo, ora aleatório, respectivamente, estas estimativas não

Tabela 6 - Estimativas de componentes de variância e quadráticos e parâmetros genéticos de 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes, para a característica produtividade de grãos (kg ha⁻¹), em relação aos diferentes modelos: a (fixo), b (aleatório), c (bloco fixo), d (bloco aleatório), e (ambiente fixo) e f (genótipo fixo)

Parâmetros	Modelos					
	a	b	c	d	e	f
$\sigma_b^2/\Phi_b^{(1)}$	7410,45	7410,45	7410,45	7410,45	7410,45	7410,45
$\sigma_a^2/\Phi_a^{(2)}$	519547,37	505083,02	507553,17	517077,22	505083,02	517077,22
$\sigma_g^2/\Phi_g^{(3)}$	93116,77	33145,78	33145,78	93116,77	93116,77	47363,11
$\sigma_{ga}^2/\Phi_{ga}^{(4)}$	239883,97	239883,97	239883,97	239883,97	179912,98	227889,77
$H^2^{(5)}$	0,22	0,09	0,09	0,22	0,26	0,13
$\Delta G^{(6)}$	373,92	187,00	187,00	373,92	373,92	240,85
CV _g % ⁽⁷⁾	15,90	9,48	9,48	15,90	15,90	11,34
CV _a % ⁽⁸⁾	37,55	37,03	37,12	37,46	37,03	37,46

⁽¹⁾Componente de variância (aleatório) ou componente quadrático (fixo) do bloco; ⁽²⁾Componente de variância (aleatório) ou componente quadrático (fixo) do ambiente; ⁽³⁾Componente de variância (aleatório) ou componente quadrático (fixo) do genótipo; ⁽⁴⁾Componente de variância (aleatório) ou componente quadrático (fixo) da interação genótipo x ambiente; ⁽⁵⁾Herdabilidade ao nível de parcelas; ⁽⁶⁾Ganho genético; ⁽⁷⁾Coefficiente de variação genético e ⁽⁸⁾Coefficiente de variação ambiental.

apresentaram diferenças. Já o modelo misto em que apenas genótipo assume efeito fixo (f), apresentou variância genotípica diferente de todos os outros.

Scarpinati (2007) observou estimativas da variância genotípica iguais ou ligeiramente superiores pelo método dos mínimos quadrados comparado ao REML/BLUP em testes clonais de eucalipto. Já Rocha et al. (2006) obtiveram resultados iguais ou pouco maiores na metodologia REML/BLUP, em estudo com a mesma cultura.

O interesse pela informação relacionada ao componente de variância genotípico é, portanto, imediato, uma vez que tem relação direta com o potencial da população para produzir genótipos superiores (DUARTE, 2001).

Em relação aos componentes da interação genótipos x ambientes, Bastos et al. (2007) relatam que, em função do maior ou menor grau de adaptabilidade/estabilidade genética dos indivíduos, esta variância pode inflacionar a expressão fenotípica de um caráter, uma vez que sua medida nos ensaios de campo diz respeito ao seu valor fenotípico, constituído do efeito genético, efeito do ambiente e da interação desse genótipo num ambiente específico. Observou-se que os modelos (a), (b), (c) e (d) não causaram interferência nesta estimativa, assim como o modelo (f) também foi bem similar. Apenas o modelo (e) divergiu bastante dos demais.

Todavia, no planejamento dos programas de melhoramento, as estimativas adequadas dos parâmetros genéticos auxiliam nos procedimentos de seleção de indivíduos com características importantes (ZIMBACK et al., 2011).

4.4 Parâmetros genéticos

Foram estimados os parâmetros genéticos e estatísticos de precisão e controle experimental para cada modelo: herdabilidade em nível de parcelas, ganho genético, coeficiente de variação genético e coeficiente de variação ambiental (Tabela 6).

Hallauer et al. (2010) definem a herdabilidade como sendo o grau de correspondência entre o fenótipo e o valor genotípico do indivíduo para um caráter em particular. Segundo esses autores o propósito principal das estimativas de herdabilidade e componentes de variância são para comparar os ganhos esperados baseados em estratégias alternativas de seleção.

Muitos fatores influenciam na estimativa da herdabilidade, por exemplo, o método de estimação dos componentes de variância, número de locais, tamanho das parcelas, número de repetições. Assim, a estimativa deve ser tratada com cautela, e comparações com estimativas obtidas em outros estudos devem ser vistas com cuidado (HANSON; ROBINSON, 1963).

Cruz Neto et al., (2016) destacaram que, altas estimativas de herdabilidade demonstram bom controle genético, pressupondo-se que a maior parte da variação observada nas plantas é de natureza genética. Neste caso, as estimativas de herdabilidade apresentaram valores muito baixos em todos os modelos, variando de 0,092 a 0,259, sugerindo não haver condições favoráveis para a seleção de plantas (PIMENTEL et al., 2014).

Ao avaliar tais resultados em cada modelo, observou-se semelhança nos valores de herdabilidade entre (a) e (d), (b) e (c), sendo os valores de (e) e (f) divergentes dos demais. Oliveira Neto (2001), também observou resultados divergentes ao comparar REML e ANOVA nos procedimentos de estimação para herdabilidade.

Outro parâmetro importante no melhoramento vegetal é o progresso genético. Lins et al., (2001) afirmaram que o melhoramento de uma população para um dado caráter é resultado do ganho de seleção, que depende do diferencial de seleção, que por sua vez é a diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Portanto, em processo de seleção, quanto maior for a intensidade de seleção, maior será esse diferencial e, conseqüentemente, maior o progresso genético.

Houve diferença para as estimativas de progresso genético em cada modelo, sendo que esta obedeceu ao mesmo padrão relatado para os componentes de variância genética. O mesmo aconteceu para o coeficiente de variação genética, o qual quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são desejáveis (PIMENTEL et al., 2014).

Segundo Sebbenn et al. (1999) o coeficiente de variação genética é um parâmetro de grande importância em programas de melhoramento por permitir um ganho adicional pela seleção dentro de progênies. Sua magnitude reforça a hipótese da eficiência de ganhos em trabalhos de melhoramento.

Já os coeficientes de variação ambiental seguiram o padrão de divergências descritas anteriormente para os componentes de variância ambiental.

4.5 Seleção

Para a análise tradicional, onde os efeitos dos fatores são considerados fixos, utiliza-se o teste de médias como forma de classificar os melhores tratamentos. Entretanto, quando se analisa o efeito de tratamentos tomando-os como aleatórios, os testes de comparações múltiplas entre médias não devem ser utilizados, uma vez que estes testes são derivados de uma suposição de efeitos fixos de tratamentos e, também, porque produzem inferências sobre médias fenotípicas e não médias genotípicas (RESENDE, 2004).

O que se obtém da análise de modelos mistos é um ordenamento decrescente dos genótipos, de acordo com seus valores genéticos (DUARTE; VENCOVSKY, 2001) corrigidos e penalizados, para a ocorrência de efeitos ambientais.

De maneira a verificar as possíveis influências dos diferentes modelos na seleção dos genótipos avaliados, foi realizado o ordenamento dos mesmos (Tabela 7).

As metodologias de análise tradicional, modelo aleatório e modelo misto, proporcionaram o mesmo ordenamento dos genótipos. No entanto, para o modelo onde bloco assume efeito fixo (c), houve algumas alterações. Neste, apenas os genótipos 16 e 17 se mantiveram em posições iguais em relação aos demais modelos analisados, ocupando o 1º e 8º lugar, respectivamente. Bueno Filho (1997) encontrou diferenças de ordenamento em ensaios florestais, apenas pelo fato de considerar o fator blocos, ora como fixo, ora como aleatório no processo de predição.

O estreitamento das médias preditas relatado por Resende (2005), o qual é provocado pelo BLUP, faz com que as diferenças existentes entre os genótipos fiquem menores e sejam decorrentes mais de efeitos genéticos do que ambientais, não foi observado para este caso, uma vez que, de forma geral, o ordenamento para os modelos fixo, aleatório e mistos se mantiveram semelhantes.

Candido (2009) relata que é comum em fases avançadas de seleção, os genótipos posicionados nas primeiras e nas últimas colocações coincidirem independentemente da metodologia de análise, devido entre outros fatores, ao início da estabilidade de produção.

Tabela 7 – Ordenamento de 20 genótipos de mamona avaliados em quatro ambientes para a característica produtividade de grãos (kg ha⁻¹), em relação aos diferentes modelos: a (fixo), b (aleatório), c (bloco fixo), d (bloco aleatório), e (ambiente fixo) e f (genótipo fixo)

Ordenamento	Modelos					
	a ¹	b	c	d	e	f
1 ^o	16 a	16	16	16	16	16
2 ^o	6 a	6	8	6	6	6
3 ^o	8 a	8	1	8	8	8
4 ^o	18 a	18	11	18	18	18
5 ^o	15 b	15	18	15	15	15
6 ^o	5 b	5	10	5	5	5
7 ^o	1 b	1	6	1	1	1
8 ^o	17 b	17	17	17	17	17
9 ^o	3 b	3	20	3	3	3
10 ^o	7 b	7	2	7	7	7
11 ^o	4 b	4	7	4	4	4
12 ^o	20 b	20	3	20	20	20
13 ^o	10 b	10	5	10	10	10
14 ^o	11 b	11	9	11	11	11
15 ^o	14 c	14	15	14	14	14
16 ^o	9 c	9	19	9	9	9
17 ^o	19 c	19	13	19	19	19
18 ^o	13 c	13	4	13	13	13
19 ^o	2 c	2	12	2	2	2
20 ^o	12 d	12	14	12	12	12

¹Médias seguidas de letras iguais na coluna, não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

5 CONCLUSÕES

Os modelos fixo, aleatório e mistos influenciam as estimativas dos componentes de variância e de parâmetros amplamente utilizados em programas de melhoramento genético, bem como o ordenamento dos genótipos na seleção de mamona FCA Porte Baixo.

Para a seleção de cultivares de mamona FCA Porte Baixo, deve-se evitar o modelo em que todas as fontes de variação apresentam efeito aleatório, além do modelo em que apenas a fonte de variação bloco assume efeito fixo. Em contrapartida, quando ambiente assume efeito fixo, estimativas favoráveis são obtidas.

REFERÊNCIAS

- ARIAS, E. R. A. **Adaptabilidade e estabilidade dos cultivares de milho avaliadas no Estado de Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 a 1993/94.** 1996. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1996.
- AZEVEDO, D. M. P.; BELTRÃO, N. E. M. O agronegócio da mamona no Brasil. Campina Grande: **Embrapa Algodão**, 2007. 504p.
- BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações.** 2 ed. rev. e amp. Piracicaba: FEALQ, 1993. 108p.
- BARBIN, D. **Planejamento e análise estatística de experimentos agrônômicos.** Arapongas: Midas, 2003. 208p.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, n. 4, p. 443-450, 2005.
- BARROS, F. R.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J. da; ROCHA, M. de M.; NUNES, J. A. R.; SILVA, K. J. D. e; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q. Potencial genético de progênies de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo da inflorescência. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 182-189, 2011. DOI: 10.1590/S0100-204X2011000200010.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELII, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 195-203, 2007.
- BELTRÃO, N. E. de M.; CARTAXO, W. V.; PEREIRA, S. R. de P.; SOARES, J. J.; SILVA, O. R. R. F. **O cultivo sustentável da mamona no semiárido brasileiro.** Campina Grande: Embrapa Algodão, 2006. 62p.
- BELTRÃO, N. E. de M.; SILVA, L. C.; VASCONCELOS, O. L.; AZEVEDO, D. M. P.; VIEIRA, D. J. Fitologia. In: AZEVEDO, D. M. P. de; LIMA, E. F. (eds. tec.). **O agronegócio da mamona no Brasil.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 37-61, cap. 2, 2001.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants.** Woodbury: Stemma, 2002. 360p.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative trains in plants.** 2nd ed. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; NODARI, R. O.; ELIAS, H. T.; BARILI, L. D.; VALE, N. M. do; ROZZETTO, D. S. Rendimento de grãos em feijão

preto: o componente que mais interfere no valor fenotípico é o ambiente. **Ciência Rural**, v. 39, p. 1974-1982, 2009. DOI: 10.1590/S0103-84782009005000166.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 4 ed. Viçosa: UFV, 2005. 525p.

BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa, MG: UFV, 2013. 523 p.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; REIS, M. S.; RESENDE, M. D. V.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, p. 833-841, 2010. DOI: 10.1590/S0006-87052010000400008.

BORNHOFEN, E.; BENIN, G.; STORCK, L.; WOYANN, L. G.; DUARTE, T.; STOCO, M. G.; MARCHIORO, S. V. Statistical methods to study adaptability and stability of wheat genotypes. **Bragantia, Campinas**, v. 76, n. 1, p.1-10, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1678-4499.557>

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

BUENO FILHO, J. S. S.; VENCOVSKY, R. Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 2, p. 259-296, 2000.

BUENO, L. C. S. de. et al. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2001. 282 p.

CAMARINHA FILHO, J. A. **Modelos lineares mistos: estruturas de matrizes de variâncias e covariâncias e seleção de modelos**. 2002. Tese (Doutorado em Agronomia/Estatística e Experimentação Agrônômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2002.

CANDIDO, L. S. **Modelos mistos na avaliação e ordenação de genótipos de cana-de-açúcar, com e sem efeitos de competição com parcelas vizinhas**. 2009. Tese (Doutorado em Agronomia/Genética e Melhoramento de Plantas) -Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, São Paulo, 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J. P. Planejamento experimental em milho. **Revista Ciência Agrônômica**. v. 42, n. 4, 2011. <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902011000400025>

CARGNIN, A.; SOUZA, M. A.; FRONZA, V. Progress in breeding of irrigated wheat for the Cerrado region of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 8, p. 39-46, 2008.

CARNEIRO, I. S. M. **Características agronômicas, adaptabilidade e estabilidade de linhagens de mamona no estado de São Paulo**. 2015. Dissertação (Mestrado) Agricultura Tropical e Subtropical – Instituto Agronômico de Campinas, São Paulo, 2015, 71 p.

CARVALHO, C. G. P. de; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F. de; ALMEIDA, L. A. de; KIIHL, R. A. de S.; OLIVEIRA, M. F. de. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 989-1000, 2002.

CHAVES, L. J. **Interação de genótipos com ambientes**. In.: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (eds.) Recursos genéticos e melhoramento - Planta. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Acompanhamento da safra brasileira de grãos. 2019. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 20 mar. 2019.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. v. 2, 2003, 585 p.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2 ed. Viçosa: Editora UFV, 1997, 390p.

CRUZ NETO, A. J.; ROSA, R. C. C.; OLIVEIRA, E. J.; SAMPAIO, S. R.; SANTOS, I. S.; SOUZA, P. U.; PASSOS, A. R.; JESUS, O. N. Genetic parameters, adaptability and stability to selection of yellow passion fruit hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 321-329, 2016.

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

FREIRE, R. M. M.; Ricinoquímica. In: AZEVEDO, D. P. de; LIMA, E. F. (Ed.). **O agronegócio da mamona no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão: Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 295-336, cap.13, 2001.

FREITAS, I. L. de J.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. da S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. da C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 1464-1471, 2013. DOI: 10.1590/S0100-204X2013001100007.

GARCIA, C. H.; NOGUEIRA, M. C. S. Utilização da metodologia REML/BLUP na

seleção de clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, n. 68, p. 107-112, 2005.

GUSMÃO, L. **Inadequacy of blocking in cultivar yield trials**. Theoretical and Applied Genetics, v. 72, p. 98-104, 1986.

HAGOS, H. G.; ABAY, F. AMMI and GGE biplot analysis of bread wheat genotypes in the northern part of Ethiopia. **Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 1, p. 12-18. 2013.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer Science & Business Media, 2010. 680 p.

HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Whashington: National Academy of Sciences, 1963.

HICKS, C. R. **Fundamental concepts in the design of experimete**. 2 ed. New York, Holt, Rinehart and Winston, 1973, 349p.

HOCKING, R. R. **The analysis of linear models**. Monterey: Brooks/Cole Publ. 1985. 385p.

KÖPPEN, W. Climatologia: con un estudio de los climas de la tierra. México D.F., **Fondo de Cultura Econômica**, 1948.

LINS, V. S. et al. Variações e ganhos genéticos em progênies de *Grevillea robusta* A. Cunn. **Floresta e Ambiente**, Seropédica, v. 8, n. 1, p. 180-186, 2001.

LITTELL, R. C.; McCUTCHAN, B. G. Variance componente estimation with the SAS system. In: ANNUAL CONFERE OF SAS USER GROUP INTERNATIONAL, 12., 1987, Dallas. **Proceedings...** Dallas: SAS User Group International, 1987. p. 1168-1173.

LUZ, R. P. **Caracterização morfofisiológica, molecular e agronômica de cultivares de mamona**. 2012. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Stamford: Sinauer Associates, 1997, 980 p.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, L. C.; ÁLVARES, V. S.; MACIEL, V. T.; LIMA, A.C. de. Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista Agro@ambiente On-line**, v. 5, p. 35-43, 2011.

MILANI, M.; MIGUEL JÚNIOR, S. R.; SOUSA, R. L. Sub-espécies de mamona. Campina Grande: **Embrapa Algodão**, 2009. (Documentos, 230).

MYCZKOWSKI, M. L. **Variabilidade genética para o teor de óleo entre progênies autofecundadas de mamona (*Ricinus cummunis* L.) da cultivar guarani**. 2003.

Dissertação (Mestrado em Agronomia/Agricultura) – Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2003.

Oakey, H.; Verbyla, A.; Pitchford, W.; Cullis, B.; Kuchel, H. Joint modelling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, p. 809-819, 2006.

Oliveira, R. A. de; Daros, E.; Bernalhok-Filho, J. C.; Zambon, J. L. C.; Ido, O. T.; Weber, H.; Resende, M. D. V. de; Zeni-Neto, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, v. 9, n. 3, p. 269-274, 2008.

Paula, L. A. de; Bianchi, V. J.; Fachinello, J. C. Caracterização molecular e variabilidade genética entre porta-enxertos de pessegueiro com base em marcadores codominantes. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.47, n.2, p.193-199, fev. 2012.

Piepho, H. P. Analysis of a randomized block design with unequal subclass numbers. **Agronomy Journal**, v. 89, p. 718-723, 1997.

Pimentel, A. J. B.; Guimarães, J. F. R.; Souza, M. A.; Resende, M. D. V.; Moura, L. M.; Rocha, J. R. do A. S. de C.; Ribeiro, G. 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, 2014.

Pimentel-Gomes, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Nobel, 2000. 477p.

Pimentel-Gomes, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: ESALQ, 2009. 451 p.

Pinheiro, L. C. de M.; God, P. I. V. G.; Faria, V. R.; Oliveira, A. G.; Hasui, A. A.; Pinto, E. H. G.; Arruda, K. M. A.; Piovesan, N. D.; Moreira, M. A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína de soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 1246-1253, 2013. DOI: 10.1590/S0100-204X2013000900008.

Ramalho, M. A. P.; Araújo, L. C. A. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 1-7, 2011.

Resende, M. D. V. de; Duarte, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

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

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* ¾ Melhor Predição Linear. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. **Anais [...]**. Curitiba, 1993. p. 144-147.

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas. 2004, 57 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo no melhoramento de plantas**. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADO À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 11., 2005, Londrina.

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

RIOS, G. F. A. **Resposta fitotécnica e econômica da mamoneira à irrigação em cultivo de safrinha**. 2012. Tese (Doutorado em Engenharia Agrícola) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D.; ROCHA, R. B. Avaliação genética de progênies de meios-irmãos de *Eucalyptus urophylla* utilizando os procedimentos REML/BLUP e E(QM). **Ciência Florestal**, v. 16, n. 4, p. 369-379.

ROCHA, M. G. B.; PIRES, I. E.; ROCHA, R. B.; XAVIER, A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-98, 2007.

RODRIGUES, R. F. de O.; OLIVEIRA, F. de; FONSECA, A. M. As folhas de Palma Christi. *Ricinus communis* L. Euphorbiaceae Jussieu. **Revista Lecta**, Bragança Paulista, v. 20, n. 2, p. 183-194, 2002.

SAS INSTITUTE. **Statistical Analysis System for Windows**. v. 9.4. Cary, 2002.

SAVY FILHO, A. **Mamona tecnologia agrícola**. Campinas: EMOPI, 2005, 105p.

SCARPINATI, E. A. **Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp.** 2007. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, São Paulo, 2007.

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

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; McCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: John Wiley & Sons, 1992. 501p.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; DIDIO JUNIOR, O. J. Variação genética entre e dentro de populações de amendoim - *Pterogyne nitens*. **Scientia Forestalis**, n. 56, p. 29- 40, 1999.

SILVA, J. da. **Seleção e depressão por endogamia para a cultivar de mamona fca-pb, em progênies obtidas por diferentes métodos de polinização**. 2018. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Agricultura). Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade estadual Paulista, São Paulo, 2018.

SOUSA, R. F.; MOTTA, J. D.; GONZAGA, E. DA N.; FERNANDES, M. F. & SANTOS, M. J. Aptidão agrícola do assentamento Venâncio Tomé de Araújo para a cultura da Mamona (*Ricinus communis* L.). **Revista de Biologia e Ciências da Terra**, v. 4, n. 1, 2004.

SQUILASSI, M. G. **Interação de genótipos com ambientes**. Embrapa Tabuleiros Costeiros. 2003, 47p. Disponível em <<http://www.cpatc.embrapa.br>>. Acesso em: 01 abr. 2019.

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

VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa**. In: PATERNIANI, E. (Eds.). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba: Fundação Cargill, 1980. 122-201 p.

WEISS, E. A. **Oilseed Crops**. Oxford: Blackwell Science, 2000, 364p.

ZIMBACK, L.; MORI, E. S.; BRIZOLLA, T. F.; CHAVES, R. Correlações entre caracteres silviculturais durante o crescimento de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Revista do Instituto Florestal**, São Paulo, v. 23, n. 1, p. 57-67, 2011.