

Desempenho de genótipos de mandioca via metodologia de modelos mistos em Santa Catarina, Brasil

Genotypic performance of cassava using mixed model in Santa Catarina, Brazil

Alexsander L. Moreto*, Enilto de O. Neubert, Luiz A. M. Peruch, Augusto C. Pola, Érica F. P. De Lorenzi e Eduardo C. Nunes

Epagri, Estação Experimental de Urussanga, Caixa Postal 49, CEP 88840-000, Urussanga, SC, Brasil

(*E-mail: alexsandermoreto@epagri.sc.gov.br)

<http://dx.doi.org/10.19084/RCA17083>

Recebido/received: 2017.03.30

Recebido em versão revista/received in revised form: 2017.07.07

Aceite/accepted: 2017.07.29

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo estudar via modelos mistos, o desempenho de genótipos de mandioca no estado de Santa Catarina. Os delineamentos experimentais foram conduzidos durante duas safras consecutivas (2010/11 e 2011/12), em seis municípios produtores de mandioca de três regiões do estado. Foram avaliados 12 genótipos de mandioca de indústria no experimento em blocos casualizados com três repetições. As parcelas eram compostas de 30 plantas dispostas em seis linhas de cinco plantas com área útil equivalente às doze plantas centrais. Foi avaliada a produtividade de raízes em cada local e na média de todos os locais, a estabilidade (MHVG), a adaptabilidade (PRVG) e a estabilidade e a adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG). Os clones de mandioca 269, 849 e 422 destacaram-se entre os genótipos avaliados, sendo considerados promissores para o cultivo em Santa Catarina. A metodologia de modelos mistos é uma boa opção para avaliação do desempenho de genótipos de mandioca em fases avançadas de seleção.

Palavras-chave: adaptabilidade, estabilidade, *Manihot esculenta* Crantz, modelos mistos, REML/BLUP.

ABSTRACT

The present work aimed to study via mixed models, the performance of cassava genotypes in the state of Santa Catarina. The experiments were conducted for two consecutive seasons (2010/11 and 2011/12) in six locations in cassava producers of three regions of the state. Twelve cassava genotypes for industry were evaluated in a randomized block design with three replications. The plots were composed of 30 plants arranged in six rows of five plants with useful area equivalent to the twelve central plants. Productivity of roots at each experiment and the average of all places, stability (MHVG), adaptability (PRVG) and both stability and adaptability (MHPRVG) were evaluated. The cassava clones 269, 849 and 422 stood out among the genotype, being considered promising for cultivation in Santa Catarina. The mixed model methodology is a good tool for evaluating the performance of cassava genotypes in advanced stages of selection.

Key words: adaptability, stability, *Manihot esculenta* Crantz, mixed models, REML/BLUP.

INTRODUÇÃO

A cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) tem grande importância social e econômica em Santa Catarina, Brasil, envolvendo 235 municípios de todo o estado e milhares de produtores. Com uma área plantada de cerca de 22,4 mil hectares e produção anual de 442 mil toneladas, Santa Catarina figura como o 13º produtor nacional de

mandioca, mas fica em quinto lugar quando o assunto é produtividade, atingindo 19,7 toneladas por hectare. Da produção total, considerando a safra 2017, estima-se que 100 mil toneladas sejam destinadas à fabricação da farinha, 100 mil toneladas para produção de polvilho e fécula e 242 mil toneladas consumidas *in natura*, na alimentação animal e humana (CEPA, 2017).

No estado, diversos trabalhos de pesquisa vêm sendo realizados com a finalidade de disponibilizar novos cultivares de mandioca aos produtores das várias localidades onde se cultiva a mesma.

É sabido que o ambiente em que um cultivar/genótipo é cultivado afeta a sua expressão fenotípica. Assim, quanto mais variar as condições ambientais maiores serão as chances de ocorrer variações inclusive na expressão dos caracteres de interesse agrônomico da cultura. Esse fenômeno é conhecido como interação genótipos *versus* ambientes (GxE) e é um complicador nos trabalhos de melhoramento. Vários autores vêm estudando essa interação em culturas de interesse econômico como arroz (Borges *et al.*, 2010; Regitano Neto *et al.*, 2013), trigo (Silva *et al.*, 2011), cana-de-açúcar (Zeni Neto *et al.*, 2008), milho (Milani *et al.*, 2012), feijão (Carbonell *et al.*, 2007), pêssego (Moreto e Della Bruna, 2013), cenoura (Silva *et al.*, 2012), entre outros.

No desenvolvimento de novos clones de mandioca (*Manihot esculenta* Cranz), convive-se constantemente com problemas da interação genótipos x ambientes (GxE). O desejável é que os cultivares possuam adaptabilidade a vários ambientes e possuam boa estabilidade, porém o fator interação desses com o meio faz com que, na maioria das vezes, sejam indicados a ambientes específicos e restritos a determinadas condições ambientais (Campbell e Jones, 2005). Assim, quando se analisa clones em vários ambientes é de se esperar que o desempenho não seja idêntico em todos esses locais (os ambientes), refletindo as diferentes reações dos clones às mudanças ambientais as quais foram submetidos (Ramalho *et al.*, 1993; Carbonell e Pompeu, 2000).

A avaliação do desempenho dos clones em locais estratégicos e dos parâmetros de estabilidade fenotípica permite a identificação de clones promissores na região onde são avaliados.

É sabido que a seleção baseada em procedimento biométrico inadequado pode ser ineficiente devido ao confundimento entre efeitos genotípicos e efeitos ambientais. Nesta situação, o procedimento ótimo de seleção é o que envolve a estimação de componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a predição dos

valores genotípicos pela melhor predição linear centrada (BLUP) (Resende, 2007b).

Segundo Carbonell *et al.* (2007), a seleção simultânea para produção, estabilidade e adaptabilidade, no contexto de modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica da *performance* relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG). Esse método, proposto por Resende (2004), é similar às metodologias de Annicchiarico (1992) e de Lin e Binns (1988) e permite, segundo Sturion e Resende (2005), realizar a seleção para os três atributos mencionados de forma simultânea, além de apresentar outras vantagens.

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo estudar via modelos mistos, o desempenho de genótipos de mandioca avaliados em diferentes regiões do Estado de Santa Catarina.

MATERIAL E MÉTODOS

Os delineamentos experimentais foram realizados durante duas safras consecutivas (2010/11 e 2011/12), em seis municípios produtores de mandioca, os quais estão representadas as três regiões produtoras do estado de Santa Catarina. Foram avaliados 12 genótipos de mandioca no delineamento blocos casualizados com três repetições. As parcelas eram compostas de 30 plantas dispostas em seis linhas de cinco plantas com área útil equivalente às doze plantas centrais. Os 12 tratamentos (genótipos) foram compostos por seis clones: 70 (raiz branca); 110 (raiz marrom); 269 (raiz branca); 422 (raiz marrom); 530 (raiz marrom) e 849 (raiz marrom), escolhidos em função do bom desempenho nas avaliações realizadas na Estação Experimental de Urussanga e no Campo Experimental de Jaguaruna e seis testemunha correspondentes aos cultivares mais plantados em cada município produtor, entre eles os cultivares Rama Preta (raiz com película externa marrom), Vermelhinha (marrom), Mandim Branca (raiz com película externa branca), IAC 14 (marrom), CETREC (branca) e o cultivar SCS 253 Sangão (marrom clara) (Quadro 1). Foram utilizados dados de produtividade (toneladas de amido/hectare), obtidos pela multiplicação da produção de raízes e o percentual de amido determinado pelo método da balança hidrostática (amostra de 3 kg de raízes).

Quadro 1 - Regiões e municípios onde se realizaram os delineamentos experimentais e relação dos genótipos avaliados em cada local e safra

Região do Estado SC	Município	Genótipos avaliados Safras 2010/2011 e 2011/2012
Sul	Araranguá	Clones 70, 110, 269, 422, 530 e 849, SCS253 Sangão, Rama Preta
	Sangão	Clones 70, 110, 269, 422, 530 e 849, SCS253 Sangão, Mandim Branca
	Treze de Maio	Clones 70, 110, 269, 422, 530 e 849, SCS253 Sangão, Vermelhinha
	Jaguaruna	Clones 70, 110, 269, 422, 530 e 849, SCS253 Sangão, Mandim Branca
Vale do Itajaí	Trombudo Central	Clones 70, 110, 269, 422, 530 e 849, SCS253 Sangão, IAC 14
Oeste	Chapecó	Clones 70, 110, 269, 422, 530 e 849, SCS253 Sangão, CETREC

Os delineamentos experimentais foram conduzidos pelos produtores parceiros e submetidos às mesmas condições que sua lavoura comercial.

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

$$y = Xf + Zg + Qa + Ti + Wt + e$$

em que: y o vetor de observações; f o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (efeitos fixos do modelo) somados à média geral; g o vetor de efeitos genotípicos (assumido como aleatórios); a é o vetor dos efeitos da interação de genótipos com anos (aleatórios); i o vetor dos efeitos das interações de genótipos \times locais (aleatório); t o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos \times locais \times anos (assumidos como aleatórios); e o vetor de erros (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (Resende, 2007a).

Como foram avaliados 12 genótipos, os efeitos foram considerados como aleatórios, conforme Resende e Duarte (2007), que recomendam tratar efeitos genotípicos como aleatórios quando o número de tratamentos for igual ou superior a 10.

Foi realizada a análise de *deviance*, recomendada para análise de série de ensaios desbalanceados (Resende, 2007a) e a significância dos efeitos do modelo foi testada por meio da razão da verossimilhança (Likelihood Ratio Test ou LRT). As *deviance* foram obtidas por meio de análises com e sem os efeitos de g , ga , gl e gla . Em seguida, subtraiu-se de cada *deviance* do modelo completo a *deviance* do modelo reduzido, e confrontando-o com o valor do

qui-quadrado com um grau de liberdade, a 1% e 10% de probabilidade.

Foi avaliada a produtividade em cada local e na média de todos os locais; a estabilidade através da média harmônica dos valores genéticos através das safras – (MHVG), em que, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade; a adaptabilidade através da *performance* relativa dos valores genéticos em relação a média de cada safra – (PRVG), em que, os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local e, posteriormente, obtém-se o valor médio desta proporção através dos locais; e a estabilidade e a adaptabilidade simultaneamente, através da média harmônica da *performance* relativa dos valores genéticos (MHPRVG), que permite selecionar pelos três atributos mencionados, conforme Resende (2007b).

As análises foram realizadas com a aplicação SELEGEN REML/BLUP (Resende, 2007a).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Quadro 2 é apresentado o resultado da análise de *deviance* para os efeitos de genótipos, efeitos das interações genótipos \times anos, genótipos \times locais e genótipos \times locais \times anos, seus respectivos componentes de variância, coeficientes de determinação e correlações na análise conjunta dos seis locais e dois anos safra. Verificou-se pelo teste de qui-quadrado, aplicado sobre a razão entre as verossimilhanças (LRT) do modelo completo ou saturado em relação ao modelo reduzido, significância dos

efeitos de genótipos ($P \leq 0,10$) e da interação tripla genótipos x locais x anos ($P \leq 0,01$), bem como seus componentes de variância (V_g e V_{gla}) e coeficientes de determinação (h^2_g e c^2_{gla}) dos respectivos efeitos. Os efeitos das interações genótipos x anos e genótipos x locais, assim como seus respectivos componentes de variância (V_{ga} e V_{gl}) e seus coeficientes (c^2_{ga} e c^2_{gl}) não foram significativos para explicar a variação total dos dados nos ensaios (Quadro 2). A análise de *deviance* evidenciou assim, a presença de variabilidade genética entre os genótipos testados e interação entre genótipos, locais e anos.

Os coeficientes de determinação (c^2_{ga} para a interação genótipos x anos; c^2_{gl} para interação genótipos x locais e c^2_{gla} para a interação genótipos x locais x anos) indicam o quanto cada componente contribui para a variância fenotípica total (Borges *et al.*, 2010). Sendo assim, a interação genótipos x locais x ano contribuiu significativamente com 18,8% do total da variância. As demais interações, genótipos x anos e genótipos x locais contribuíram com 3,0% e 0,5%, respectivamente, consideradas não significativas para os níveis de teste considerados. A não detecção da significância das interações duplas traduz que as variações das condições climáticas ocorridas em cada localidade, durante as duas safras de avaliação, não refletiram numa mudança significativa de comportamento dos genótipos estudados, assim como suas respostas nos diferentes ambientes dentro da mesma safra.

Regitano Neto *et al.* (2013), que estudaram o comportamento de 16 genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo por meio de diferentes metodologias, identificaram interação significativa apenas para genótipos x locais x anos. Segundo eles, a participação desse tipo de interação na variância total foi de 33%. A significância da participação da interação genótipos x ambientes na fração total da variação fenotípica tem sido demonstrada por diversos autores, em diversas culturas utilizando a metodologias de modelos mistos. Borges *et al.* (2010) em seus estudos com arroz de terras altas identificaram significância para as interações duplas genótipos x anos (V_{ga}) e genótipos x locais (V_{gl}), com magnitudes superiores da interação V_{gl} . Verardi *et al.* (2009), confirmaram em seus trabalhos de adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha em progênies de seringueira que a magnitude da interação genótipos x ambientes foi alta indicando a presença de interação genótipos x ambientes do tipo complexa. Milani *et al.* (2012) reportam contribuição de 24,3% atribuídas às interações para rendimento de grãos de 43 híbridos de milho em estágio avançado de avaliação.

O efeito de genótipos (h^2_g), considerado significativo ($P \leq 0,1$), apresentou contribuição relativa de 11,6% para a variação observada na produtividade de amido/hectare (Quadro 2). Estes valores significativos e diferentes de zero indicam possibilidade de sucesso com a seleção dos melhores genótipos.

Quadro 2 - Estimativas dos componentes de variância (REML individual), para o caractere produção de amido por hectare, em genótipos de mandioca avaliados por duas safras (2010/2011 e 2011/2012) em seis municípios do estado de Santa Catarina, Brasil

Componentes de variância (REML individual)					
Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Variâncias (V)	Coefficientes	Correlações (r)
Genótipo (g)	544,98	2,78*	$V_g = 0,3219$	$h^2_g = 0,1156 \pm 0,0570$	
Genótipos x anos (ga)	542,65	0,45 ^{ns}	$V_{ga} = 0,0839^{ns}$	$c^2_{ga} = 0,0301^{ns}$	$r_{ga} = 0,7933$
Genótipos x locais (gl)	542,21	0,01 ^{ns}	$V_{gl} = 0,0149^{ns}$	$c^2_{gl} = 0,0053^{ns}$	$r_{gl} = 0,9559$
Genótipos x locais x anos (gla)	550,17	7,97**	$V_{gla} = 0,5230$	$c^2_{gla} = 0,1879$	$r_{gla} = 0,3412$
Resíduo			$V_e = 1,8399$		
			$V_f = 2,7836$		
Modelo Completo	542,20				
Média geral	=	6.3952			

*: significativo a 10% de probabilidade pelo teste de qui-quadrado.

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste de qui-quadrado

As estimativas das correlações genotípica através dos anos (r_{ga}) e correlações genotípicas através dos locais (r_{gl}) foram de alta magnitude, 0,79 e 0,96 respectivamente. Valores plausíveis uma vez que no presente estudo não foram observados efeitos significativos ($P \leq 0,1$) para as interações desse tipo. Já a estimativa da correlação genotípica através dos anos e locais, válida para qualquer local (r_{gla}), foi de baixa magnitude, o que nos leva a crer na ausência da interação tripla na estimação desse tipo de correlação, corroborando no mesmo sentido com as demais estimativas obtidas no presente estudo (Quadro 2).

Na seleção dos genótipos com melhores valores genotípicos preditos referentes à produção de amido por hectare, para a média de todos os ambientes, obteve-se uma classificação em função dos componentes de médias e são apresentados do Quadro 3. Entre estes, destaca-se os seguintes: clone 269; clone 849; Rama Preta; CETREC e clone 422. Os ganhos obtidos com a seleção dos referidos genótipos foram, respectivamente: 18,1%; 10,0%; 7,2% 5,7% e 4,6% (Quadro 3). Tendo em vista que entre os cinco primeiros colocados estão três clones que estão em estágio avançado de avaliação, tais valores tornam-se significativos, pois evidenciam o sucesso quanto a disponibilização de novos cultivares aos produtores interessados. Como se trata de um método de caráter conservador, que

penaliza os valores genotípicos preditos, o mesmo comportamento das médias genotípicas ($u+g$) do caráter é esperado, quando os genótipos eleitos forem submetidos a ambientes diversos (Maia *et al.*, 2009).

O valor genotípico médio nos vários ambientes ($u+g+gem$) capitaliza uma interação média com todos os ambientes, e nessa capitalização da interação está intrínseca a escolha de genótipos mais estáveis e mais adaptados à gama de ambientes aos quais foram instalados os delineamentos experimentais. Aqui se repete os genótipos escolhidos pela média genotípica livres da interação (Quadro 3) e sua recomendação pode ser extrapolada para o plantio em vários ambientes, respeitando-se o padrão da interação dos locais de experimentação (Resende, 2007a).

Considerando a seleção dos genótipos em cada local de avaliação, o Quadro 4 mostra a classificação em ordem decrescente dos genótipos avaliados em função dos valores genotípicos preditos em cada local ($u+g+ge$) para o caráter produtividade de amido por hectare. No presente trabalho, os clones 269 e 849 mantiveram-se sempre entre os mais produtivos, em todos os locais testados, o que torna-se patente inferir que esses genótipos não interagem de forma significativa com os locais

Quadro 3 - Estimativas dos componentes de média (BLUP individual), para o caractere produção de amido por hectare, em genótipos de mandioca avaliados por duas safras (2010/2011 e 2011/2012) em seis municípios do estado de Santa Catarina, Brasil

Ordem	Genótipos	(g) ¹	(u + g) ²	Ganho	Nova Média	(u+g+gem) ³
1	Clone 269	1,1593	7,5546	1,1593	7,5546	7,5635
2	Clone 849	0,1178	6,5130	0,6385	7,0338	6,5139
3	Rama Preta	0,1112	6,5064	0,4628	6,8580	6,5073
4	CETREC	0,0805	6,4758	0,3672	6,7624	6,4764
5	Clone 422	0,0014	6,3966	0,2940	6,6893	6,3966
6	Clone 70	0,0009	6,3962	0,2452	6,6404	6,3962
7	IAC 14	-0,0259	6,3694	0,2065	6,6017	6,3692
8	Vermelhinha	-0,1277	6,2676	0,1647	6,5599	6,2666
9	Clone 530	-0,1840	6,2112	0,1260	6,5212	6,2098
10	Clone 110	-0,2255	6,1697	0,0908	6,4860	6,1680
11	Mandim Branca	-0,3071	6,0881	0,0546	6,4499	6,0858
12	SCS253 Sangão	-0,6010	5,7942	0	6,3952	5,7896

¹: efeitos genotípicos preditos; ²: médias genotípicas preditas; ³: valor genotípico médio nos vários ambientes e capitaliza uma interação média com todos os ambientes avaliados.

mantendo-se sempre em primeiro e segundo na ordem de classificação (Quadro 4). Os genótipos SCS 253 Sangão, clone 110 e Mandim Branca estão sempre nas piores colocações em todos os locais, o que evidencia que os mesmos não contemplam características positivas em seus genomas para componentes da produtividade. Maia *et al.* (2009), selecionando clones de cajueiro, também identificou genótipos promissores em todos os ambientes avaliados assim como genótipos com desempenho ruim nos vários ambientes.

De maneira geral os genótipos que apresentaram valores negativos de g+ge são genótipos que estão abaixo da média geral do delineamento experimental e numa seleção que se considerasse apenas a característica produtividade de amido por hectare eles seriam descartados. Entre os

demais (g+ge positivos) fica a critério de o melhorista estabelecer o nível de corte para suas seleções, podendo em cada local específico selecionar algum outro genótipo de interesse além dos dois anteriormente mencionados, fazendo alusão a seleção regionalizada.

A interação genótipos x ambientes é decorrente da variação do desempenho dos genótipos nos vários ambientes, isto é, reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos às mudanças do ambiente e pode ser pautado na estimação da adaptabilidade e da estabilidade fenotípica. No Quadro 5, estão apresentados os resultados sobre a estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG), para o caráter produção de amido por hectare de raiz de mandioca colhida.

Quadro 4 - Seleção de genótipos por local, predições de efeitos (g+ge) e valores genéticos preditos (u+g+ge) para os genótipos avaliados quanto a produção de amido por hectare, em cada um dos seis municípios do estado de Santa Catarina, Brasil, nas safras 2010/2011 e 2011/2012

Ordem ³	Municípios avaliados								
	Araranguá			Treze de Maio			Jaguaruna		
	genótipo	(g+ge) ¹	(u+g+ge) ²	genótipo	(g+ge)	(u+g+ge)	genótipo	(g+ge)	(u+g+ge)
1	Clone 269	1,1674	7,5070	Clone 269	1,1797	8,5886	Clone 269	1,1549	7,3019
2	Clone 849	0,1253	6,4648	Clone 849	0,1124	7,5212	Clone 849	0,1123	6,2594
3	Rama Preta	0,1163	6,4559	Clone 70	0,0309	7,4398	Clone 70	0,0155	6,1625
4	Clone 422	0,0003	6,3399	Clone 422	-0,0121	7,3968	Clone 422	-0,0267	6,1204
5	Clone 70	0,0002	6,3398	Vermelhinha	-0,1336	7,2753	Clone 530	-0,1871	5,9599
6	Clone 530	-0,1925	6,1471	Clone 530	-0,1996	7,2093	Clone 110	-0,2092	5,9379
7	Clone 110	-0,2409	6,0987	Clone 110	-0,2112	7,1977	Mandim Branca	-0,3033	5,8438
8	SCS253 Sangão	-0,5962	5,7434	SCS253 Sangão	-0,6254	6,7835	SCS253 Sangão	-0,5946	5,5524

Ordem	Municípios avaliados								
	Chapecó			Trombudo Central			Sangão		
	genótipo	(g+ge)	(u+g+ge)	genótipo	(g+ge)	(u+g+ge)	genótipo	(g+ge)	(u+g+ge)
1	Clone 269	1,1651	7,4949	Clone 269	1,1699	6,2793	Clone 269	1,1726	8,2092
2	Clone 849	0,1115	6,4413	Clone 849	0,1337	5,2431	Clone 849	0,1168	7,1535
3	CETREC	0,0843	6,4141	Clone 422	0,0152	5,1246	Clone 70	0,0076	7,0443
4	Clone 422	0,0512	6,3810	IAC 14	-0,0271	5,0824	Clone 422	-0,0196	7,0171
5	Clone 70	-0,0113	6,3185	Clone 70	-0,0372	5,0722	Clone 530	-0,1762	6,8604
6	Clone 530	-0,1726	6,1572	Clone 530	-0,1845	4,9250	Clone 110	-0,2255	6,8111
7	Clone 110	-0,2475	6,0823	Clone 110	-0,2295	4,8799	Mandim Branca	-0,3251	6,7115
8	SCS253 Sangão	-0,6312	5,6986	SCS253 Sangão	-0,5975	4,5119	SCS253 Sangão	-0,5888	6,4478

¹: predições de efeitos. ²: valores genotípicos preditos para cada local (u+g+ge). ³: ordem de classificação dos genótipos pelo valor genotípico predito.

Quadro 5 - Estabilidade dos valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade dos valores genotípicos (PRVG), valores genotípicos médios capitalizados pela interação (PRVG*MG), estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG) e valores genotípicos médios nos locais (MHPRVG*MG) para produção de amido por hectare de genótipos de mandioca avaliados por duas safras (2010/2011 e 2011/2012) em seis municípios de Santa Catarina, Brasil

Ordem	Genótipo	MHVG	Genótipo	PRVG	PRVG*MG	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	Clone 269	7,4899	Clone 269	1,1852	7,5793	Clone 269	1,1847	7,5767
2	Vermelhinha	7,2753	Clone 849	1,0189	6,5163	Clone 849	1,0189	6,5162
3	Rama Preta	6,4559	Rama Preta	1,0184	6,5126	Rama Preta	1,0184	6,5126
4	Clone 849	6,4297	CETREC	1,0133	6,4804	CETREC	1,0133	6,4804
5	CETREC	6,4141	Clone 422	1,0004	6,3977	Clone 422	1,0004	6,3976
6	Clone 422	6,3113	Clone 70	0,9998	6,3939	Clone 70	0,9998	6,3938
7	Clone 70	6,3039	IAC 14	0,9947	6,3614	IAC 14	0,9947	6,3614
8	Mandim Branca	6,2477	Vermelhinha	0,9820	6,2799	Vermelhinha	0,9820	6,2799
9	Clone 530	6,1200	Clone 530	0,9706	6,2075	Clone 530	0,9706	6,2074
10	Clone 110	6,0762	Clone 110	0,9639	6,1644	Clone 110	0,9639	6,1642
11	SCS253 Sangão	5,6935	Mandim Branca	0,9522	6,0897	Mandim Branca	0,9522	6,0897
12	IAC 14	5,0824	SCS253 Sangão	0,9041	5,7818	SCS253 Sangão	0,9039	5,7809

Os valores da MHVG – Média harmónica dos valores genotípicos, para os doze genótipos avaliados, são os próprios valores da produtividade de amido penalizados pela instabilidade. Esta média indica a previsibilidade, isto é, a manutenção da produtividade, frente a ambientes diversos. Assim, a seleção baseada neste critério contempla os dois atributos simultaneamente, genótipos produtivos e estáveis. Segundo esse critério os seis genótipos que melhor associam essas duas características em ordem decrescente são: Clone 269; Vermelhinha, Rama Preta; clone 849; CETREC e clone 422 (Quadro 5). Segundo Vencovsky e Torres (1988), para o produtor rural, é de fundamental importância que uma cultivar seja estável ao longo dos anos.

Dos seis melhores genótipos classificados para MHVG, um (Vermelhinha) não está entre os seis melhores pela análise conjunta dos valores genotípicos (Quadro 3). O cultivar Vermelhinha que foi classificado como oitavo colocado na análise conjunta, foi classificado como segundo colocado para o parâmetro MHVG. A boa posição desse genótipo para MHVG foi por ele estar presente apenas no ambiente com maior média geral (Treze de Maio) e não ter sofrido penalização por estar nos demais ambientes. Por isso, segundo Zeni-Neto *et al.* (2008), em delineamentos experimentais não equilibrados desbalanceados, a seleção baseada

somente no critério MHVG deve ser empregada com cautela, visto que genótipos podem ser privilegiados ou penalizados por não serem testados em todos os ambientes.

A adaptabilidade de valores genéticos pode ser predita por meio do método Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG). A adaptabilidade avalia o nível de resposta ao estímulo ambiental, ou seja, a capacidade de os genótipos responderem de forma vantajosa à melhoria do ambiente (Mariotti *et al.*, 1976). O Quadro 5 classifica os genótipos que apresentaram maior sinergismo adaptativo nos diferentes ambientes para o caractere estudado. Utilizando o produto da PRVG pela média geral (MG), obteve-se a coluna PRVG*MG a qual classifica os genótipos na seguinte ordem decrescente: clone 269; clone 849; Rama Preta; CETREC e clone 422 e clone 70, indicado que tais genótipos respondem com vantagem a melhoria dos ambientes.

Com relação à seleção simultânea por produtividade, adaptabilidade e estabilidade, no contexto de modelos mistos, Resende (2004) comenta que pode ser realizada pelo método da Média Harmónica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG). Esse método se baseia em valores genotípicos preditos, via modelos mistos, e agrupa, numa única estatística, a estabilidade,

a adaptabilidade e a produtividade, facilitando e muito, a seleção de genótipos superiores (Regitano Neto *et al.*, 2013). Aplicando o referido método MHPRVG, destacam-se os genótipos: clone 269; clone 849; Rama Preta; CETREC, clone 422 e clone 70 como os seis de melhores performances para produtividade de amido por hectare, semelhante ao observado no método PRVG.

De acordo com Zeni-Neto *et al.* (2008) os valores de PRVG e MHPRVG indicam exatamente a superioridade média do genótipo em relação a média do ambiente ao qual ele foi testado, então o clone 269 tem superioridade de 1,18 vezes a média dos locais em que foi cultivado, seguido pelos genótipos clone 849 e Rama Preta, ambos com 1,02 em relação à média dos locais. Entre os seis melhores genótipos selecionados pelo método MHVG, apenas a Vermelhinha não foi coincidente para os demais métodos. Dentre os melhores, o único que esteve em primeira posição no ordenamento pelos três métodos simultaneamente foi o clone 269 (Quadro 5). Diante dos resultados das avaliações, optou-se pela inscrição no Registro Nacional de Cultivares (RNC) dos clones 269 e 849, hoje então denominados SCS254 Sambaqui e SCS255 Luna, respectivamente, os quais são indicados para o cultivo em Santa Catarina, Brasil.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Annicchiarico, P. (1992) – Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. *Journal of Genetics and Plant Breeding*, vol. 46, p. 269-278.
- Borges, W.; Soares, A.A.; Reis, M.S.; Resende, M.D.V.; Cornélio, V.M.O.; Leite, N.A. & Vieira, A.R. (2010) – Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. *Bragantia*, vol. 69, n. 4, p. 833-841. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052010000400008>
- Campbell, B.T. & Jones, M.A. (2005) – Assessment of genotype x environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica*, vol. 144, p. 69-78. <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-005-4336-7>
- Carbonell, S.A.M.; Chiorato, A.F.; Resende, M.D.V.; Dias, L.A.S.; Beraldo, A L.A. & Perina, E.F. (2007) – Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. *Bragantia*, vol. 66, n. 2, p. 193-201. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052007000200003>
- Carbonell, S.A.M. & Pompeu, A.S. (2000) – Estabilidade fenotípica de linhagens de feijoeiro em três épocas de plantio no Estado de São Paulo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 35, n. 2, p. 321-329. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2000000200011>
- CEPA (2017) – *Boletim Agropecuário*, n. 48. Centro de Socioeconomia e Planejamento Agrícola [cit. 2017-06-28] http://docweb.epagri.sc.gov.br/website_cepa/Boletim_agropecuario/boletim_agropecuario_n48.pdf
- Lin, C.S. & Binns, M.R. (1988) – A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, vol. 68, n. 3, p. 193-198.

CONCLUSÕES

Os clones de mandioca 269, 849 e 422 se destacaram entre os genótipos avaliados, sendo considerados promissores para o cultivo em Santa Catarina.

Entre os clones com melhor desempenho, dois são de raízes de película marrom (clones 849 e 422) e um de película branca (clone 269), atendendo demandas de produtores de farinha e fécula do Estado de Santa Catarina.

O clone 269 apresentou o de melhor desempenho entre os genótipos avaliados para todas as estatísticas utilizadas (MHVG, PRVG e MHPRVG), proporcionando ganhos significativos com sua seleção.

AGRADECIMENTOS

A FAPESC e ao CNPq pelo apoio financeiro e aos produtores parceiros e aos técnicos da Epagri que contribuíram para o bom andamento dos trabalhos em seus respectivos municípios de atuação (Araranguá, Treze de Maio, Sangão, Jaguaruna, Trombudo Central e Chapecó).

- Maia, M.C.C.; Resende, M.D.V.; Paiva, J.R. de; Cavalcanti, J.J.V. & Barros, L.M. (2009) – Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genótípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, vol. 39, n. 1, p. 43-50.
- Mariotti, I.A.; Oyarzabal, E.S.; Osa, J.M.; Bulacio, A.N.R. & Almada, G.H. (1976) – Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. *Revista Agronómica del Nordeste Argentino*, vol. 13, n. 14, p. 105-127.
- Milani, K.F.; Miotto, A.A.; Coan, M.M.D.; Camacho, L.R.S.; Senhorinho, H.J.C.; Tolentino, V.H.D.; Junior, J.L.M. & Rodovalho, M.A. (2012) – Avaliação genotípica de híbridos simples de milho em multi locais por meio de modelos mistos. In: XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo. Águas de Lindóia. Anais. p.2831-2838.
- Moreto, A.L. & Della Bruna, E. (2013) – Seleção de clones de pessegueiro quanto a produtividade, adaptabilidade e estabilidade. *Revista Agropecuária Catarinense*, vol. 26, n. 3, p. 91-97.
- Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B. & Riguetto, G.U. (1993) – Interação de cultivares de feijão por épocas de semeadura em diferentes localidades do Estado de Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 28, n. 10, p. 1183-1189.
- Regitano Neto, A.; Junior, E.U.R.; Gallo, P.B.; Freitas, J.G. de. & Azzini, E. (2013) – Comportamento de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. *Revista Ciência Agronômica*, vol. 44, n. 3, p. 512-519. <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902013000300013>
- Resende, M.D.V. (2004) – *Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos e campo*. Colombo: Embrapa Florestas. 60p. (Embrapa Florestas Documentos 100).
- Resende, M.D.V. (2007a) – *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo: Embrapa Florestas, 361 p.
- Resende, M.D.V. (2007b) – *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 561 p.
- Resende, M.D.V. de & Duarte, J. B. (2007) – Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, vol. 37, n. 3, p. 182-194.
- Silva, R.R.; Benin, G.; Silva, G.O.da; Marchioro, V.S.; Almeida, J.L. de & Matei, G. (2011) – Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura, no Paraná. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 46, n. 11, p. 1439-1447. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2011001100004>
- Silva, G.O; Carvalho, A.D.F; Vieira, J.V. & Fritsche-Neto, R. (2012) – Adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura. *Horticultura Brasileira*, vol. 30, n. 1, p. 80-83.
- Sturion, J.A. & Resende, M.D.V. de (2005) – Eficiência do experimento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.). *Boletim de Pesquisa Florestal*, n. 50, jan./jun, p. 3-10.
- Vencovsky, R. & Torres, R.A.A. (1998) – Estabilidade geográfica e temporal de algumas cultivares de milho. In: *Congresso Nacional de Milho e Sorgo*, 16, Belo Horizonte, Anais. p.294-300.
- Verardi, C.K.; Resende, M.D.V.; Costa, R.B.da & Gonçalves, P.S. (2009) – Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 44, n. 10, p. 1277-1282. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2009001000010>
- Zeni-Neto, H.; Oliveira, R.A. de; Daros, D.; Bepalhok Filho, J.C.; Zambon, J.L.C.; Ido, O.T. & Weber, H. (2008) – Seleção para produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana de açúcar em três ambientes no estado do Paraná via modelos mistos. *Scientia Agraria*, vol. 9, n. 4, p. 425-430.