



JOÃO JÚLIO MASSITELA

**GANHO DE SELEÇÃO EM ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO
DE VARIEDADES DE MILHO AVALIADAS EM ENSAIOS DE
VALOR DE CULTIVO E USO**

LAVRAS – MG

2019

JOÃO JÚLIO MASSITELA

**GANHO DE SELEÇÃO EM ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO DE VARIEDADES
DE MILHO AVALIADAS EM ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Orientador

Prof. Dr. Márcio Balestre

Coorientador

Lavras – MG

2019

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Massitela, João Júlio.

Ganho de seleção em estabilidade de produção de variedades
de milho avaliadas em ensaios de valor de cultivo e uso / João Júlio
Massitela. - 2019.

61 p.

Orientador (a): Renzo Garcia Von Pinho.

Coorientador (a): Márcio Balestre.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2019.

Bibliografia.

1. Distâncias euclidianas. 2. Progresso genético. 3.
Estabilidade. I. Von Pinho, Renzo Garcia. II. Balestre, Márcio. III.
Título.

JOÃO JÚLIO MASSITELA

**GANHO DE SELEÇÃO EM ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO DE VARIEDADES
DE MILHO AVALIADAS EM ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO**

**GAIN SELECTION IN STABILITY OF PRODUCTION OF CORN
VARIETIES EVALUATED IN CULTURE AND USE VALUE TESTS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 09 de Agosto de 2019.

Prof. Dr. João Cândido de Souza (UFLA)

Dr. Vander Filipe de Souza (UFLA)

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Orientador

Prof. Dr. Márcio Balestre

Coorientador

Lavras – MG

2019

Aos meus pais Pedro e Rita, a minha esposa Elcina e aos meus filhos Ailton, Chaene e Elber, pelo amor e apoio incondicional prestado em todas as etapas, tornando possível esta conquista.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida e por iluminar os meus caminhos.

Ao Instituto de Investigação Agrária de Moçambique pela autorização em continuar com os estudos em programa de Pós-Graduação.

Ao Programa para Produtividade Agrária para a África Austral (APPSA) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus pais Pedro e Rita pelo amor e apoio incondicional prestado em todas as etapas da minha vida.

À minha esposa Elcina e aos meus filhos Ailton, Chaene e Elber por me fazer acreditar que conseguiria alcançar essa vitória.

Aos meus irmãos Cristina, Cesar, Isabel, Jose, Pedro e Orlando e aos sobrinhos Jura, Nini, Nelo, Belucha pelo apoio prestado em todos momentos.

À Universidade Federal de Lavras especialmente ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela oportunidade de realização do curso de mestrado.

Aos Programas de Fomento de Pós-Graduação Cnpq, FAPEMIG e CAPES

Aos meus orientadores Renzo Garcia Von Pinho e Marcio Balestre pela paciência atenção e ensinamentos.

À todos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas.

As secretárias do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e do Departamento de Biologia, Lilian Rafa e Zélia pela ajuda prestada em todos os momentos.

Aos colegas da Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas em especial ao Ewerton e Luiz Antônio pela agradável convivência e momentos de desconcentração ao longo do curso.

Aos amigos Sérgio, Júlio, Nasma, Melvis, Joel, David, Taula, Hugo, Mesquita, Antônio, Adelaide, Sandra por tantos momentos de amizade e convivência.

À todos que direta ou indiretamente ajudaram-me durante esta trajetória o meu muito obrigado

Se você não puder se destacar pelo talento, vença pelo esforço.

Dave Weinbaum

RESUMO

A estimativa do progresso genético é de extrema importância em programas de melhoramento para orientar o melhorista sobre a eficiência dos métodos de seleção empregados para as características de interesse nas populações sob seleção. O presente estudo objetivou estimar o progresso genético em estabilidade de produção de variedades de milho avaliados em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo nos anos 2013/14 e 2014/15 em 46 ambientes. No total foram avaliados 47 genótipos, dos quais consistiram de 33 variedades de polinização aberta, 1 híbrido simples, 1 híbrido triplo, 1 híbrido duplo, 3 híbridos intervarietais e 8 híbridos topcrosses, sendo os híbridos simples, triplos e duplos utilizados como testemunhas. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com duas repetições, sendo avaliada a produtividade de grãos. As análises estatísticas foram realizadas pelo procedimento REML/BLUP, em que os componentes de variância foram estimados pela máxima verossimilhança restrita (REML) via algoritmo EM, sendo os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viciada (BLUP). Os Blups foram posteriormente submetidos à decomposição de valores singulares para a obtenção dos gráficos AMMI e GGE-Biplot. O progresso genético foi estimado através de distâncias euclidianas de genótipos em relação à origem. A taxa de renovação das cultivares foi de 36,17%. O ganho genético de introdução e de avanço estimado pelo método AMMI foi de 0,047 e -0,158 respectivamente, correspondendo a um percentual de 6,78% e -24%. Quando estimado pelo método GGE observou-se um progresso genético de introdução e de avanço de -0,657 e 0,114 respectivamente, o que representa uma percentagem de 46% e 5,47% respectivamente, concluindo-se que os genótipos mais produtivos foram menos estáveis. Os genótipos que tiveram melhor desempenho em termos de estabilidade foram G116 (Sint 10723), G62 (Sintético 256 L), G108 (Sint 10697), G131 (AL 2010), e G144 (AL2014).

Palavras-chave: Distâncias euclidianas. Progresso genético. Estabilidade.

ABSTRACT

Estimation of genetic progress is of utmost importance in breeding programs to guide the breeder on the efficiency of the selection methods employed for the characteristics of interest in the populations under selection. The present study aimed to estimate the genetic progress in production stability of maize varieties evaluated in Cultivation and Use Value (VCU) trials coordinated by Embrapa Maize and Sorghum in the years 2013/14 and 2014/15 in 46 environments. In total, 47 genotypes were evaluated, consisting of 33 open pollinated varieties, 1 single hybrid, 1 triple hybrid, 1 double hybrid, 3 intervarietal hybrids and 8 hybrid topcrosses, where single, triple and double hybrids were used as controls. The experimental design was a randomized complete block with two replicates, and was evaluated grain yield. Statistical analyzes were performed using the REML / BLUP procedure, where the variance components were estimated by the maximum restricted likelihood (REML), and the genotypic values were predicted by the best non-vitiated linear prediction (BLUP). The Blups were later submitted to the decomposition of singular values to obtain the GGE-Biplot plots. Genetic progress was estimated through Euclidean distances from genotypes to origin. The renewal rate of the cultivars was 36.17%. The genetic introduction and advance gain estimated by the AMMI method was 0.047 and -0.158 respectively, corresponding to a percentage of 6.78% and -24%. When estimated by the GGE method it was observed an introduction and advance genetic progress of -0.657 and 0.114 respectively, representing a percentage of 46% and 5.47% respectively, concluding that the most productive genotypes were less stable. The best performing genotypes in terms of stability were G116 (Sint 10723), G62 (Synthetic 256 L), G108 (Sint 10697), G131 (AL 2010), and G144 (AL2014).

Keywords: Euclidean distances. Genetic progress. Stability.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 2.1 - Comportamento de dois genótipos (Gen1 e Gen2) em duas condições ambientais (Amb1 e Amb2) com ausência de interação. 18
- Figura 2.2 - Comportamento de dois genótipos (Gen 1 e Gen 2) em duas condições ambientais (Amb 1 e Amb 2) com interação simples. 18
- Figura 2.3 - Comportamento de dois genótipos (Gen 1 e Gen 2) em duas condições ambientais (Amb 1 e Amb 2) com interação complexa. 19
- Figura 4.1 - Biplots AMMI com os três primeiros componentes principais (PC1, PC2 e PC3), correspondentes a 47 cultivares de milho avaliadas nos 46 ambientes durante as safras 2013/14 e 2014/15. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e, em vermelho (E_), os ambientes avaliados. 36
- Figura 4.2 - Biplots AMMI com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondentes a 47 cultivares de milho avaliadas nos 46 ambientes durante as safras 2013/14 e 2014/15. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e, em vermelho (E_), os ambientes avaliados. 37
- Figura 4.3 - GGE-Biplots com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondentes a 47 cultivares de milho avaliadas nos 46 ambientes durante as safras 2013/14 e 2014/15. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e, em vermelho (E_), os ambientes avaliados. 39

LISTA DE TABELAS

Tabela 3.1 - Resumo da amostragem de ambientes, entre os anos agrícolas de 2013/14 e 2014/15, para os ensaios de VCU de variedades de milho, coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo.....	24
Tabela 3.2 - Tipos e números de cultivares de milho avaliados entre as safras 2013/14 e 2014/15, nos ensaios de VCU de variedades coordenadas pela Embrapa Milho e Sorgo.....	24
Tabela 4.1 - Taxa de renovação (TR), considerando o número total de genótipos (NTG) e os genótipos novos (GN) avaliados em cada ano para dados de VCU de variedades coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo nas safras em estudo.	30
Tabela 4.2 - Distâncias euclidianas dos genótipos estimadas no AMMI, genótipos introduzidos na safra 2014/15 (GI), distâncias euclidianas (DE), genótipos mantidos na safra 2014/15 e genótipos excluídos (GE) na safra 2014/15.....	31
Tabela 4.3 - Distâncias euclidianas dos genótipos estimadas no AMMI em três dimensões, Genótipos introduzidos (GI) na safra 2014/15 distâncias euclidianas (DE), genótipos mantidos (GM) na safra 2014/15 e genótipos excluídos (GE) na safra 2014/15.	32
Tabela 4.4 - Distâncias euclidianas dos genótipos estimadas no GGE considerando dois parâmetros estabilidade e produção, Genótipos introduzidos (GI) na safra 2014/15 distâncias euclidianas (DE), genótipos mantidos (GM) na safra 2014/15 e genótipos excluídos (GE) na safra 2014/15.	33

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	9
2.	REFERÊNCIAL TEÓRICO	12
2.1	A cultura do milho no Brasil	12
2.2	Progresso genético	13
2.3	Interação Genótipos x Ambientes	16
2.4	Estabilidade de produção	20
3.	MATÉRIAL E MÉTODOS	23
3.1	Locais de condução dos experimentos	23
3.2	Modelos estatísticos e estimação dos parâmetros	24
3.2.1	Análise de primeiro estágio	24
3.2.2	Construção dos Biplots	25
3.2.2.1	Biplot do modelo AMMI	25
3.2.2.2	Biplot do modelo GGE	26
3.2.3	Estimação de parâmetros	27
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
4.1	Progresso genético	29
4.2	Estabilidade de produção	34
5.	CONCLUSÃO	42
	REFERÊNCIAS	43
	ANEXOS	48

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays*) é uma gramínea que pertence à família Poaceae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L., foi o principal cultivo de importantes civilizações, como a dos astecas, maias e incas. É considerada uma espécie politípica, pois apresenta características que permitem seu cultivo em praticamente todos os continentes, com genótipos adaptados ao cultivo comercial desde a latitude 58° N até 40° S e nível do mar até 3800 metros de altitude (LIMA e BORÉM, 2018).

O milho é considerado uma das mais importantes e antigas culturas agrícolas. Tem origem nas Américas, e representa um produto estratégico para a segurança alimentar da população mundial. O seu uso na alimentação animal representa a maior parte do consumo no mundo, principalmente para a produção de rações. Na alimentação humana, o milho é consumido a partir de seus derivados, mas pode ser consumido sem ter sido processado. Em propriedades com baixa renda, o seu consumo tem importância na subsistência, principalmente em regiões como a do semiárido nordestino, onde o consumo é realizado de forma direta, servindo como fonte de energia diária (ARTUZO et al., 2019).

Os programas de melhoramento de milho permitiram que fossem alcançados sucessos substanciais para os aumentos constantes na produtividade do milho híbrido. Antes do advento do milho híbrido a maior produção em único ano foi de 82 milhões de toneladas produzidas em 40 milhões de hectares, com média de 2 t.ha⁻¹. Desde 1965, a produção de milho tem sido maior do que 110 milhões de toneladas produzidos em menos de 30 milhões de hectares (MIRANDA FILHO; VIEGAS, 1987).

Os progressos genéticos referem-se às alterações observadas nas características de interesse, durante um ciclo de seleção, com a recombinação e multiplicação das unidades selecionadas. Tais modificações ocorrerão em magnitude e sentido variados, dependendo da estratégia e dos critérios de seleção adotados. Assim, uma das atribuições mais importantes do melhorista de plantas é identificar critérios de seleção capazes de promover alterações, no sentido desejado, nas características de interesse dentro de um programa de melhoramento (REIS et al., 2004). As estimativas do progresso genético fornecem uma oportunidade de correlacionar ganhos com os métodos de melhoramento empregados, possibilitando a alteração dos objetivos propostos inicialmente. A interpretação dessas estimativas permite conhecer os avanços que estão sendo obtidos no processo de melhoramento. Assim, torna-se

necessário fazer avaliação permanente da eficiência de um programa de melhoramento conduzido em determinado tempo e região, de modo a facilitar a tomada de decisão pela manutenção ou não das estratégias adotadas no programa ou pela necessidade do estabelecimento de inovações (RIBEIRO; POSSEBON; STORCK, 2003)

No caso do Brasil, uma das instituições que realizam o melhoramento da cultura de milho, é a Embrapa Milho e Sorgo. Os programas desta instituição são contínuos e dinâmicos, e periodicamente lançam cultivares com alguma característica agrônômica superior em relação às já disponíveis no mercado (ARIAS; RAMALHO, 1998). Entretanto, sempre é necessário realizar estudos de modo a se aferir a estabilidade de produção das cultivares, o que permite verificar se os novos materiais lançados são mais estáveis em relação aos materiais já disponíveis no mercado, proporcionando um progresso genético efetivo.

A estabilidade de produção pode ser dividida em dois tipos principais: estabilidade no sentido biológico e agrônômico. A estabilidade no sentido biológico (estático) refere-se à capacidade de os genótipos manterem produção constante em diferentes ambientes, com baixa variação entre eles, ou seja, os genótipos exibem "homeostase". A estabilidade no sentido agrônômico (dinâmico) indica que o genótipo responde positivamente a melhorias nas condições edafoclimáticas do meio ambiente e pode produzir acima da média em diferentes locais (BECKER, 1981).

De acordo com Cruz; Souza e Carneiro (2006), a quantificação dos ganhos genéticos sempre foi interesse dos pesquisadores, com vista a aferir se os novos materiais genéticos, desenvolvidos nos programas de melhoramento, apresentam-se vantajosos, em relação às cultivares padrões amplamente utilizados pelos agricultores.

A estimação do ganho genético é influenciada pelas interações genótipos x ambientes. Conseqüentemente, a avaliação dos materiais é dificultada, bem como a sua recomendação para cada região, uma vez que a estrutura genética das populações é mascarada, fazendo com que os ganhos preditos para um ambiente não se verifiquem nos outros ambientes (GRANATE; CRUZ; PACHECO, 2015). Assim, Ramalho et al. (2012b) consideram que uma forma de aproveitar essa interação é identificar os genótipos com alta capacidade de produção e estabilidade fenotípica nos diferentes ambientes de cultivo.

De modo geral, dois tipos de métodos têm sido utilizados para a estimação de ganhos genéticos em programas de melhoramento vegetal no decorrer dos anos. O primeiro consiste na avaliação simultânea de cultivares antigas e recentes, em ensaios de campo, seguido por

uma análise de regressão dos valores fenotípicos em uma função do ano de lançamento das cultivares. O segundo método consiste numa meta-análise de dados históricos de uma série de ensaios de campo, normalmente, realizada com o objetivo de testar o valor de cultivo e uso (VCU) de genótipos candidatos para a liberação comercial (BRESEGHELLO et al., 2011). Na literatura existe pouca informação quanto à estimação do ganho de seleção em estabilidade de produção. Muitos autores limitam-se a estudar os ganhos de seleção em produtividade de grãos, como pode ser observado em estudos realizados por Vencosvsky et al. (1988), Arias e Ramalho (1998), Breseghello; Rangel e Moraes (1999), Faria et al. (2009), dentre outros.

Assim, o presente trabalho tem como objetivo estimar o progresso genético em estabilidade de produção de variedades de milho avaliados em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) coordenados pela Embrapa nos anos agrícolas 2013/14 e 2014/15.

2. REFERÊNCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura do milho no Brasil

O milho (*Zea mays* L.) é o terceiro cereal mais produzido no mundo em termos de área plantada e produção global, atrás do trigo e do arroz. O maior produtor desta cultura são os Estados Unidos da América, responsáveis por cerca de 36,3 % da produção. No Brasil o milho é o segundo cereal mais cultivado, e os principais estados produtores são Mato Grosso (30,7%), Paraná (17,1%), Goiás (10,5%), Mato Grosso do Sul (10,4%), e Minas Gerais (7,1%) (IBGE, 2019).

Segundo a Conab (2019) a área total plantada com a cultura de milho é de 17,3 milhões de hectares, dos quais cerca de 29% são de milho de primeira safra e 71% de segunda safra (milho safrinha). A produção nas duas safras foi de 98,5 milhões de toneladas, cerca de 26,2 milhões na primeira e 72,3 milhões na segunda safra.

Os dados do IBGE indicam que no estado de Minas Gerais a área total plantada de milho em 2019 é aproximadamente 1,08 milhões de hectares, com uma produção de 6,6 milhões de toneladas. Neste estado as regiões de maior produção são Alto Paranaíba (22,63%), Sul de Minas (19,71%), Triângulo (18,58%), Noroeste de Minas (17,01%) e a região central (8,18%).

O milho é um dos principais cereais agrícolas, sendo caracterizado como produto estratégico para a segurança alimentar. Na alimentação animal, em muitos casos, é a principal matéria-prima na produção de rações, destinadas para diversos segmentos, como na avicultura, na suinocultura e na bovinocultura (ALVES; AMARAL, 2011). No Brasil, cerca de 70 a 80% do milho produzido é consumido na cadeia produtiva de suínos e aves (BORÉM; RIOS, 2011)

Como alimento humano é um importante componente da alimentação da população de muitos países, principalmente da África e da América Central. É usado como insumo para a produção de grande variedade de gêneros alimentícios e produtos industriais (BORÉM; ALMEIDA, 2011).

Devido às características de alto rendimento de massa verde por hectare, relativa facilidade de fermentação em silos e boa aceitação na alimentação animal, torna-se uma cultura de preferência na produção da silagem (GOMES et al., 2002). Os rendimentos da

cultura são afetados por fatores ambientais, locais e pelo nível das técnicas básicas de produção.

No Brasil, o milho tem sido cultivado em diferentes condições de ambiente, desde regiões frias até em regiões quentes, com baixas altitudes e latitudes, gerando diferentes potenciais de produtividade. Portanto, os crescentes aumentos na produção e na produtividade do milho estão mais relacionados ao uso de tecnologias que ao aumento de área de plantio. Nesse contexto, devem-se considerar as melhorias nas práticas agrícolas, como a maior aplicação de nutrientes via adubações de plantio e de cobertura, a utilização de métodos mais eficientes para controle de plantas daninhas, pragas e doenças, e a utilização de cultivares melhoradas com elevado potencial produtivo.

O melhoramento genético tem contribuído significativamente para o aumento da produção do milho. Por exemplo, no Brasil, o aumento nos últimos 31 anos foi de 1.618 kg.ha⁻¹. A escolha da cultivar mais adequada é um aspecto fundamental para o estabelecimento de um sistema de produção mais eficiente. A eficiência na escolha de materiais genéticos pode ser implementada pela observação de um conjunto de informações para a cultura dentro de cada região. Dentre essas informações, as seguintes características devem ser observadas: adaptação à região; estabilidade de produção; resistência ao acamamento de colmo e de raiz; ciclo e características dos grãos (COELHO; CRUZ; PEREIRA FILHO, 2003)

2.2 Progresso genético

O progresso genético é um aspecto de fundamental importância em programas de melhoramento (BARBOSA NETO et al., 2000). Refere-se às alterações observadas nas características de interesse, durante um ciclo de seleção, ou em sucessivos ciclos de seleção, com a recombinação e multiplicação das unidades selecionadas.

Tais modificações ocorrerão em magnitude e sentido variados, dependendo da estratégia e dos critérios de seleção adotados. Assim, uma das atribuições mais importantes do melhorista de plantas é identificar critérios de seleção capazes de promover alterações no sentido desejado nas características de interesse dentro de um programa de melhoramento (REIS et al., 2004).

Sua estimação fornece uma oportunidade de correlacionar ganhos com os métodos de melhoramento empregados, possibilitando a alteração dos objetivos propostos inicialmente. A

interpretação das estimativas do progresso genético permite o conhecimento dos avanços que estão sendo obtidos. Assim, a avaliação permanente da eficiência de um programa de melhoramento conduzido durante determinado tempo numa região faz-se necessária para a decisão pela manutenção das estratégias que estão sendo adotadas no programa ou pela necessidade do estabelecimento de inovações (RIBEIRO; POSSEBON; STORCK, 2003).

A quantificação dos avanços tecnológicos conseguidos para a cultura do milho é, sem dúvida, de grande importância. Através dela consegue-se, entre outros aspectos, avaliar o retorno das atividades de pesquisa e geração de tecnologia, e têm-se subsídios para traçar estratégias necessárias para sanar inadequações por ventura existentes (VENCOSVSKY et al., 1988).

Diferentes métodos já foram desenvolvidos para quantificar o progresso genético em programas de melhoramento vegetal. Um deles é o método direto que envolve a comparação em experimentos entre as cultivares primitivas e as recentemente recomendadas. Este método possui o inconveniente de exigir a condução de um ensaio apenas com essa finalidade em vários locais, e ainda necessita que os materiais mais antigos estejam armazenados, ou seja, ressintetizados sem que sua constituição genética seja alterada, onerando o processo (ARIAS; RAMALHO, 1998).

Para contornar o problema de execução de experimentos para quantificar o progresso genético, foi proposto um procedimento por Vencosvsky et al. (1988), que utiliza resultados dos ensaios de avaliação de cultivares, conduzido por vários anos, permitindo a obtenção da estimativa do progresso genético.

Considerando que nesses ensaios alguns cultivares são substituídos periodicamente por outras supostamente melhores, pode-se avaliar a eficiência em função da superioridade genética das cultivares presentes nos ensaios em determinado ano em relação às dos anos anteriores. A metodologia de Vencosvsky et al. (1988) vem sendo utilizado em trabalhos que estimam a contribuição do melhoramento genético aplicado em diferentes condições brasileiras para várias culturas. Os autores desta metodologia obtiveram um ganho genético médio anual de 2,2% para populações e de 1,7% para os híbridos comerciais, num estudo feito abrangendo 20 anos estimados para a cultura do milho.

A mesma metodologia foi usada para avaliar os dados de experimento de algodão herbáceo no Nordeste, no período de 1976 a 1994, obtendo um progresso genético de 1,03% ao ano para rendimento de algodão caroço (CARVALHO et al., 1997). Na cultura de feijão

Fonseca Jr (1997) obteve estimativas de ganho genético médio anual superior a 1,5% ao ano. Arias e Ramalho (1998) obtiveram 1,2% de progresso genético anual para a cultura do milho no Mato Grosso do Sul.

Nesta metodologia, a diferença entre a produtividade média dos tratamentos comuns, a cada par de anos, é utilizada para estimar o efeito do ano. O avanço genético anual é obtido pela diferença entre a produtividade média dos genótipos não comuns de um ano e a do outro ano imediatamente inferior, excluindo-se o efeito do ano (ATROCH; DE SOUSA NUNES, 2000).

Fernandes (1988) propôs uma modificação no método de Vencosvsky et al. (1988) para estimar o desvio ambiental médio anual por local utilizando o método de quadrados mínimos ponderados. Esta modificação visava evitar a perda de informações, pois no método original, ao se efetuar a estimativa do desvio genético médio, as médias dos tratamentos dos anos intermediários se cancelavam. Desta forma, restam apenas o primeiro e o último ano para o cálculo da estimativa. Esta modificação também tinha por objetivo eliminar a correlação dos erros experimentais entre anos consecutivos.

Faria et al. (2009) utilizou essa metodologia para estimar o ganho genético em feijão num período de 14 anos, obtendo um progresso genético de aproximadamente 0,7% ao ano. Toledo et al. (1990), utilizando os resultados dos experimentos intermediários da rede oficial de experimentação de soja do Estado de Paraná, obtiveram uma estimativa de 1,8% em relação às linhagens precoces e 1,3% para semiprecoces.

Outra metodologia foi proposta por Arias e Ramalho (1998). Usando também dados dos experimentos regionais de avaliação de linhagens e cultivares, consiste basicamente em quatro passos: a) análise conjunta da série de dados dos experimentos regionais através de um modelo linear generalizado de forma a obter médias ajustadas dos genótipos e a matriz de covariância destas médias; b) para o grupo de genótipos avaliados em cada ano, calcula-se a média aritmética das médias ajustadas obtidas na análise conjunta; c) comparação direta dos anos, conforme as médias aritméticas obtidas; e d) estimativa de um ganho genético médio, por regressão, em que aplica-se o método de mínimos quadrados generalizados e é calculada uma estimativa ponderada do ganho genético médio no período (BRESEGHELLO; RANGEL; MORAIS, 1999).

Breseghele (1995) estimou um ganho por ciclo de 0,77% para produtividade de grão ao avaliar o programa de melhoramento de arroz irrigado conduzido na região Nordeste do Brasil.

2.3 Interação Genótipos x Ambientes

As interações de genótipos com ambientes (GxE) trazem aos melhoristas dificuldades na identificação de genótipos superiores, seja por ocasião da seleção, seja no momento da recomendação de cultivares (OLIVEIRA, et al., 2003).

A interação genótipos por ambientes caracteriza-se pela inconsistência na resposta das diferentes linhagens, híbridos ou raças em diferentes locais, ou seja, cada genótipo apresenta uma resposta específica às alterações que ocorrem nos ambientes (RAMALHO et al., 2012b).

Um dos grandes problemas que se tem enfrentado é que, quando os genótipos são postos a competir em vários ambientes, a classificação relativa entre eles pode não ser coincidente, o que dificulta de forma substancial a identificação daqueles efetivamente superiores (RIBEIRO et al., 2000). Isto é, uma cultivar pode ser a mais produtiva em um ambiente e apresentar desempenho inferior às demais em outro.

Por exemplo, o crescimento de uma espécie em solos de alta fertilidade pode ser limitado pela capacidade de absorção do sistema radicular, ao passo que em condições de baixa fertilidade o crescimento pode ser atribuído à eficiência na utilização dos nutrientes, o que resulta no desempenho diferenciado dos genótipos (BORÉM; MIRANDA; NETO, 2007).

Os estresses bióticos e interações entre estes e/ou com fatores abióticos são de grande relevância no estudo de interação GxE, mas até então pouco estudados. Dentre os fatores bióticos, entre os que podem causar a interação GxE destacam-se a capacidade de absorção, transporte e uso de nutrientes, competição entre os genótipos, eficiência no uso da água, nutrientes e radiação. Dentre os abióticos, pode-se ressaltar a resposta a choques térmicos, estresse oxidativo e estresses relativos ao solo (como acidez, deficiência nutricional ou salinidade) e estresse hídrico (SQUILASS, 2003).

A resposta dos genótipos em relação à variação dos ambientes pode ser dividida em dois tipos: previsíveis e imprevisíveis. A categoria dos fatores previsíveis enquadra todos os caracteres permanentes do ambiente, tais como as características gerais do clima, do tipo do solo e as características do ambiente que flutuam de forma sistemática, como o fotoperíodo. Incluem também os aspectos do ambiente que são determinados pelo homem e, portanto, pode

ser fixado mais ou menos à vontade, como a data de plantio, densidade de semeadura, método de preparo do solo, colheita, entre outros. Os fatores imprevisíveis incluem flutuações no clima, como quantidade e distribuição de chuvas, temperatura e outros fatores climáticos não previsíveis (ALLARD; BRADSHAW, 1964). De acordo com os mesmos autores, a distinção entre essas duas categorias nem sempre é clara, e as características incluídas vão variar de cultura para cultura. No entanto, as diversas classificações que podem ser aplicadas não devem mascarar a diferença essencial entre as duas categorias, isso porque elas têm impactos distintamente diferentes, não apenas em procedimentos operacionais nas fases de seleção de programas, mas também em estágios de teste.

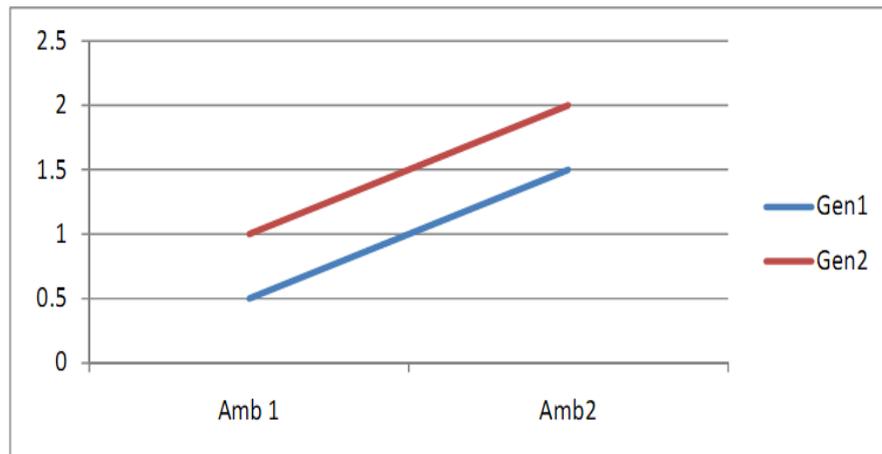
A relação entre fenótipo e genótipo pode ser alterada de acordo com o ambiente, de dois modos principais, que não são mutuamente excludentes, a saber: i) a magnitude da variação (diferença) entre os genótipos e ii) o ranking dos fenótipos devido aos diferentes genótipos.

Considerando a magnitude da variação, esta pode aumentar, permanecer a mesma ou diminuir. Quanto ao ranking, este pode permanecer inalterado ou ser invertido. Neste contexto, pode-se ainda avaliar a direção da modificação provocada pelo efeito ambiental, que pode ser oposta, quando aumenta um fenótipo e reduz outro, ou igual, quando aumenta ou reduz os dois fenótipos. No caso de aumento ou redução de magnitudes diferentes há interação (SQUILASS, 2003).

Para Rosado et al. (2012) a interação entre genótipo e ambiente afeta o ganho com a seleção, daí que torna-se necessário estimar a magnitude e a natureza dessa interação visto que essas estimativas vão possibilitar avaliar o real impacto de seleção e assegurar um maior grau de confiabilidade na recomendação de cultivares para um determinado local ou grupo de ambientes.

A resposta dos genótipos frente a esse tipo de variação pode ser classificada como do tipo simples ou complexa. Como exemplo pode verificar na Figura 2.1 que os genótipos apresentam comportamentos semelhantes nos dois ambientes (Amb 1 e Amb 2). As retas são paralelas, pois as duas cultivares comporta-se de igual modo nos dois ambientes (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). Caracterizando, portanto, um caso específico onde não ocorre interação, pois a diferença de resposta deve-se exclusivamente à diferença entre ambientes e a recomendação do melhor genótipo é a mesma para ambos.

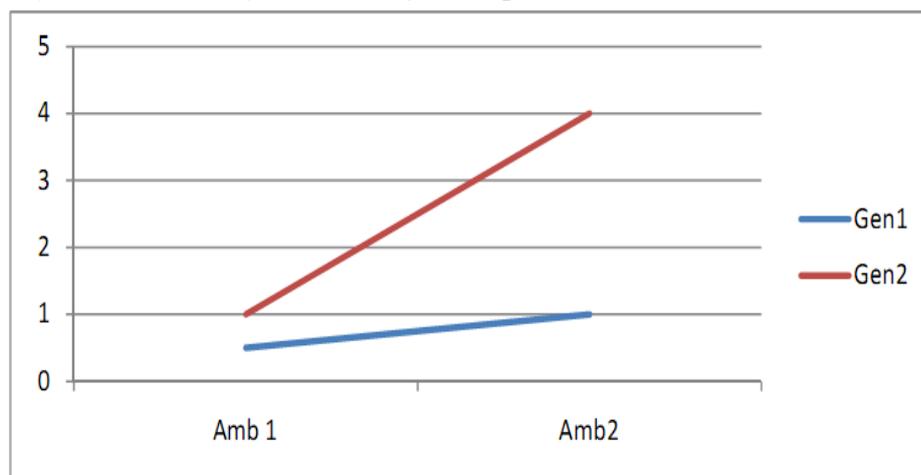
Figura 2.1 - Comportamento de dois genótipos (Gen1 e Gen2) em duas condições ambientais (Amb1 e Amb2) com ausência de interação.



Outro exemplo pode ser observado na Figura 2.2, onde a resposta dos dois genótipos (Gen 1 e Gen 2) é diferente nos dois ambientes, ou seja, Gen 1 tem resposta mais acentuada à melhoria do ambiente. Neste caso, porém, ocorre interação com ambientes, mas que não ocasiona grandes problemas com a seleção, pois a classificação dos genótipos nos dois ambientes não é alterada e, por esta razão, é denominada de interação simples.

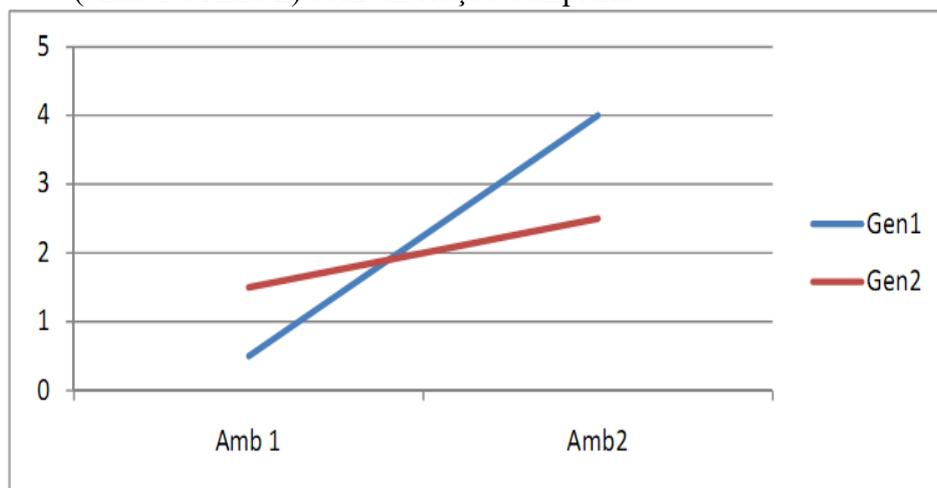
Para Kang (2002) a interação do tipo simples pode ser explicada pelo fato dos genótipos serem geneticamente heterogêneos e os ambientes de teste ser mais ou menos homogêneo ou que os genótipos são geneticamente homogêneos, mas ambientes são heterogêneos.

Figura 2.2 - Comportamento de dois genótipos (Gen 1 e Gen 2) em duas condições ambientais (Amb 1 e Amb 2) com interação simples.



A interação do tipo complexa, representada na Figura 2.3, ocorre quando a correlação entre o desempenho dos genótipos ao longo dos ambientes em estudo é baixa. A interação proporciona dificuldades no melhoramento, pois a inconsistência da superioridade do genótipo com relação à variação ambiental, isto é, há genótipos com melhor desempenho em um ambiente, mas não em outros, torna mais difícil selecioná-los e, ou, recomendá-los (CRUZ; CASTOLDI, 1991). Ou seja, há uma inversão significativa na classificação desses genótipos ao longo dos ambientes. Em situações reais, nas quais os melhoristas dispõem de um grande número de genótipos e de ambientes, o mais comum é que ocorram as interações dos tipos simples e complexa em conjunto, das quais esta última é a que mais atrapalha o melhorista, principalmente no momento da recomendação das cultivares.

Figura 2.3 - Comportamento de dois genótipos (Gen 1 e Gen 2) em duas condições ambientais (Amb 1 e Amb 2) com interação complexa.



Se não houvesse interação GxE, uma variedade adaptar-se-ia à maioria dos ambientes de cultivo, de forma que um único ensaio conduzido num só local (ainda com repetições) seria suficiente para fornecer resultados universais. Assim, embora os melhoristas tendam a desenvolver uma atitude negativa contra a interação GxE (barreira às elevadas herdabilidades e ganhos com seleção), deve ser lembrado que interações positivas, associadas com características previsíveis do ambiente, oferecem a oportunidade dos rendimentos mais elevados. Logo, interação não é apenas um problema, mas também uma oportunidade a ser aproveitada (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

A interação tem inúmeras implicações nos trabalhos dos melhoristas, porém na etapa de avaliação de novas cultivares para a recomendação aos agricultores é que sua importância

torna-se mais evidente. Cruz; Carneiro e Regazzi (2014) refere que, apesar de sua importância, a simples análise da interação GxE não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo em várias condições ambientais. Faz-se necessário realizar análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pelas quais é possível a identificação de genótipos com comportamento previsível, que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas.

Entretanto, para que as estimativas dos parâmetros de estabilidade possam ser úteis, as avaliações devem ser realizadas nas condições de ambientes que melhor representam as condições de cultivo prevalecentes (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 1998).

2.4 Estabilidade de produção

A estabilidade pode apresentar diferentes formas de conceituação, as quais diferem quanto aos seus conceitos e procedimentos biométricos de estimação. Em grande parte é relacionada a genótipos que apresentam uma produtividade mais constante independente das condições ambientais e que tem comportamento previsível diante às mudanças do ambiente.

Lima e Borém (2018) afirmam que é de maior interesse para os melhoristas que as plantas cultivadas apresentem, além de alta produtividade, a estabilidade na qualidade e quantidade do produto comercial. Além disso, a planta deve apresentar uma responsividade positiva aos diferentes ambientes, com capacidade de aproveitar as condições favoráveis ou de responder aos fatores ambientais limitantes.

Mariotti et al. (1976), por exemplo, define a estabilidade como sendo a capacidade dos genótipos apresentarem resultados mais constantes nos diversos ambientes, ou seja, menor variação em detrimento das mudanças ambientais. Enquanto que Cruz; Regazzi e Carneiro, (2004) referem-se à estabilidade como sendo a capacidade dos genótipos em apresentarem um comportamento previsível em função do estímulo do ambiente.

Dentre as diversas abordagens conceituais, Becker (1981) diferencia dois tipos de estabilidade: no sentido biológico e no sentido agrônomo. Piepho (1996) refere-se a essas duas categorias como estabilidade estática e dinâmica, respectivamente.

Um genótipo com estabilidade biológica (ou estática) apresenta comportamento constante, independentemente das variações do ambiente, e não apresenta qualquer desvio em relação a seu desempenho. Estatisticamente, sua variância em diferentes ambientes é zero. A estabilidade biológica é quantificada pela variância ambiental que mede os desvios em relação

à média geral de cada genótipo. Esse tipo de estabilidade é desejável para características como resistência a doenças, indeiscência de vagens e resistência ao acamamento (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Já na estabilidade agronômica (ou dinâmica), o genótipo mantém a capacidade de reagir às mudanças na qualidade ambiental, apresentando, normalmente, desempenho paralelo (previsível) ao desempenho médio de todos os genótipos ao longo dos ambientes (PIEPHO, 1996). Essa estabilidade tem sido a preferida, para a maioria dos caracteres quantitativos, pois permite identificar cultivares estáveis e com potencial de se manter entre as melhores em todos os ambientes (RAMALHO et al., 1993).

Lin; Binns; Lefkovitch (1986) definiram três tipos de estabilidade, com base no conceito da regressão linear de respostas de cada cultivar perante a um índice de qualidade ambiental (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSELL, 1966) no qual: tipo 1 é mensurada pela variação na expressão fenotípica do caráter e corresponde a estabilidade no sentido biológico classificada por Becker (1981), em que a cultivar estável é aquela que apresenta pequena variância fenotípica entre os diferentes ambientes ou tendendo a zero; o tipo 2 é medido pelo coeficiente de regressão linear (b_i) e corresponde a estabilidade agronômica, em que a cultivar será estável se o coeficiente de regressão for igual a zero ($b_i = 0$); o tipo 3 a cultivar é considerada estável quando apresentar o quadrado médio do resíduo de regressão baixo, que indica confiabilidade alta do resultado.

Um quarto tipo foi proposto depois por Lin e Binns (1988) em que o genótipo será estável se apresentar um baixo quadrado médio da interação genótipos x anos dentro de cada local.

Existem diversos métodos de análise de adaptabilidade e de estabilidade destinadas à avaliação de grupos de genótipos, testados numa série de ambientes contrastantes (FINLAY; WILKINSON, 1963), (WRICKE, 1964), (EBERHART; RUSSELL, 1966), (LIN; BINNS; LEFKOVITCH, 1986), (LIN; BINNS, 1988), (CRUZ; TORRES; VENCOVSKY, 1989) e (CROSSA, 1990). A escolha de um método de análise depende dos dados experimentais, principalmente no que se refere ao nível de balanceamento dos dados, do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida, do tipo de informação desejada (fenotípica ou genotípica), entre outros. Deve-se também considerar que alguns são alternativos, enquanto outros são complementares, podendo ser utilizados conjuntamente (Cruz et al. 2004).

Os métodos baseados em regressão linear tendem a explicar a variação devido à interação numa única dimensão, simplificando os modelos de resposta, quando na verdade, a interação pode ser bastante complexa. Além disso, esses métodos, de forma geral, não permitem identificar se interações específicas de genótipos com ambientes são positivas ou negativas, dificultando a capitalização dos efeitos positivos da interação (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Crossa (1990) sugere a utilização de métodos multivariados para explorar melhor as informações contidas nos dados, com maior ênfase para o método AMMI o qual vem sendo muito usado nos últimos anos.

A técnica de análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) significa modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa. Este procedimento combina técnicas estatísticas como a análise de variância e a análise de componentes principais para ajustar, respectivamente, os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação GxE (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Para Gauch e Zobel (1997) o método AMMI possibilita identificar genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, assim como na realização do chamado zoneamento agrônomico com fins de recomendações regionalizadas e seleção de locais de teste.

Uma modificação da análise AMMI foi proposta por Yan et al. (2000), na qual denominou por GGE biplot (*Genotype and Genotypy by Environments Interaction*) a qual tem sido bastante utilizado para o estudo da interação (GxE).

A metodologia, GGE biplot, considera o efeito principal de genótipo (G) mais a interação genótipo-ambiente (GE). O modelo GGE explora com mais eficácia a interação genótipos por ambientes, possibilitando maior acurácia à identificação de mega-ambientes. Quando diferentes genótipos estão adaptados a diferentes grupos de ambientes e a variação entre grupos é maior do que dentro do grupo, tem-se a formação de um mega-ambiente, o que torna possível realizar um zoneamento agrônomico e, também, realizar a seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos e a megaambientes, através da informação “Quem Venceu Onde” ou Who Won Where” (BALESTRE et al., 2011; SILVA; BENIN, 2012; YAN; KANG, 2002).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais de condução dos experimentos

Para o presente estudo foram usados dados referentes ao ensaio nacional de valor de cultivo e uso (VCU) de variedades de milho coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo, efetuadas nas safras agrícolas de 2013/14 e 2014/15. Foram analisados no total 46 ambientes, dos quais 24 no primeiro ano e 22 no ano seguinte. A tabela 3.1 mostra os estados e número de ambientes avaliados a cada ano e as respectivas variedades avaliadas a cada ano agrícola. Entre os ambientes analisados 13 foram comuns nas duas safras.

Foram analisados 47 genótipos (Tabela 3.2) das quais consistiram de 33 cultivares de polinização aberta, 1 híbrido simples, 1 híbrido triplo, 1 híbrido duplo, 3 híbridos intervarietais e 8 híbridos topcrosses, onde os híbridos simples, triplos e duplos foram utilizados como testemunhas. Dos 47 genótipos avaliados 18 foram comuns nas duas safras, 17 genótipos foram introduzidos no segundo ano e excluídos 12 genótipos (Anexo 3).

Os ensaios foram montados em delineamento de blocos casualizados, com duas repetições. As parcelas foram compostas por duas linhas de 4 m de comprimento com um espaçamento de 0,80 m.

Para as adubações de base foram aplicados, em média, 400 kg ha⁻¹ da fórmula 8-28-16, perfazendo 32 kg de N, 112 kg de P₂O₅ e 64 kg de K₂O por hectare. Para as adubações de cobertura, foram aplicados, em média, 200 kg ha⁻¹ de ureia, para disponibilização de 90 kg de N, entre os estádios de 4 a 6 folhas completamente desenvolvidas. Para as duas adubações (base e cobertura) foram aplicados 122 kg de N ha⁻¹.

Tabela 3.1 - Resumo da amostragem de ambientes, entre os anos agrícolas de 2013/14 e 2014/15, para os ensaios de VCU de variedades de milho, coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo.

Ano Agrícola	Estados	Nº de Ambientes	Nº de Cultivares
2013/14	AC, AM, CE, GO, MA, MG, MT, PA, PR, RJ, RO,RR,SP	24	30
2014/15	AC, GO, MA, MG, MS, MT, PA, PI, PR, RO, RR, SP	22	35
TOTAL	18	46	47

AC- Acre; AM- Amazonas; CE-Ceará; GO-Goiás; MA- Maranhão; MG-Minas Gerais; MT- Mato Grosso; PA- Pará; PR- Paraná; RJ- Rio de Janeiro; RO- Rondônia; MS- Mato Grosso do Sul; PI- Piauí; RR- Roraima; SP- São Paulo;

Tabela 3.2 - Tipos e números de cultivares de milho avaliados entre as safras 2013/14 e 2014/15, nos ensaios de VCU de variedades coordenadas pela Embrapa Milho e Sorgo

Safra	Var	HS	HD	HT	HI	HTC	Trat
2013/14	25	1	1	1	2	...	30
2014/15	25	1	1	...	1	8	36

Var-Variedades de polinização aberta; HS- Híbrido Simples; HD- Híbrido Duplo; HT-Híbrido Triplo; HI- Híbrido Intervarietal; HTC- Híbrido Topcross; Trat: Total de tratamentos no ano.

3.2 Modelos estatísticos e estimação dos parâmetros

3.2.1 Análise de primeiro estágio

Para a análise dos dados referentes a dois anos num total de 46 ambientes foi utilizado o modelo linear misto (multivariado). Foi feita uma análise conjunta a partir desses dados com base na abordagem de modelos mistos, considerando o seguinte modelo linear:

$$y = X\beta + Zu + e \quad (1)$$

Sendo que \mathbf{Y} é o vetor de observações de parcelas referente a cada ambiente; β e \mathbf{u} são os vetores de efeitos fixos (blocos e locais confundidos com os anos) e aleatórios (de genótipos mais as interações), respectivamente; e é o vetor aleatório de erros; e \mathbf{X} e \mathbf{Z} são as matrizes de incidência para os efeitos fixos e aleatórios, respectivamente. Para esse conjunto de dados, assumiu-se que $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R})$ e $\mathbf{u} \sim N(\mathbf{0}, \Sigma)$.

As soluções de $\hat{\beta}$ e \hat{u} são dados por:

$$\begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + \Sigma^{-1} \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix} \quad (2)$$

Fazendo:

$$C = \begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + \Sigma^{-1} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C_{21} & C_{22} \end{pmatrix}$$

Com algumas manipulações e assumindo $V = ZR^{-1}Z' + \Sigma^{-1}$ os estimadores dos efeitos fixos e aleatórios são dados por:

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y \quad (2)$$

$$\hat{u} = Z'\Sigma V^{-1}(y - Xb) \quad (3)$$

E os componentes de variância são dados por:

$$\sigma^2_{ij} = \frac{[e_i e_j + tr(KC^{(-1)}K)]}{n} \quad (4)$$

Em que: $K = X \parallel Z$

$$\sigma^2_{u_i} = \frac{[u_i u_i + tr(C_{ii}^{-1})]}{n_b} \quad (5)$$

$$\sigma^2_{u_{ij}} = \frac{[u_i u_j + tr(C_{ij}^{-1})]}{n_a} \quad (6)$$

As análises estatísticas foram realizadas pelo procedimento REML/BLUP, em que os componentes de variância são estimados pela máxima verossimilhança restrita (REML) via algoritmo EM (RESENDE; DUARTE, 2007), sendo os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viciada (BLUP).

As análises de estabilidade foram feitas aplicando as metodologias AMMI e GGE Biplot (YAN et al., 2000) aplicadas diretamente a matriz da interação G+GE.

3.2.2 Construção dos Biplots

3.2.2.1 Biplot do modelo AMMI

A representação biplot em modelo AMMI é construída plotando-se os escores ou marcadores de linhas (ou genótipos) $\alpha_{ik}^* = \lambda_k^\ell \alpha_{ik}$ e escores ambientais $\gamma_{jk}^* = \lambda_k^{1-\ell} \gamma_{jk}$ em

relação aos primeiros eixos principais (PCs). Em particular, no biplot AMMI-2 escores genotípicos e ambientais foram plotados em relação aos dois primeiros PC (PC1 e PC2). Para o AMMI foi utilizado à escala usual ℓ e conseqüentemente os escores genotípicos e ambientais têm a mesma unidade (GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008).

Os referidos escores são obtidos com a DVS da matriz de GE. A forma exata DVS é dada por (7) e uma expressão aproximada (8).

$$\mathbf{GE} = \mathbf{USV}^* = \underbrace{(\mathbf{U}\mathbf{S}^{1/2})}_{\tilde{\mathbf{C}}} \underbrace{(\mathbf{S}^{1/2}\mathbf{V}^*)}_{\tilde{\mathbf{L}}^*} = \mathbf{C}\mathbf{H}^* \quad (7)$$

$$\mathbf{GE} = \tilde{\mathbf{C}} \cdot \underbrace{\tilde{\mathbf{L}}^*}_{\tilde{\mathbf{L}}^*} \cdot \tilde{\mathbf{H}}^* \quad (8)$$

O biplot é construído plotando linhas (escores genotípicos) e colunas (escores ambientais) de $\tilde{\mathbf{C}}$ e $\tilde{\mathbf{L}}^*$, respectivamente, para genótipos e ambientes, nos eixos principais. Em (7) \mathbf{U} e \mathbf{V} são as matrizes que possuem em suas colunas os vetores singulares genotípicos e ambientais respectivamente e \mathbf{S} é a matriz diagonal com valores singulares.

O biplot é interpretado a partir das propriedades de produto interno. Assim, pontos afastados da origem, sugerem que genótipos ou ambientes possuem contribuições expressivas para GE (genótipos ou ambientes não estáveis). Ângulos agudos ($\theta < 90^\circ$), entre os pontos sugerem efeitos semelhantes e no caso de escores genotípicos e ambientais, indicam adaptabilidade, enquanto ângulos obtusos ($\theta > 90^\circ$) indicam falta de adaptabilidade. Ângulos retos sinalizam que aquelas combinações específicas não possuem contribuição para o efeito da interação.

3.2.2.2 Biplot do modelo GGE

Dados os resultados dos Blups obtidos usando a equação (3) foi aplicada uma DVS (decomposição em valores singulares) (GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008) à matriz contendo os efeitos de genótipo (G) + a interação GXE. E foram plotados os escores genotípicos $\mathbf{UD}^{1/2}$ (\mathbf{U} e \mathbf{D} que representam as matrizes dos autovetores e autovalores, respectivamente) em Biplots. Dado que o modelo foi ajustado, confundido o efeito do genótipo (G) + a interação GXE, a interpretação do biplot será análoga à do modelo GGE Biplot de Yan et al. (2000), em que PC1 e PC2 representam medidas de adaptabilidade e estabilidade e interpretadas como no modelo GGE.

De forma similar, usando a equação (3) para obter os efeitos do ambiente, foi aplicada uma DVS à matriz dos efeitos do ambiente (E) e plotados os escores ambientais $\mathbf{VD}^{1/2}$ (V e D representam as matrizes dos autovetores e autovalores, respectivamente) no biplot. Com o objetivo de delimitar mega-ambientes e identificar o padrão que ganha (como referenciado acima, a interpretação dada é análoga ao modelo GGE). Foram representados, em mesmo biplot, os escores genotípicos e ambientais.

Para a avaliação gráfica, com relação à adaptabilidade e estabilidade genotípica, foram considerados apenas os dois primeiros eixos principais na representação biplot e o modelo (1) reduz-se então ao conhecido GGE biplot (ou GGE2), como proposto por Yan et al. (2000). Neste procedimento de análise, o primeiro componente principal está relacionado à adaptabilidade genotípica enquanto o segundo diz respeito à estabilidade (interação GxE).

A estratificação dos ambientes foi feita com base nos genótipos vencedores. Isso acontece interligando todos os genótipos que estão nos pontos extremos do gráfico, formando um polígono. Posteriormente, são traçadas linhas perpendiculares a cada lado do polígono, passando pelo ponto de origem e, assim, os ambientes e genótipos são separados em setores. Cada setor representa um estrato ambiental (YAN et al., 2000).

3.2.3 Estimação de parâmetros

Foram estimados:

- a) A Taxa de Renovação (TR):

$$TR(\%) = \frac{GN}{NG} \times 100 \quad (9)$$

GN - Genótipos novos introduzidos no ano

NTG - Número total de genótipos

Os progressos genéticos foram calculados com base em distâncias euclidianas dos genótipos em relação à origem do biplot. Estas distâncias foram obtidas tendo em conta as coordenadas X e Y no sistema cartesiano, em que a coordenada X corresponde ao componente principal 1 (CP1) e Y ao componente principal 2 (CP2), daí foi possível determinar as distâncias utilizando o teorema de Pitágoras, em que toda distância corresponde ao valor da hipotenusa.

b) O Progresso Genético de Introdução (PGI):

$$PGI_{(i+1)} = DEGI_{(i+1)} - DEGM_{(i;i+1)} \quad (10)$$

em que:

$PGI_{(i+1)}$: Progresso genético de introdução no ano $i+1$, para $i=1$ e 2 .

$DEGM_{(i; i+1)}$: Distância euclidiana em relação a origem do biplot dos genótipos mantidos do ano i para o ano $i+1$.

$DEGI_{(i+1)}$: Distância euclidiana em relação a origem do biplot dos genótipos introduzidos no ano $i+1$, para $i=1$ e 2 .

c) O Progresso Genético de Avanço (PGA):

$$PGA_{(i;i+1)} = DEGM_{(i;i+1)} - DEGE_i \quad (11)$$

$PGA_{(i; i+1)}$: Progresso genético de avanço de cultivares do ano i para o ano $i+1$, $i=1$ e 2 .

$DEGM_{(i; i+1)}$: Distância euclidiana em relação a origem do biplot dos genótipos mantidos no i para o ano $i+1$, $i=1$ e 2 .

$DEGE_i$: Distância euclidiana em relação a origem do biplot dos genótipos excluídos no ano i , $i= 1$ e 2

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Quando se considera ensaios de competição de cultivares, como é o caso dos ensaios de VCU, em um grande número de locais, que são geograficamente distantes e em ambientes diversos, a variação ambiental dentro do local de experimentação representa erro experimental e prejudica o poder da experimentação em discriminar os melhores genótipos.

Neste estudo pode-se observar que a variância genética teve maior magnitude em relação à variância ambiental em cerca de 67% dos ambientes, correspondentes a 31 ambientes num total de 46 (Anexo 1). Este resultado permite inferir que na maior parte dos experimentos, o ambiente teve menor influência na produtividade dos genótipos.

As estimativas de componentes de variância são de extrema importância, elas possibilitam estimar a herdabilidade e o ganho genético com a seleção. A herdabilidade pode ser conceituada como a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total. Portanto ela estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (BIGOTO, 1988; RISSI, 1980).

Estudos em milho têm enfatizado a importância desse parâmetro para a eficiência da seleção (BIGOTO, 1988; RISSI, 1980). Muitos trabalhos comparam as estimativas da herdabilidade para média de progênies, obtidas em experimentos de seleção, porém cada população possui valores específicos, sendo que esta estimativa está relacionada com a estrutura genética da população e do ambiente considerado.

No presente estudo a herdabilidade variou de 0,31 para o ambiente 95 a 0,69 para o ambiente 70 evidenciando desta forma a menor influência da variância ambiental na produtividade das cultivares (Anexo 1).

Outro aspecto importante de referir é a heterogeneidade das variâncias residuais observadas, fato que acontece quando se utiliza dados desbalanceados, variando de 0,365 para o ambiente 87 e 2,62 para o ambiente 100, justificando assim, o uso de modelos mistos para a obtenção de valores genótipos.

4.1 Progresso genético

Os ensaios de valor de cultivo e uso de variedades de milho fazem parte das etapas finais de um programa de melhoramento genético. Nesses ensaios as cultivares que não apresentam bom desempenho são excluídas e substituídas por outras supostamente superiores,

que possam proporcionar um progresso genético contínuo. A taxa de renovação ou substituição de cultivares de um ano para o outro permite medir a proporção de novas cultivares incluídos em cada ano nos ensaios, refletindo deste modo o dinamismo de um programa de melhoramento (ARIAS; RAMALHO, 1998).

Durante os anos estudados (2013/14 e 2014/15), verificou-se que, nos ensaios de valor de cultivo e uso de variedades, coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo, a taxa de renovação de cultivares foi de 36,17% (tabela 4.1). Isso significa que 36,17% das cultivares foram substituídas por outras novas, enquanto 63,83% das cultivares foram mantidas, garantindo desde modo o dinamismo e precisão na avaliação do progresso genético pelo programa de melhoramento.

Este resultado é inferior quando comparado com os valores encontrados por outros autores, como é o caso de Arias e Ramalho (1998) que encontraram uma taxa de 55,7%, Vencovsky, et al. (1986) 61% na cultura de milho, Carvalho, et al. (1997) 45%, na cultura de algodão.

Tabela 4.1 - Taxa de renovação (TR), considerando o número total de genótipos (NTG) e os genótipos novos (GN) avaliados em cada ano para dados de VCU de variedades coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo nas safras em estudo.

Safras	NTG	GN	TR%
2013/14	30
2014/15	35	17	36,17

De um total de 47 genótipos avaliados nos dois anos, foram excluídos de um ano para o outro 12 genótipos, introduzidos 17 novos genótipos e mantidos 18 genótipos. Portanto, quando se compara a média das distâncias euclidianas dos genótipos mantidos com relação à média das distâncias euclidianas dos genótipos excluídos (Tabela 4.2), observa-se a superioridade dos genótipos que permaneceram no ensaio em relação aos retirados, por sua vez os genótipos introduzidos de um ano para o outro foram superiores em relação aos excluídos, entretanto estes foram inferiores quando comparados com os genótipos mantidos.

Tabela 4.2 - Distâncias euclidianas dos genótipos estimadas no AMMI, genótipos introduzidos na safra 2014/15 (GI), distâncias euclidianas (DE), genótipos mantidos nasafra2014/15 e genótipos excluídos (GE) na safra 2014/15.

GI	DE	GM	DE	GE	DE
G62	0,180	G108	0,229	G116	0,157
G144	0,277	G110	0,274	G131	0,227
G115	0,295	G128	0,308	G105	0,406
G143	0,338	G80	0,378	G137	0,506
G102	0,359	G114	0,392	G111	0,559
G78	0,445	G109	0,413	G86	0,565
G70	0,576	G46	0,425	G42	0,762
G142	0,615	G134	0,497	G140	0,929
G152	0,717	G118	0,636	G141	1,005
G151	0,826	G58	0,648	G139	1,219
G148	0,843	G106	0,651	G136	1,470
G145	0,892	G48	0,744	G130	1,903
G113	0,974	G67	0,809		
G147	1,032	G120	0,844		
G149	1,080	G87	0,926		
G146	1,197	G129	0,967		
G150	1,220	G51	0,101		
		G138	1,470		
Médias	0,698		0,651		0,809

O progresso genético de introdução obtido no período em estudo foi de 0,047, o que representa um ganho genético percentual de 6,78 %. No entanto, Uate et al. (2019) observou ausência de ganho genético de introdução quando avaliou os mesmos genótipos quanto à produtividade, tendo obtido uma estimativa de -178 kg.ha^{-1} . Relacionando o progresso genético de introdução em estabilidade obtido neste estudo e o progresso genético de introdução em produtividade obtida por Uate et al. (2019) concluiu-se que em média os genótipos introduzidos apresentaram uma boa estabilidade, mas foram menos produtivos.

O Progresso genético de avanço (PGA) indica o ganho de seleção que se obtém avaliando-se pares de ano. O progresso de avanço obtido foi de -0,158, correspondendo a um ganho percentual de -24,34%, indicando eficiência do programa em avançar com genótipos estáveis. Portanto, Uate et al. (2019) observou ausência de ganho de seleção de avanço em produtividade nos dois anos em estudos.

De um modo geral relacionando o progresso genético de avanço quanto à estabilidade e produtividade pode-se concluir que programa foi eficiente em avançar com genótipos estáveis e ineficiente em avançar com genótipos produtivos.

Tabela 4.3 - Distâncias euclidianas dos genótipos estimadas no AMMI em três dimensões, Genótipos introduzidos (GI) na safra 2014/15 distâncias euclidianas (DE), genótipos mantidos (GM) na safra 2014/15 e genótipos excluídos (GE) na safra 2014/15.

GI	DE	GM	DE	GE	DE
G113	1,213	G129	1,060	G140	0,852
G78	1,306	G48	1,077	G141	0,942
G70	1,350	G138	1,086	G86	1,145
G115	1,487	G58	1,132	G42	1,237
G142	1,537	G46	1,355	G105	1,586
G144	1,546	G134	1,371	G116	1,597
G102	1,624	G80	1,487	G111	2,848
G62	1,747	G51	1,490	G131	2,915
G143	1,995	G67	1,535	G137	2,107
G148	2,332	G110	1,562	G139	2,595
G152	2,420	G114	1,703	G136	2,821
G151	2,448	G108	1,844	G130	3,606
G145	2,505	G128	1,930		
G149	2,558	G118	1,937		
G150	2,638	G109	1,972		
G147	2,733	G120	1,998		
G146	2,979	G106	2,189		
		G87	2,648		
Médias	2,025		1,632		1,854

De acordo com Duarte e Vencovsky (1999), afirmam que a metodologia AMMI é particularmente interessante quando os dois primeiros componentes principais explicam a maior parte da variação, valor esse que deve estar próximo de 70%, caso contrário devem permanecer mais componentes. Tendo observado que o AMMI em duas dimensões explicou 47,42% da variação, buscou-se calcular os progressos genéticos com base em três dimensões tendo este explicado 58,93% da variação, como pode ser observado na Figura 4.1.

Observando as médias das distâncias euclidianas dos genótipos em relação à origem obtidos pelo método AMMI em três dimensões (Tabela 4.3), constata-se que o programa foi

eficiente na manutenção e exclusão de genótipos estáveis, porém foi ineficiente na introdução de genótipos estáveis.

O progresso genético de introdução e de avanço calculado em três dimensões foi de 0,392 e -0,222, o que corresponde a um percentual de 19% e -13% respectivamente. Quando comparado com os progressos calculados em duas dimensões constata-se que houve maior ganho de introdução quando usado o método AMMI em duas dimensões (6,78%) e o maior ganho em avançar com genótipos estáveis em pares de ano foi obtido pelo método AMMI em três dimensões (-13%).

Tabela 4.4 - Distâncias euclidianas dos genótipos estimadas no GGE considerando dois parâmetros estabilidade e produção, Genótipos introduzidos (GI) na safra 2014/15 distâncias euclidianas (DE), genótipos mantidos (GM) na safra 2014/15 e genótipos excluídos (GE) na safra 2014/15.

GI	DE	GM	DE	GE	DE
G147	0,191	G87	0,890	G130	0,969
G146	0,369	G128	0,938	G139	1,108
G152	0,500	G106	1,454	G136	1,127
G149	0,796	G114	1,540	G137	1,252
G148	0,947	G118	1,615	G131	1,366
G145	1,070	G108	1,716	G111	1,865
G151	1,177	G110	1,783	G105	2,049
G150	1,187	G109	1,802	G86	2,075
G143	1,290	G120	2,030	G116	2,119
G102	1,404	G46	2,225	G141	3,093
G115	1,782	G58	2,390	G42	3,148
G62	2,041	G67	2,462	G140	3,503
G142	2,084	G51	2,498		
G170	2,134	G48	2,614		
G144	2,193	G134	2,768		
G113	2,512	G80	2,799		
G78	2,620	G138	2,807		
		G129	3,235		
Médias	1,429		2,087		1,973

Procurou-se também buscar estimativas dos progressos genéticos pelo método GGE, visto que este método tem a particularidade de explicar maior proporção da soma de quadrados da interação em comparação ao método AMMI. No entanto, observa-se pela tabela

4.5 que os genótipos introduzidos foram os mais estáveis, porém o descarte dos genótipos não foi bem efetivo na medida em que estes foram melhores em relação aos mantidos.

No entanto, o progresso genético de introdução foi de -0,657, o que corresponde a uma percentagem de 46%. A ausência de ganho de seleção de introdução observada por este método pode ser justificada pela manutenção nos ensaios de 18 genótipos que tiveram maior contribuição para a interação (instáveis), pois se esperava a manutenção de genótipos estáveis e exclusão de genótipos instáveis. Este resultado é semelhante ao encontrado por Uate et al. (2019), tendo constado ausência de ganho genético de introdução quando avaliou os mesmos genótipos quanto à produtividade. Portanto relacionando os dois estudos pode-se concluir que o programa foi ineficiente em selecionar genótipos estáveis assim como genótipos produtivos.

Uma menor eficiência relativa para ganho previsto com a seleção de genótipos foi também constatada por Zavala-Garcia, Bramel-Cox e Eastin (1992), quando estudaram o ganho potencial da seleção para estabilidade de rendimento em duas populações de sorgo gramíneo.

O progresso genético de avanço foi de 0,114 correspondentes a uma percentagem de 5,47%. É interessante salientar que a magnitude das estimativas do progresso genético de avanço em pares de ano não diferiu tanto quando usado as duas metodologias, AMMI e GGE, assim através dessas estimativas pode se inferir que o programa de melhoramento de milho e sorgo da Embrapa foi eficiente em avançar com genótipos estáveis.

De uma forma geral, existem, na literatura, estimativas de ganhos genéticos para produção de grãos em milho como é o caso de estudos feitos por, Vencosvsky et al. (1988), Arias e Ramalho (1998), Breseghello; Rangel e Morais (1999), Faria et al. (2009), porém são escassos trabalhos que estimam os ganhos genéticos em estabilidade de produção, o que dificulta de certa forma fazer as comparações.

4.2 Estabilidade de produção

O potencial produtivo de um cultivar é um dos primeiros aspectos considerados pelos agricultores. No entanto, cultivares estáveis são aqueles que, ao longo dos anos e dentro de determinada área geográfica, têm menor oscilação de produção, respondendo de forma previsível à melhoria do ambiente (anos mais favoráveis) e não tendo grandes quedas de produção nos anos desfavoráveis (FRITSCHÉ NETO; MÔRO, 2015)

A média geral dos genótipos avaliados neste estudo foi de 6236,5 kg.ha⁻¹ (Anexo 5). Dos 47 genótipos avaliados 18 apresentaram produção média maior que a média geral dos ensaios, dentre os quais 10 são variedades de polinização aberta, 3 híbridos topcross, 2 híbridos intervarietais e os restantes 3 correspondentes aos híbridos duplos, triplos e simples usados como testemunhas. O destaque foi para os genótipos HTCMS707 e 2E530 que foram os mais produtivos com produção médias de 8123 e 7535 kg.ha², aliados ao fato de apresentarem intervalos de confiança com valores positivos.

Para Duarte e Vencovsky (1999) genótipos e ambientes estáveis (com pequena contribuição para $SQ_{G \times E}$) são aqueles cujos os pontos situam-se próximos a origem, ou seja com escores praticamente nulos para os dois eixos da interação (PCA1 e PCA2).

Constata-se, portanto que os genótipos estáveis foram G116 (Sint 10723), G62 (Sintético 256 L), G108 (Sint 10697), G131 (AL 2010), e G144 (AL2014) apresentando baixa contribuição para a interação, o que pode ser evidenciado pela proximidade a origem do gráfico (Figura 4.1). Trata-se, portanto de variedades de polinização aberta, entre estes se destaca o G116 (Sint 10723) por ser o que apresentou maior estabilidade.

Em contrapartida os genótipos que mais contribuíram para a interação foram os genótipos G150 (HTCMS707), G130 (2K1265) e G136 (3H842), sendo estes classificados como genótipos instáveis. Trata-se, no entanto de híbrido topcross, híbrido intervarietal e híbrido triplo respectivamente. De referir que o híbrido triplo foi usado como testemunha e foi o mais instável de todos os genótipos avaliados.

De uma forma geral quase todos híbridos avaliados quando comparados com as variedades foram os que apresentaram maior contribuição para a interação (instáveis), portanto estes resultados estão de acordo com o referido por Fritsche Neto e Môro (2015) quando afirmam que as variedades de polinização aberta apresentam maior estabilidade de produção e variabilidade genética em relação aos híbridos, podendo destacar como exemplo as variedades Sint 10723, Sintético 256 L, Sint 10697, AL2014 e AL 2010 que apresentaram maior estabilidade.

Como, para fins de recomendação de cultivares, genótipos estáveis devem também apresentar desempenho desejável, o que é avaliado por suas médias, conclui-se, portanto que os genótipos G116 (Sint 10723) e G144 (AL2014) são os mais promissores para esse fim, com produtividade média de 6018 e 5583 kg.ha⁻¹ respectivamente.

Figura 4.1 - Biplots AMMI com os três primeiros componentes principais (PC1, PC2 e PC3), correspondentes a 47 cultivares de milho avaliadas nos 46 ambientes durante as safras 2013/14 e 2014/15. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e, em vermelho (E_), os ambientes avaliados.

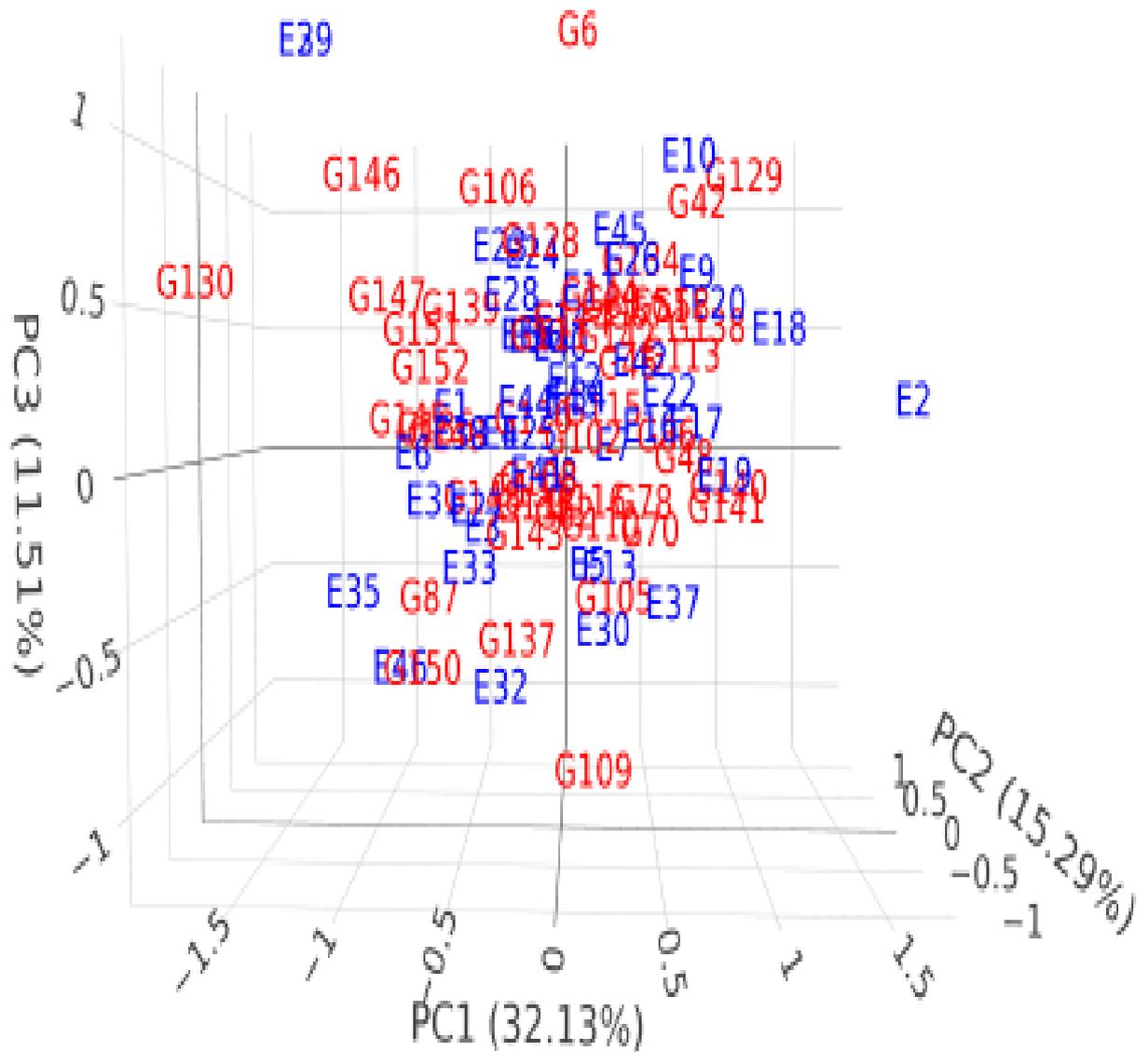
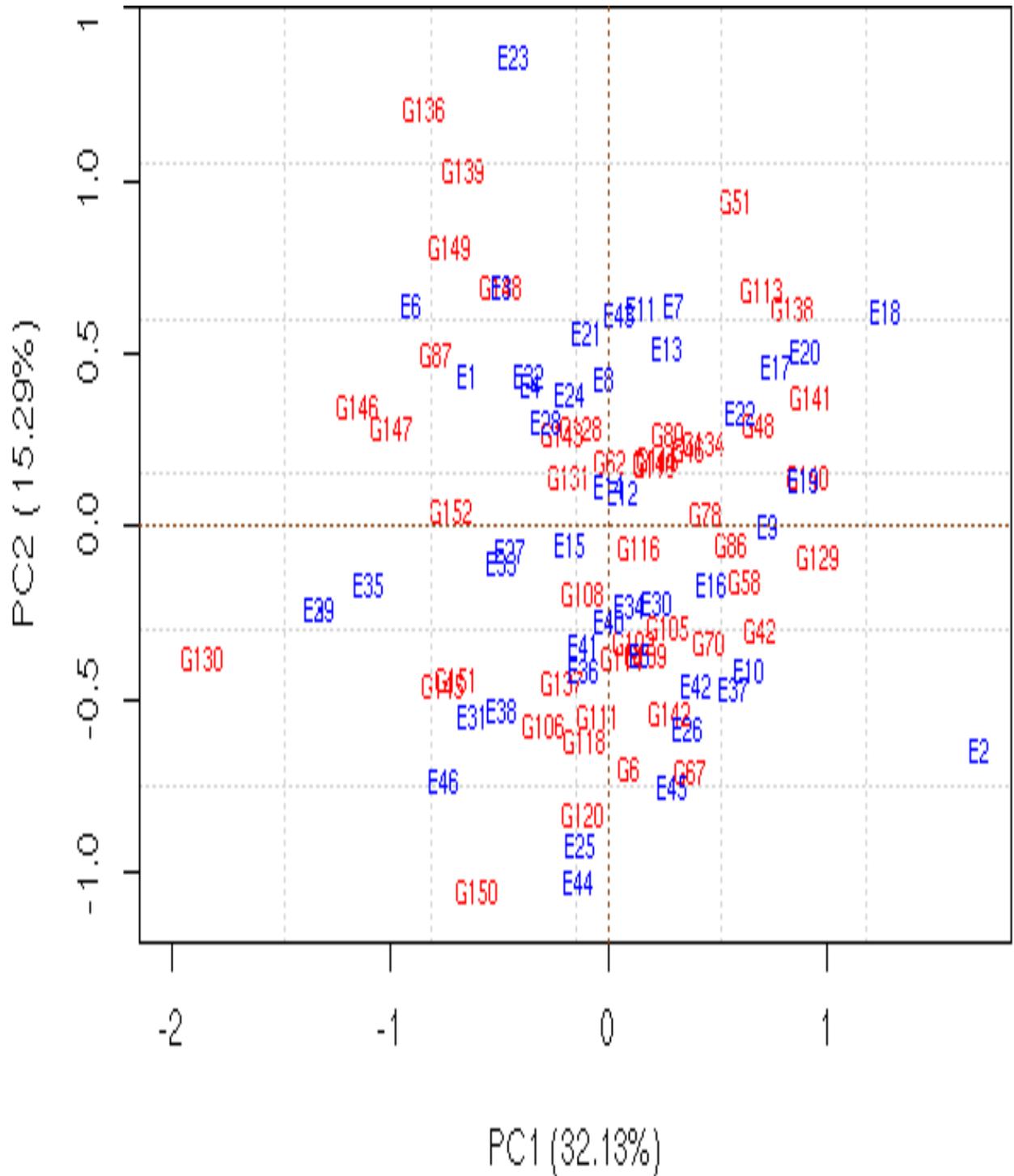


Figura 4.2 - Biplots AMMI com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondentes a 47 cultivares de milho avaliadas nos 46 ambientes durante as safras 2013/14 e 2014/15. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e, em vermelho (E_), os ambientes avaliados.



No GGE Biplot os genótipos são avaliados quanto à adaptabilidade a partir de estimativas aproximadas dadas pelos escores de Componente Principal 1 (que também relaciona-se com a parte simples da interação $G \times E$). Da mesma forma que a estabilidade de um genótipo na análise GGE pode ser descrita por meio do Componente Principal 2 (que relaciona-se com a Parte Complexa da interação $G \times E$). Assim, genótipos produtivos e estáveis deverão possuir escores elevados para PC1, porém valores próximos de zero para PC2, ou seja, são genótipos não específicos para grupos de ambientes. Escores baixos indicam genótipos e/ou ambientes que contribuem pouco ou quase nada para a interação $G \times E$ sendo, portanto, estáveis (YAN; KANG, 2002).

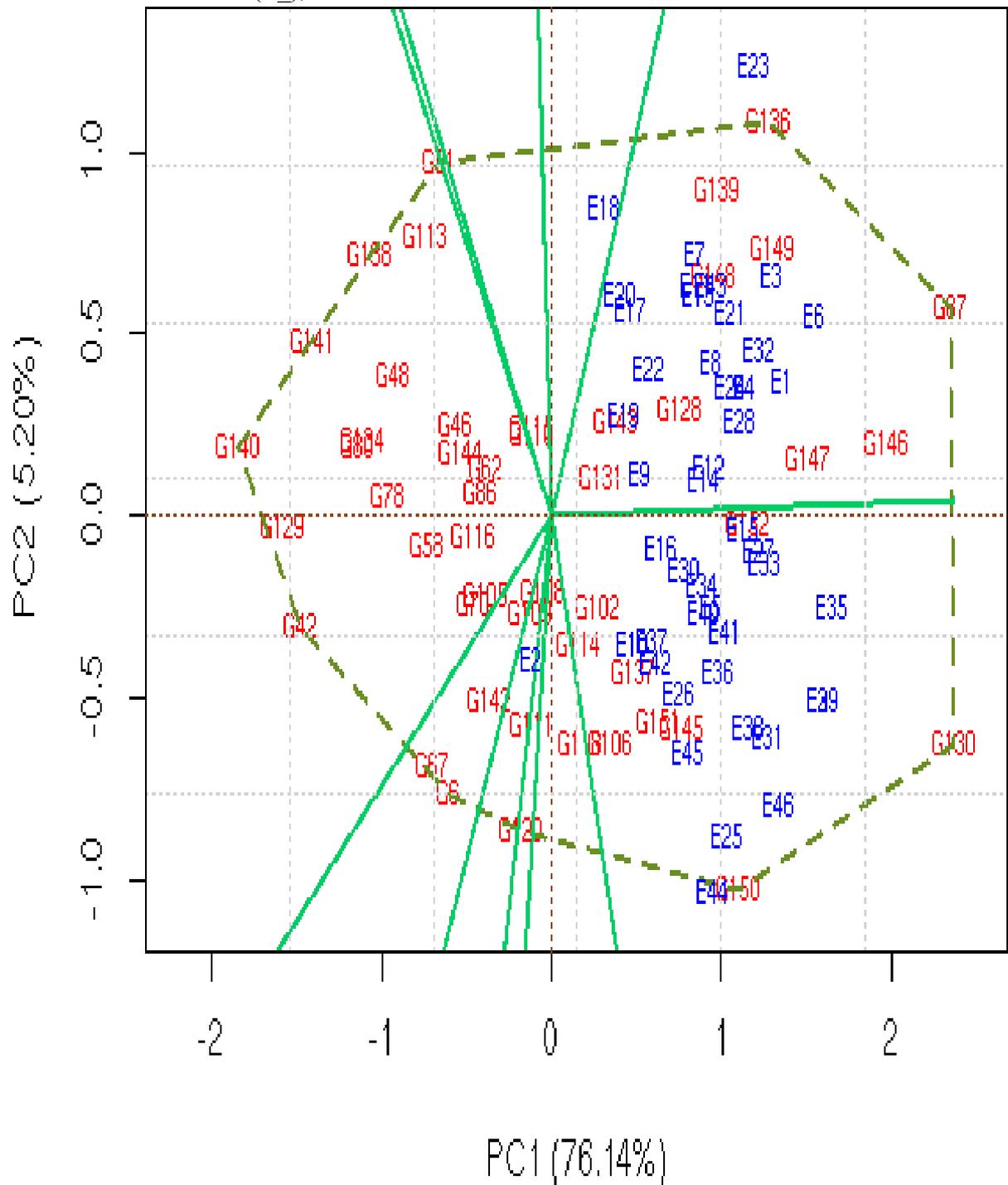
Os genótipos localizados nos vértices do polígono (figura 4.2), têm a maior distância da origem que todos os genótipos dentro do setor delimitado por ele, sendo classificados como os mais responsivos. Estes podem ser os melhores ou os piores genótipos, em alguns ou todos os ambientes e podem ser utilizados para identificar possíveis mega-ambientes. Os genótipos localizados no interior do polígono são os menos responsivos aos estímulos dos ambientes (YAN et al., 2000).

Os genótipos G51 (BRS Caimbé), G87 (BRS1055), G136 (3H842), G140 (MG053xHA), G130 (92K1265) e G150 (HTCMS707), estão localizados nos vértices do polígono de linha tracejada, os mega-ambientes são separados por linhas em verde, perpendiculares aos lados do polígono.

Levando em conta os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), o genótipo G152 (HTCMS699) foi o que apresentou melhor resposta às condições ambientais prevalentes durante o desenvolvimento do cultivo. Embora o G152 (HTCMS699) seja o mais adaptado e estável este é menos produtivo que os genótipos G146 (HTCMS771), G147 (HTCMS717), G87 (BRS1055).

E por sua vez os genótipos G87 (BRS1055) e 130 (92K1265) são os mais produtivos, porém instáveis. Os genótipos G140 (MG053xHA), G129 (BRS Gorutuba), G141(MS003xHB) e G42 (BRS Caatingueiro), por sua vez, revelaram-se os menos produtivos, já que estão localizados longe dos ambientes de testes, refletindo o fato de que produziram pouco em cada ambiente. O genótipo G51 (BRS Caimbé) pode ser considerado o menos estável em relação a todos os genótipos. Vale destacar que G129 apesar de ser estável não é produtivo.

Figura 4.3 - GGE-Biplots com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondentes a 47 cultivares de milho avaliadas nos 46 ambientes durante as safras 2013/14 e 2014/15. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e, em vermelho (E_), os ambientes avaliados.



Na análise de estratificação ambiental deste grupo de ambientes, foi possível verificar a formação de quatro estratos ambientais sendo que o mega-ambiente I agrupou 1 ambientes (E18), trata-se portanto, do Sobral localizado no estado de Ceará com 110 metros de altitude, com precipitação de aproximadamente 440 mm e temperaturas de 35° e 22° de máxima e mínimas respectivamente.

O mega-ambiente II agrupou 20 ambientes E1 (Sete Lagoas), E3 (Londrina – PR), E4 (Goiânia – GO), E5 (Janaúba – MG), E6 (Planaltina – DF), E7 (Jataí – GO), E8 (Jataí – GO), E9 (Campos dos Goytacazes – RJ), E11 (Vilhena – RO), E12 (Paragominas - PA), E13(Belterra – PA) E14 (Altamira – PA), E17 (Manduri – SP), E19 (São Raimundo das Mangabeiras – MA), E20 (Rio Branco – AC), E21 (Sinop – MT), E22 (Manaus – AM), E23 (Sete Lagoas – MG), E28 (Goiânia – GO), E43 (Teresina – PI).

Dentre esses ambientes pode-se destacar os que ficaram graficamente próximos, como por exemplo o E12 (Paragominas) e o E14 (Altamira), este agrupamento pode ser justificado pelo fato de ambos ambientes estarem localizados no estado de Pará, com altitudes entre 90 e 70 m respectivamente e temperaturas máximas de 33°.

Os ambientes E4 (Goiânia), E8 (Jataí), e E28 (Goiânia) apresentam altitudes entre 663 a 771 m, com temperaturas máximas de 31° e localizam-se no estado de Goiás. O outro destaque vai para os ambientes E5 (Janaúba), E7 (Jataí), E13 (Belterra), E21 (Sinop) que embora se encontram em estados diferentes estiveram graficamente próximos com temperaturas máximas rondando entre 31° a 33° e altitude abaixo de 663 m.

Ainda no mega-ambiente II o destaque vai para o ambiente E23 (Sete Lagoas) que distanciou-se de todos os ambiente porém próximo do genótipo vencedor G136 (3H842), com uma altitude de 732 m, localizado no estado de Minas gerais. De salientar que todos os ambientes com exceção do ambiente E43 (Teresina), pertencentes ao mega-ambiente II foram avaliados na safra 2013/14.

O mega-ambiente III agrupou 24 ambientes E10 (Campos dos Goytacazes – RJ), E15 (Uruará – PA), E16 (Manduri – SP), E24 (Sete Lagoas –MG), E25 (Altamira – PA), E26 (Belterra – PA), E27 (Dourados – MS), E29 (Janaúba – MG), E30 (Jataí – GO), E31 (Londrina – PR), E33 (Manduri – SP), E34 (Paragominas – PA), E35 (Planaltina – DF), E36 (Rio Branco – AC), E37 (São Raimundo das Mangabeiras – MA), E38 (Sete Lagoas – MG), E39 (Sete Lagoas – MG), E40 (Sete Lagoas – MG), E41 (Sinop – MT), E42 (Sobral – CE), E44 (Uruará – PA), E45 (Viçosa – MG), E46 (Vilhena – RO). Estes, podendo ser

subdivididos por ambientes que ficaram graficamente próximos a semelhança do que se observou no mega-ambiente II, dos quais o E15 (Uruará), E27 (Dourados), E33 (Manduri) embora localizados em estados diferentes eles apresentam altitudes abaixo de 710 m e temperaturas máximas que situam entre 29° a 33°. Observa-se também os ambientes E31 (Londrina) e E38 (Sete Lagoas) localizados no estado de Paraná e Minas gerais respectivamente, este agrupamento pode ser justificado pelo fato de ambos os estados apresentarem temperaturas máximas de 31° com precipitação acima de 900 mm. O agrupamento dos ambientes E26 (Belterra), E37 (São Raimundo das Mangabeiras) e E42 (Sobral) embora também localizados em estados diferentes pode ser justificado por apresentarem altitudes abaixo de 230 m e temperaturas máximas acima de 32°.

O mega-ambiente IV agrupou um ambiente E2, trata-se de Londrina situa-se no estado de Paraná, com uma altitude de 566 metros, com precipitação média anual de 951 mm e temperaturas de 31° e 19° máximas e mínimas respectivamente.

5. CONCLUSÃO

As avaliações de ganho genético indicaram que os ensaios de valor de cultivo e uso de variedades de milho coordenadas pela Embrapa Milho e Sorgo foram eficientes em avançar com genótipos estáveis em pares de anos usando os métodos AMMI e GGE.

No que concerne ao progresso genético de introdução de genótipos, houve eficiência quanto estimado pelo método AMMI com estimativa de 0,04, o mesmo não se verificou pelo método GGE que teve estimativa de -0,65, inferindo-se deste modo que a seleção foi feita com base na produtividade e não na estabilidade, uma vez que os genótipos mais produtivos foram os menos estáveis.

Na análise de estratificação ambiental foi possível a formação de quatro mega ambientes, sendo o primeiro e o quarto mega ambientes compostos por um ambiente que foram os ambientes E18 e E2 respectivamente e no segundo e terceiro mega ambientes a constituição foi de 20 e 24 ambientes respectivamente.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. **Crop Science**, n. 4, p. 503–508, 1964.
- ALVES, H. C. R.; AMARAL, R. F. DO. Produção, área colhida e produtividade do milho no Nordeste. **Fortaleza: Banco do Nordeste**, 2011.
- ARIAS, E. R. A.; RAMALHO, M. A. P. Progresso genético em milho no Estado do Mato Grosso do Sul, no período de 1986/87 a 1993/94. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 1998.
- ARTUZO, F. D. et al. O potencial produtivo brasileiro: Uma análise histórica da produção de milho. **Revista em Agronegócio e Meio Ambiente**, v. 12, n. 2, p. 515–540, 2019.
- ATROCH, A. L.; DE SOUSA NUNES, G. H. Progresso genético em arroz de várzea úmida no estado do Amapá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 4, p. 767–771, 2000.
- BALESTRE, M. et al. Prediction of maize double-cross hybrids using the best linear unbiased prediction with microsatellite marker information. **Genetics and molecular research**, v. 10, n. 1, p. 25–35, 2011.
- BARBOSA NETO, J. F. et al. Progresso genético no melhoramento da aveia-branca no sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 2000.
- BECKER, H. C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, v. 30, n. 3, p. 835–840, 1981.
- BIGOTO, C. A. Estudo da população de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente. **Piracicaba, SP (Brazil)**, 1988.
- BORÉM, A.; ALMEIDA, G. **Plantas Geneticamente Modificadas**. Viçosa: Viçosa UFV, 2011.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoramento de plantas. 5a. edição. **Viçosa: Editora UFV**. p, v. 529, 2009.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; NETO, R. F. **Melhoramento de Plantas**. 7. ed. Viçosa: UFV, 2007.
- BORÉM, A.; RIOS, S. A. **Milho Biofortificado**. Viçosa: Viçosa UFV, 2011.
- BRESEGHELLO, F. **Ganhos para produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no Nordeste do Brasil**. UFG, 1995.
- BRESEGHELLO, F. et al. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, v. 51, n. 3, p. 914–923, 2011.
- BRESEGHELLO, F.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. DE. Ganho de produtividade pelo melhoramento genético do arroz irrigado no nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária**

Brasileira, v. 34, n. 3, p. 399–407, 1999.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento Genético de Plantas: Princípios e Fundamentos**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2006.

CARVALHO, L. P. DE et al. Progresso genético do algodoeiro herbáceo no nordeste. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 32, n. 3, p. 283–291, 1997.

COELHO, A. M.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. Rendimento do milho no Brasil: chegamos ao máximo. **Informações Agronômicas**, v. 101, p. 1–12, 2003.

CONAB. Companhia nacional de abastecimento: acompanhamento da safra brasileira grãos, safra 2018/19, décimo levantamento. **Brasília**, v. 6, n. 7, p. 1–50, 2019.

CROSSA, J. Statistical analyses of multi location trials. **Advances in agronomy**, v. 44, p. 55–85, 1990.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexas. **REVISTA CERES**, v. 38, n. 219, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. **Viçosa, Editora UFV**, v. 1, 2004.

CRUZ, C. D.; SOUZA CARNEIRO, P. C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. [s.l.] Universidad Federal de Viçosa, 2006.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A. DE; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, n. 3, p. 567–580, 1989.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Interação genótipos x ambientes uma introdução à análise “AMMI”. **Sociedade Brasileira de Genética**, p. 9, 1999.

EBERHART, S. A. T; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop science**, v. 6, n. 1, p. 36–40, 1966.

FARIA, L. C. DE et al. Ganho genético, em nível nacional, do programa de melhoramento de feijoeiro comum tipo carioca da Embrapa entre 1993 e 2006. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, 2009.

FERNANDES, J. S. C. **Estabilidade ambiental e de cultivares de milho (Zea mays L.) na região centro sul do Brasil**. Universidade de São Paulo, 1988.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 6, n. 14, p. 742–754, 1963.

FONSECA JR, N. DA S. Progresso genético na cultura do feijão no estado do Paraná para o período de 1977 a 1995. 1997.

FRITSCHÉ-NETO, R.; MÔRO, G. V. Escolha do cultivar é determinante e deve considerar toda informação disponível. **Visão Agrícola**, v. 3, p. 12–15, 2015.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H.-P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. **Crop science**, v. 48, n. 3, p. 866–889, 2008.

GAUCH, H.; ZOBEL, R. W.; OTHERS. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop science**, v. 37, n. 2, p. 311–326, 1997.

GOMES, M. S. et al. **Avaliação de cultivares de milho para a produção de silagem: parâmetros genéticos e interação genótipos por ambientes**. Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Goiânia-GO. Anais... Goiânia, Embrapa Arroz e Feijão, Documentos. **Anais...2002**

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Utilização da estatística pi na predição de ganhos por seleção em famílias de meios-irmãos de milho-pipoca/use of Pi statistic in predicting selection gain in half-sib families of popcorn. **Ceres**, v. 48, n. 277, 2015.

IBGE. Diretoria de Pesquisas, Coordenação Agropecuária, Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. **Rio de Janeiro**, 2019.

KANG, M. S. Genotype Environment Interaction: Progress and Prospects. **Quantitative genetics, genomics, and plant breeding**, p. 219, 2002.

LIMA, R.; BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018.

LIN, C.-S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar \times location data. **Canadian journal of plant science**, v. 68, n. 1, p. 193–198, 1988.

LIN, C.-S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability Analysis: Where Do We Stand? **Crop science**, v. 26, n. 5, p. 894–900, 1986.

MARIOTTI, J. A. et al. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental.. **Revista agronómica del noroeste argentino**, v. 13, n. 1–4, p. 105–134, 1976.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e Produção do Milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987.

OLIVEIRA, A. B. DE; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 3, p. 357–364, 2003.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. UFG Goiânia, 1993.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicação da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012a.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética na agropecuária**. 5. ed. [s.l.] UFLA, 2012b.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F. B.; SANTOS, P. S. J. DOS. Interações genótipos x épocas de semeadura, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas regiões Sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 22, n. 2, p. 175–181, 1998.

REIS, E. et al. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, v. 34, n. 3, 2004.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precision and quality control in variety trials. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182, 2007.

RIBEIRO, N. D.; POSSEBON, S. B.; STORCK, L. Progresso genético em caracteres agronômicos no melhoramento do feijoeiro. **Ciência Rural**, v. 33, n. 4, 2003.

RIBEIRO, P. H. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho em diferentes condições ambientais. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 35, n. 11, p. 2213–2222, 2000.

RISSI, R. Estimation of genetic parameters in two subpopulations of the maize (*Zea mays* L.) variety Piranao. **Universidade de São Paulo, Piracicaba**, 1980.

ROSADO, A. M. et al. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 966–973, 2012.

SILVA, R. R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, v. 42, n. 8, p. 1404–1412, 2012.

SQUILASS, M. G. **Interação de Genótipos com Ambientes**. 1. ed. [s.l.] Embrapa, 2003.

TOLEDO, JOSÉ F. F. DE et al. Ganho genético em soja no estado do paraná, via melhoramento. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 25, n. 1, p. 89–94, 1990.

UATE, J. V. et al. Genetic progress, adaptability and stability of maize cultivars for value of cultivation and use trials. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 41, 2019.

VENCOSVSKY, R. et al. Progresso Genético Em Vinte Anos De Melhoramento Do Milho No Brasil. **Crop Science**, v. 14, n. 7, p. 300–307, 1988.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer. **Zeitschrift Fur Pflanzenzuchtung-Journal of Plant Breeding**, v. 52, n. 2, p. 127, 1964.

YAN, W. et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, v. 40, n. 3, p. 597–605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists,**

and agronomists. [s.l.] CRC press, 2002.

ZAVALA-GARCIA, F.; BRAMEL-COX, P. J.; EASTIN, J. D. Potential gain from selection for yield stability in two grain sorghum populations. **Theoretical and applied genetics**, v. 85, n. 1, p. 112–119, 1992.

ANEXOS

ANEXO 1 - Estimativas dos componentes de variância genética (V.G), residual (Erro) e herdabilidade para o conjunto de dados de milho em 46 ambientes. (Continua)

Ambientes	VG	ERRO	h²
72	1,0083	0,7247	0,5818
73	0,8359	1,3344	0,3852
74	1,0788	0,591	0,6461
75	1,0318	1,3519	0,4329
76	0,9677	0,5803	0,6251
77	1,2257	0,8199	0,5992
78	0,9033	0,7523	0,5456
79	0,8635	0,3876	0,6902
80	0,7818	0,5574	0,5838
81	0,7422	0,6525	0,5322
82	0,8333	0,4305	0,6594
83	0,8641	0,6094	0,5864
84	1,0658	1,3561	0,4401
85	0,8165	0,4764	0,6315
86	0,9666	0,792	0,5496
87	0,7845	0,365	0,6825
88	0,8036	0,5565	0,5908
89	0,8691	1,2055	0,4189
90	0,7705	0,4285	0,6426
91	0,7578	0,4248	0,6408
92	0,9053	0,5178	0,6361
93	0,8148	1,5184	0,3492
94	1,0044	1,2119	0,4532
95	0,9787	2,1358	0,3142
96	0,8289	1,0505	0,4410
97	0,8115	0,9137	0,4704
98	0,9395	0,6748	0,5820

ANEXO 1 - Estimativas dos componentes de variância genética (V,G), residual (Erro) e herdabilidade para o conjunto de dados de milho em 46 ambientes, (Conclusão)

Ambientes	VG	ERRO	h²
99	1,0681	2,0661	0,3408
100	1,2932	2,6203	0,3304
101	0,8241	0,6615	0,5547
102	1,0379	0,9146	0,5316
103	1,143	1,2069	0,4864
104	0,9499	0,5186	0,6469
105	0,8285	0,602	0,5792
106	1,2124	0,9939	0,5495
107	0,8054	0,5637	0,5883
108	0,7416	0,5471	0,5755
109	0,9837	1,1746	0,4558
110	1,2932	2,6203	0,3304
111	0,7931	0,6243	0,5595
112	0,8635	0,5372	0,6165
113	0,8635	0,5372	0,6165
114	0,8122	0,453	0,6420
115	0,9548	1,2046	0,4422
116	0,8556	0,6799	0,5572
117	1,2033	0,77	0,6098

ANEXO 2 - Caracterização dos 46 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2013/14 e 2014/15, em diferentes municípios do Brasil (Dados meteorológicos obtidos do Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa – BDMEP (2015) do Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2015) (Continua).

Safra	Ambientes	Cod.	Prod. (Kg)	Alt. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
2013/14	Sete Lagoas – MG	E1	7719	732	19 27 57 S	-	790	30	23	17
2013/14	Londrina – PR	E2	6119	566	23 18 36 S	51	951	31	25	19
2013/14	Londrina – PR	E3	8170	566	23 18 36 S	-	724	28	21	16
2013/14	Goiânia – GO	E4	8243	741	16 40 00 S	88	1632	31	25	20
2013/14	Janaúba – MG	E5	9202	516	15 48 10 S	-	717	33	26	21
2013/14	Planaltina - DF*	E6	10404	944	15 37 09 S	-	1172	29	23	19
2013/14	Jataí – GO	E7	9214	663	17 52 51 S	-	1029	32	24	20
2013/14	Jataí – GO	E8	4801	663	17 52 51 S	-	734	30	22	17
2013/14	Campos dos Goytacazes - RJ	E9	6145	11	21 45 14 S	-	614	31	26	23
2013/14	Campos dos Goytacazes - RJ	E10	5738	11	21 45 14 S	-	458	30	25	21
2013/14	Vilhena - RO*	E11	5358	615	12 44 26 S	-	1018	29	25	21
2013/14	Paragominas - PA*	E12	5275	90	02 59 42 S	-	2167	32	27	23
2013/14	Belterra – PA	E13	5825	176	02 38 09 S	-	1404	31	26	22
2013/14	Altamira – PA	E14	6094	74	03 12 10 S	-	1270	33	27	23
2013/14	Uruará - PA*	E15	6618	129	03 43 04 S	-	1270	33	27	23
2013/14	Manduri - SP*	E16	5833	710	23 00 10 S	-	727	29	23	19
2013/14	Manduri - SP*	E17	5290	710	23 00 10 S	-	377	27	21	16
2013/14	Sobral – CE	E18	6755	110	03 40 26 S	-	440	35	28	22
2013/14	São Raimundo das Mangabeiras - MA*	E19	6668	225	07 01 19 S	-	1088	33	27	23
2013/14	Rio Branco – AC	E20	3207	160	09 59 30 S	-	18057	31	26	23
2013/14	Sinop - MT*	E21	4592	384	11 50 53 S	-	1618	33	26	22
2013/14	Manaus – AM	E22	3077	61	03 06 00 S	86	1633	32	28	25

ANEXO 2 - Caracterização dos 46 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2013/14 e 2014/15, em diferentes municípios do Brasil (Dados meteorológicos obtidos do Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa – BDMEP (2015) do Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2015)) (Continua).

Safra	Ambientes	Cod.	Prod. (Kg)	Alt. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
2013/14	Sete Lagoas - MG	E23	6802	732	19 27 57 S	-	790	30	23	17
2013/14	Sete Lagoas -MG	E24	6998	732	19 27 57 S	-	790	30	23	17
2014/15	Altamira – PA	E25	6957	74	03 12 10 S	-	1058	33	27	24
2014/15	Belterra – PA	E26	6540	176	02 38 09 S	-	759	32	27	23
2014/15	Dourados (2 época) - MS*	E27	4785	430	22 13 15 S	-	569	-	-	-
2014/15	Goiânia – GO	E28	7318	741	16 40 00 S	-	876	32	26	21
2014/15	Janaúba – MG	E29	6438	516	15 48 10 S	-	393	34	27	20
2014/15	Jataí (2 época) – GO	E30	6799	663	17 52 51 S	-	732	30	23	18
2014/15	Londrina – PR	E31	5709	566	23 18 36 S	-	990	31	24	20
2014/15	Londrina (2 época) - PR	E32	5404	566	23 18 36 S	-	867	27	21	16
2014/15	Manduri - SP*	E33	7415	710	23 00 10 S	-	1089	29	23	19
2014/15	Paragominas - PA*	E34	5147	90	02 59 42 S	-	1768	33	27	22
2014/15	Planaltina - DF*	E35	8832	944	15 37 09 S	-	1021	29	24	20
2014/15	Rio Branco – AC	E36	3120	160	09 59 30 S	-	1007	32	26	23
2014/15	São Raimundo das Mangabeiras - MA*	E37	7612	225	07 01 19 S	-	816	33	27	23
2014/15	Sete Lagoas – MG	E38	7909	732	19 27 57 S	-	1116	31	24	17
2014/15	Sete Lagoas (Baixa adub) - MG	E39	4006	732	19 27 57 S	-	1116	31	24	17
2014/15	Sete Lagoas (Baixo P) - MG	E40	3886	732	19 27 57 S	-	1116	31	24	17
2014/15	Sinop - MT*	E41	4381	384	11 50 53 S	-	-	-	-	-
2014/15	Sobral – CE	E42	3495	110	03 40 26 S	-	359	35	28	23
2014/15	Teresina – PI	E43	7076	74	05 05 20 S	-	642	35	28	24

ANEXO 2 - Caracterização dos 46 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2013/14 e 2014/15, em diferentes municípios do Brasil (Dados meteorológicos obtidos do Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa – BDMEP (2015) do Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2015)) (Conclusão).

Safra	Ambientes	Cod.	Prod. (Kg)	Alt. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
2014/15	Uruará - PA*	E44	8772	129	03 43 04 S	-	1058	33	27	24
2014/15	Viçosa – MG	E45	6412	712	20 45 14 S	-	634	30	23	18
2014/15	Vilhena - RO*	E46	7381	615	12 44 26 S	-	547	32	25	21

ANEXO 3 - Descrição das 47 cultivares de milho avaliadas nos ensaios de VCU de variedades (46 ambientes) entre as safras de 2013/14 e 2014/15. (Continua).

Cod.	Cultivar	Tipo	Ano de avaliação	
			2013/14	2014/15
G105	Sint 10731	var.	X	
G106	Sint 10771	var.	X	X
G108	Sint 10697	var.	X	X
G109	Sint 10707	var.	X	X
G110	Sint 10795	var.	X	X
G111	Sint 10805	var.	X	
G114	Sint 10717	var.	X	X
G116	Sint 10723	var.	X	
G118	Sint 10699	var.	X	X
G120	Sint 10781	var.	X	X
G128	2E530	HD	X	X
G129	BRS Gorutuba	var.	X	X
G130	2K1265	HI	X	
G131	AL 2010	var.	X	
G134	Guepa	var.	X	X
G136	3H842	HT	X	
G137	AL2012	var.	X	
G138	Capo	var.	X	X
G139	HIV0908	HI	X	
G140	MG053xHA	var.	X	
G141	MS003xHB	var.	X	
G42	BRS Caatingueiro	var.	X	
G48	BRS 4103	var.	X	X
G51	BRS Caimbé	var.	X	X
G58	Sintético RxS Spod	var.	X	X
G6	AL Bandeirante	var.		
G67	Sint Super-precoce	var.	X	X
G80	BRS4104	var.	X	X
G86	Sint. Mult. TL	var.	X	
G87	BRS1055	HS	X	X

ANEXO 3 - Descrição das 47 cultivares de milho avaliadas nos ensaios de VCU de variedades (46 ambientes) entre as safras de 2013/14 e 2014/15 (Conclusão).

Cod.	Cultivar	Tipo	Ano de avaliação	
			2013/14	2014/15
G102	AL Avaré	var.		X
G113	Sint 10783	var.		X
G115	MC 6028	HI		X
G142	MC 50	var.		X
G143	AL2013	var.		X
G144	AL2014	var.		X
G145	HTCMS-SP1	HTC		X
G146	HTCMS771	HTC		X
G147	HTCMS717	HTC		X
G148	HTCMS795	HTC		X
G149	HTCMS697	HTC		X
G150	HTCMS707	HTC		X
G151	HTCMS781	HTC		X
G152	HTCMS699	HTC		X
G46	Sintético 1X	var.	X	X
G62	Sintético 256 L	var.		X
G70	MC 20	var.		X
G78	VSL BS 42C60	var.		X

ANEXO 4 – Distâncias entre os ambientes de ensaios e as estações meteorológicas.

Ambientes	Estação	Distância (Km)
Dourados – MS	Ponta Porã	100
Manduri – SP	São Carlos	184
Paragominas – PA	Belém	213
Planaltina – GO	Formosa	30
São Raimundo das Mangabeiras - MA	Balsas	84
Sinop – MT	Gleba Celeste	63
Uruará – PA	Altamira	179
Vilhena – RO	São José do Rio Claro	378

ANEXO 5 - Intervalos de confiança (IC) e valores de probabilidade (Prob) para os valores genotípicos (VG) das 47 cultivares de milho avaliadas. (Continua)

Cultivar	Cod.	Tipo	VG	IC1	IC2	Pro
HTCMS707	150	HTC	8123	0,57	3,22	0,99
2E530	128	HD	7535	0,26	2,36	0,99
2K1265	130	HI	7150	-0,23	2,08	0,88
BRS1055	87	HS	7003	-0,05	1,6	0,93
Sint 10783	113	Var	6800	-0,36	1,51	0,77
HTCMS699	152	HTC	6779	-0,77	1,88	0,59
MC 6028	115	HI	6767	-0,63	1,71	0,64
Sint 10781	120	Var	6564	-0,5	1,17	0,57
Sint Super-precoce	67	Var	6562	-0,71	1,38	0,47
Sint 10717	114	Var	6559	-0,5	1,16	0,57
AL 2010	131	Var	6495	-0,94	1,48	0,34
HTCMS781	151	HTC	6493	-1,06	1,59	0,31
Sint 10795	110	Var	6463	-0,59	1,07	0,42
3H842	136	HT	6459	-1,08	1,54	0,27
Sint 10805	87	Var	6413	-0,75	1,12	0,3
Sint 10697	108	Var	6352	-0,71	0,96	0,23
MG053xHA	140	Var	6341	-1,2	1,42	0,14
Sint 10771	106	Var	6241	-0,82	0,84	0,03
Sint 10699	118	Var	6233	-0,83	0,84	0,01
BRS 4103	48	Var	6216	-0,84	0,81	0,02
HIV0908	139	HI	6193	-1,34	1,28	0,04
MS003xHB	141	Var	6193	-1,34	1,28	0,04
Sintético 256 L	62	Var	6189	-0,98	0,9	0,06
Sintético 1X	46	Var	6183	-0,98	0,89	0,07
Sint 10707	109	Var	6177	-0,81	0,71	0,1
AL Avaré	102	Var	6175	-0,99	0,89	0,09
MC 20	70	Var	6170	-1	0,88	0,1
AL2012	137	Var	6167	-1,37	1,25	0,07
Sintético RxS Spod	58	Var	6096	-0,96	0,69	0,24

ANEXO 5 - Intervalos de confiança (IC) e valores de probabilidade (Prob) para os valores genotípicos (VG) das 47 cultivares de milho avaliadas (Conclusão).

Cultivar	Cod.	Tipo	VG	IC1	IC2	Pro
BRS Caimbé	51	Var	6092	-0,96	0,69	0,25
VSL BS 42C60	78	Var	6082	-1,08	0,79	0,24
Sint 10723	116	Var	6018	-1,15	0,73	0,34
AL Bandeirante	6	Var	6013	-1,5	1,07	0,26
Guepa	134	Var	6008	-1,32	0,88	0,3
HTCMS-SP1	145	HTC	6007	-1,54	1,1	0,26
BRS Gorutuba	129	Var	5955	-1,24	0,69	0,42
Sint. Mult. TL	86	Var	5906	-1,25	0,61	0,5
BRS4104	80	Var	5894	-1,16	0,49	0,57
Sint 10731	105	Var	5885	-1,27	0,59	0,53
HTCMS717	147	HTC	5812	-1,74	0,91	0,46
HTCMS771	146	HTC	5776	-1,78	0,87	0,5
AL2014	144	Var	5583	-1,97	0,68	0,66
BRS Caatingueiro	42	Var	5570	-1,96	0,65	0,68
HTCMS795	148	HTC	5524	-2,03	0,62	0,7
AL2013	143	Var	5374	-2,18	0,47	0,79
HTCMS697	149	HTC	5357	-2,19	0,45	0,8
MC 50	142	Var	5205	-2,35	0,3	0,87
Capo	138	Var	6200	-1,23	1,17	0,03