



**MATEUS HENRIQUE SILVA HORTA**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE  
MILHO (*Zea mays*) NA PRODUÇÃO DE SEMENTES  
GENÉTICAS**

**LAVRAS – MG**

**2020**

**MATEUS HENRIQUE SILVA HORTA**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE MILHO (*Zea mays*) NA  
PRODUÇÃO DE SEMENTES GENÉTICAS**

Dissertação apresentada à  
Universidade Federal de Lavras, como  
parte das exigências do Programa de  
Pós-Graduação do Mestrado Profissional  
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

Dr. Willian Luis Antônio Zancan  
Coorientador

**LAVRAS – MG**

**2020**

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

Horta, Mateus Henrique Silva.

Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de milho (*Zea mays*) na produção  
de sementes genéticas / Mateus Henrique Silva Horta. - 2020.

35 p. : il.

Orientador(a): Renzo Garcia Von Pinho.

Coorientador(a): Willian Luis Antônio Zancan.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de Lavras, 2020.

Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. Interação Genótipo x Ambiente. 3. Produção de sementes  
genéticas. I. Von Pinho, Renzo Garcia. II. Zancan, Willian Luis Antônio. III.  
Título.

**MATEUS HENRIQUE SILVA HORTA**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE MILHO (*Zea mays*) NA  
PRODUÇÃO DE SEMENTES GENÉTICAS**

**ADAPTABILITY AND STABILITY OF CORN LINE (*Zea mays*) IN THE  
PRODUCTION OF GENETIC SEEDS**

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

APROVADO em 09 de novembro de 2020.

Dr. Willian Luis Antônio Zancan BAYER

Dr. João Candido de Souza UFLA

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho  
Orientador

**LAVRAS - MG**

**2020**

## **AGRADECIMENTOS**

Aos meus pais José Carlos e Maria Aparecida, por todos os ensinamentos, companheirismo e presença nos momentos importantes.

A minha esposa Fátima e meu enteado Luca, pelo amor, companheirismo e paciência nos momentos em que estive ausente trabalhando e conciliando com as demandas do mestrado.

Ao meu amigo e coorientador Dr. Willian Luis Antônio Zancan pelo incentivo e todo o suporte na elaboração do trabalho.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Mestrado Profissional, pela oportunidade de me tornar mestre e ao orientador Dr. Renzo Garcia Von Pinho, pela confiança.

Especialmente a Bayer por sempre pensar no desenvolvimento de seus funcionários, além de dispor ferramentas para que seja possível capacitação ao longo da vida profissional.

## RESUMO

O cultivo de milho no Brasil vem apresentando significativo aumento de área nos últimos anos, conseqüentemente, há um aumento na demanda de híbridos de altas produtividades, estáveis e com boa relação custo benefício. As fases de multiplicação de linhagens e produção dos híbridos comerciais, são as de maior demanda financeira e mão de obra. Neste contexto, buscando incremento de produtividade e diluição dos custos de produção, a alocação destes materiais em macrorregiões de adaptação se torna imprescindível. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi analisar o comportamento dos genótipos quanto as variações ambientais através de análises de adaptabilidade e estabilidade, além de avaliar a existência de grupos ou subconjuntos de ambientes, onde ocorra um padrão similar de resposta entre genótipos. Foram analisadas 24 linhagens endogâmicas de milho semeadas em experimentos instalados ao longo de 7 safras em 9 diferentes ambientes nas regiões sul, sudeste e centro oeste do Brasil, entre os anos de 2016 a 2019. Os dados foram analisados pelo método AMMI. Na safra de verão, as linhagens L12 e L13 demonstraram a melhor performance média de produtividade, porém sem se enquadrar entre as mais estáveis e nem apresentar adaptação específica a nenhum ambiente. Já na segunda safra, a linhagem L18 apresentou a maior média de produtividade, demonstrando adaptação específica ao ambiente 2.3a. Dentre as linhagens altamente estáveis, a L22 foi a de maior potencial para o caráter produtividade de grãos.

**Palavras-chave:** *Zea mays*. Interação Genótipo x Ambiente. Produção de sementes genéticas.

## ABSTRACT

The cultivation of corn in Brazil has shown a significant increase in area in recent years, consequently, there is an increase in the demand for hybrids of high productivity, stable and with good cost-benefit ratio. The phases of multiplication of lineages and production of commercial hybrids are those of greatest financial demand and labor. In this context, seeking to increase productivity and dilute production costs, the allocation of these materials in adaptation macro-regions becomes essential. Given the above, the objective of this work was to analyze the behavior of genotypes in the face of environmental variations through adaptability and stability analyzes, in addition to assessing the existence of groups or subsets of environments, where a similar pattern of response occurs between genotypes. Twenty-four inbred lines of maize sown were analyzed in experiments installed over 7 harvests in 9 different environments in the south, southeast and central west regions of Brazil, between the years 2016 to 2019. The data were analyzed using the AMMI method. In the summer harvest, strains L12 and L13 showed the best average productivity performance, but without being among the most stable and neither showing specific adaptation to any environment. In the second crop, the L18 strain showed the highest average productivity, showing specific adaptation to the 2.3a environment. Among the highly stable ones, L22 was the one with the greatest potential for grain productivity.

**Keywords:** *Zea mays*. Genotype x Environment Interaction. Genetic seed production.

## LISTA DE FIGURAS

|  |     |
|--|-----|
| Figura 1 - Histórico de área plantada (hectares) de milho e soja no Brasil.....  | 133 |
| Figura 2 - Mapa da produção agrícola referente a soja e milho segunda safra .....  | 133 |
| Figura 3 - Produção e exportação de milho (1.0000 toneladas) nas principais regiões produtoras. ....                                   | 144 |
| Figura 4 - Mapa de distribuição dos locais dos ensaios na primeira e segunda safra de milho .....                                      | 244 |
| Figura 5 - Biplot AMMI2 com dados de produtividade de grãos de milho (kg/parcela) de vinte e quatro genótipos em nove ambientes.....   | 288 |
| Figura 6 - Biplot AMMI2 com os dados de produtividade de grãos de milho (kg/parcela) de vinte e dois genótipos em nove ambientes. .... | 300 |



## LISTA DE TABELAS

|   |     |
|---|-----|
| Tabela 1 - Codificação de linhagens de milho e caracterização fenotípica.....   | 233 |
| Tabela 2 - Relação dos ambientes e locais de plantio das linhagens de milho.....  | 244 |
| Tabela 3 - Análise de variância e significância dos efeitos dos genótipos, ambientes e genótipo x ambientes para o caráter produtividade de grãos referente à avaliação de linhagens de milho durante a primeira safra (verão). .....   | 277 |
| Tabela 4 - Análise de variância e significância dos efeitos dos genótipos, ambientes e genótipo x ambientes para o caráter produtividade de grãos referente à avaliação de linhagens de milho durante a segunda safra (Safrinha). ..... | 29  |

## SUMÁRIO

|            |   |           |
|------------|---|-----------|
| <b>1</b>   | <b>INTRODUÇÃO .....</b>   | <b>10</b> |
| <b>2</b>   | <b>REFERENCIAL TEÓRICO .....</b>  | <b>12</b> |
| <b>2.1</b> | <b>A cultura do milho no Brasil e no Mundo.....</b>                                   | <b>12</b> |
| <b>2.2</b> | <b>O melhoramento do milho .....</b>  | <b>14</b> |
| <b>2.3</b> | <b>Estratégias de melhoramento do Milho .....</b>                                     | <b>16</b> |
| <b>2.4</b> | <b>Interação genótipos por ambientes.....</b>   | <b>19</b> |
| <b>2.5</b> | <b>Adaptabilidade e estabilidade fenotípica .....</b>                                 | <b>20</b> |
| <b>2.6</b> | <b>AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis).....</b>      | <b>21</b> |
| <b>3</b>   | <b>MATERIAIS E MÉTODOS.....</b>   | <b>23</b> |
| <b>3.1</b> | <b>Descrição dos experimentos.....</b>  | <b>23</b> |
| <b>3.2</b> | <b>Análises estatísticas .....</b>  | <b>25</b> |
| <b>4</b>   | <b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>   | <b>27</b> |
| <b>4.1</b> | <b>Efeito da interação GXE em linhagens de milho na primeira safra.....</b>           | <b>27</b> |
| <b>4.2</b> | <b>Efeito da interação GXE em linhagens de milho na segunda safra (safrinha).....</b> | <b>29</b> |
| <b>5</b>   | <b>CONCLUSÕES .....</b>   | <b>31</b> |
| <b>6</b>   | <b>REFERÊNCIAS .....</b>  | <b>32</b> |

## 1 INTRODUÇÃO

Com o crescente aumento da população mundial e, conseqüentemente, da demanda por alimentos, fibra e energia, os programas de melhoramento das principais culturas, a exemplo do milho, têm como meta a busca contínua por híbridos que apresentem produtividades maiores do que os existentes no mercado. De acordo com Ramalho, Dias e Carvalho (2012), a produtividade por área na cultura do milho no Brasil cresceu, nos últimos 40 anos, a uma taxa de 75,6 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>, sendo, pelo menos, 50% deste incremento atribuídos ao melhoramento genético.

No Brasil, o milho é cultivado em duas épocas distintas, a primeira também chamada de safra, cuja semeadura se estende do final de setembro até final de novembro; e na segunda época, também conhecida como segunda safra ou safrinha, com semeadura de janeiro a março. A safrinha é relativamente recente, tendo seu primeiro registro na década de 1980, contudo, ultrapassou em importância a área cultivada no verão em 2011/2012, sendo que na safra 2019/2020 as estimativas para a safrinha apontaram para uma participação de 77,1% do total cultivado no Brasil (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2020).

Existe uma grande variação na produtividade por área nos diferentes ambientes de cultivo, o que está relacionado com as diferenças edafoclimáticas, incidência e susceptibilidade a patógenos e insetos pragas e, diferenças associadas aos variados níveis tecnológicos adotados pelos produtores. O amplo número de ambientes de cultivo de milho no Brasil aliado às flutuações observadas em distintas safras e anos agrícolas remete à necessidade de intensificação das atividades de avaliação para fins de minimização do risco de recomendação dos híbridos por parte das empresas, o que não é diferente nas fases de produção de sementes genéticas e comerciais, caracterizadas pela contratação de áreas de terceiros por parte de empresas detentoras dos direitos de produção da cultivar, estabelecendo o sistema de parcerias entre as empresas e os cooperados.

Sabe-se que a classificação relativa entre os diferentes genótipos, quando postas a competir em diferentes condições ambientais, pode não ser coincidente, o que dificulta a realização de uma recomendação segura, cujo objetivo principal é obter o máximo de potencial produtivo daqueles genótipos efetivamente superiores. Essa oscilação no comportamento das cultivares ante às variações ambientais denomina-se de interação cultivares x ambientes (Ribeiro et al., 1999). Diversos trabalhos destacaram a importância dessa interação (Arias, 1996; Carneiro, 1998; Gama et al., 2000; Ribeiro et al., 1999). Todos

esses casos, os autores mencionados procuraram amenizar os seus efeitos através da recomendação de materiais de melhor estabilidade fenotípica (Ramalho et al., 1993).

Neste contexto, análises de adaptabilidade e estabilidade, podem quantificar os níveis de interferência dos efeitos ambientais sobre os genótipos, identificando aqueles que apresentam comportamentos previsíveis, com média elevada, e que sejam responsivos, ou não, à melhoria ambiental, além de identificar macrorregiões de cultivo, nas quais o padrão de ranqueamento de genótipos é pouco afetado pela interação GxA.

Atualmente, vários métodos têm sido utilizados para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Zobel *et al.* (1998) sustentam que o método AMMI (métodos de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa) permite uma análise mais detalhada da interação GxA, garantindo a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), estimativas mais precisas das respostas genotípicas, além de possibilitar uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

Baseado no status atual do conhecimento da relação GXA na cultura do milho, este estudo foi proposto com objetivo de avaliar os aspectos de adaptabilidade e a estabilidade de linhagens de milho quando submetidos a diferentes condições ambientais.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

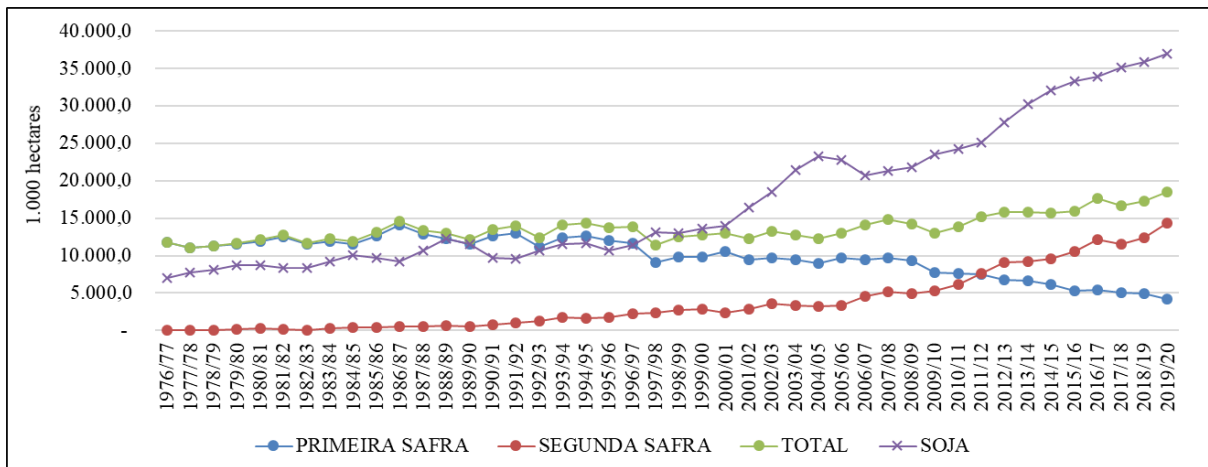
### 2.1 A cultura do milho no Brasil e no Mundo

Explorado desde os primórdios da agricultura, o milho 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 (PATERNIANI; CAMPOS 2005). A cultura está espalhada numa vasta região do globo, em altitudes que vão desde o nível do mar até 3 mil metros. Ao longo do tempo, o homem promoveu uma crescente domesticação do milho por meio da seleção visual no campo, considerando importantes características, tais como produtividade, resistência a doenças e capacidade de adaptação, dentre outras, dando origem às variedades hoje conhecidas (LERAYER, 2006).

A cultura do milho é uma das culturas mais importantes mundialmente, contribuindo significativamente do ponto de vista econômico, como também do ponto de vista social. A utilização do milho é ampla, abrangendo seu emprego como alimento, assim como para uso industrial e energético; seu destino é, principalmente, a produção de rações para uso animal. No entanto, nos últimos anos, os grãos têm sido direcionados para a produção de etanol, como por exemplo, nos Estados Unidos, onde é a principal fonte de bioenergia do país. (SOLOGUREN, 2015). Exemplo este que, o Brasil vem adotando e aumentando as unidades de produção de etanol provindos de milho, pois até então, o mesmo é amplamente utilizado na produção de rações.

No setor produtivo agrícola, o que prevaleceu, no passado, no Brasil, foi o cultivo de milho de primeira safra ou safra de verão (Figura 1). Na safra 1976/77, 100% da produção nacional era derivada da primeira safra; na temporada 2019/20, a oferta da segunda safra passou a representar 77,1% da área cultivada (CONAB, 2020). Essa mudança na participação das ofertas da primeira e da segunda safra foi possível graças ao avanço tecnológico e a ajustes, nos períodos de cultivo, com impacto, inclusive, no cultivo de soja na primeira safra, principal cultura que antecede o milho de segunda safra. O processo foi favorecido pela expansão do consumo interno e, também, pelas oportunidades de exportação, que absorveram o excedente doméstico.

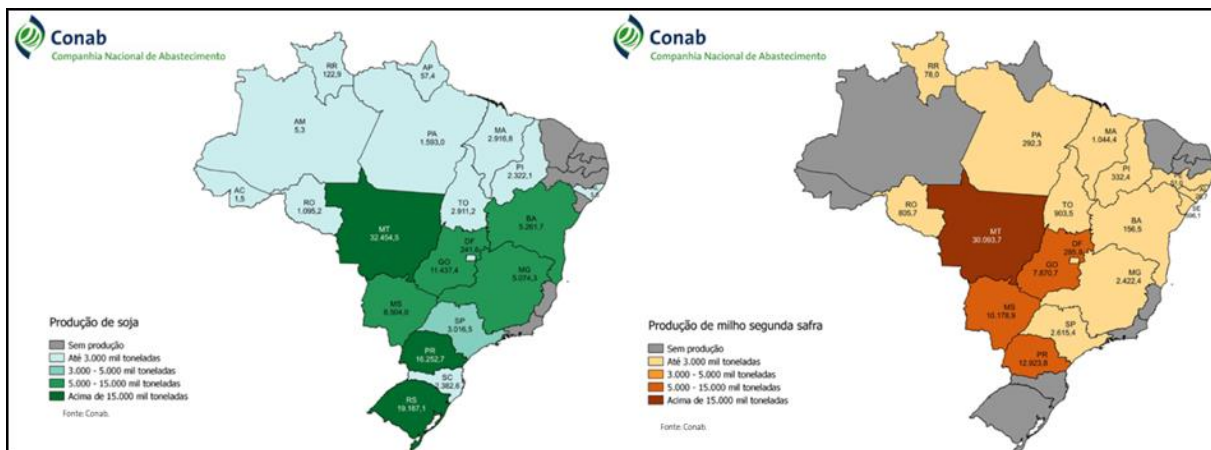
Figura 1 - Histórico de área plantada (hectares) de milho e soja no Brasil.



Fonte: CONAB, 2020.

Do ponto de vista da tecnologia, o milho e a soja interagem no contexto do sistema produtivo, no qual a oleaginosa ocupa o solo no verão, seguida pela gramínea (Figura 2). Em linhas gerais, os produtores passaram a antecipar o cultivo de soja e/ou utilizar sementes de ciclo superprecoce, visando a colheita em período que ainda permita o cultivo de milho, contando com as chuvas entre o final do verão e a primeira parte do outono.

Figura 2 - Mapa da produção agrícola referente a soja e milho segunda safra



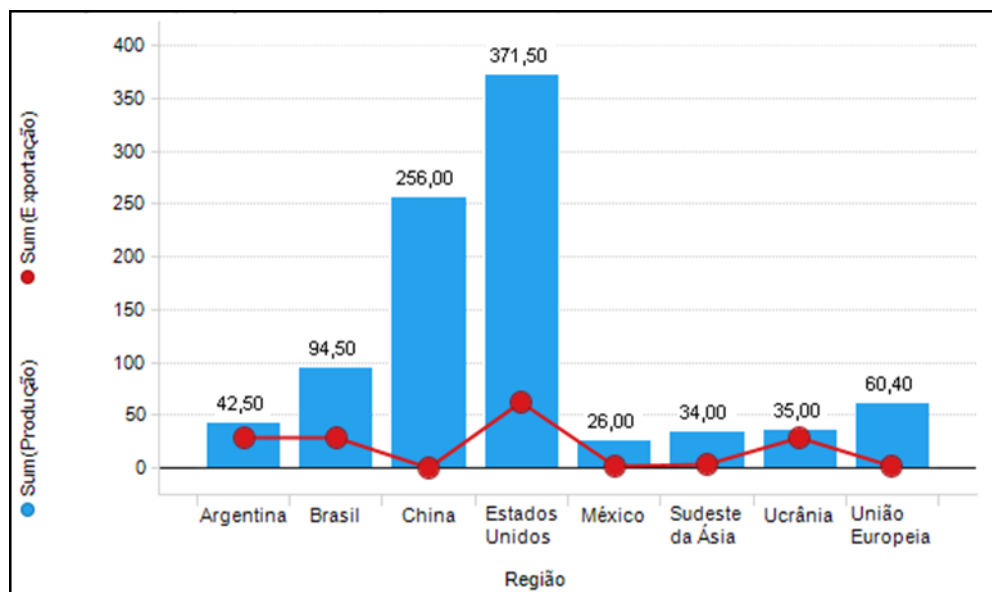
Fonte: CONAB 2019.

No Brasil Central, o cultivo de segunda safra passou a ser uma alternativa para reduzir os custos fixos da atividade agrícola, racionalizando o uso de máquinas, mão de obra, terra ociosa, etc. Graças a técnica do plantio direto, reduz-se o impacto sobre o solo por meio do cultivo mínimo e da sua cobertura contínua com plantas e resíduos vegetais. Também foi importante a liberação do uso comercial de “eventos” geneticamente modificados, a partir de

agosto de 2007. Até o final de 2014, foram cerca de 20 aprovações de “eventos” comerciais para a cultura do milho no Brasil (BARROS e ALVES, 2015).

Portanto, há uma tendência natural de crescimento da importância do milho no contexto global e no doméstico. Países como a China, por exemplo, tendem a elevar de forma significativa seu consumo do cereal, em virtude de seu crescimento econômico e populacional (Figura 3). Este cenário de aumento mundial da demanda representa uma excelente oportunidade para nosso país, um dos poucos que possuem estoques de áreas disponíveis, globalmente. Importante ressaltar que possuímos amplos recursos naturais e tecnologia agrícola de ponta, para aumentar nossa participação no mercado global (SOLOGUREN, 2015).

Figura 3 - Produção e exportação de milho (1.0000 toneladas) nas principais regiões produtoras.



Fonte: Abimilho – USDA, 2019.

## 2.2 O melhoramento do milho

O início do melhoramento genético do milho coincide com a domesticação da espécie, quando o homem deixou de ser nômade e iniciou o processo de seleção, mesmo que de forma inconsciente, e com a propagação das plantas para atender as suas necessidades. Assim, a partir de uma espécie ancestral, o teosinte, foram sendo selecionadas características como espigas maiores, maiores números de grãos e indeiscência delas, que foram gradativamente acumulando nos descendentes, resultando na planta de milho que conhecemos hoje. Essa

primeira “etapa” do melhoramento do milho, que aconteceu há mais de 10.000 anos, é considerada essencialmente arte, pois se baseava na capacidade de observação e escolha do homem, sem a aplicação de nenhum conhecimento científico (DE. LIMA. et.al., 2018).

As variedades também conhecidas como cultivares de polinização aberta, obtidas pela livre polinização de um grupo de indivíduos selecionados, altamente heterozigóticos e heterogêneos, apresentando maior estabilidade produtiva e variabilidade genética predominaram no contexto mundial até 1930, possuíam baixa uniformidade no produto obtido e menor produtividade devido à baixa exploração da heterose, pois no máximo 50% dos locos estão em heterozigose. Com o uso de variedades, há uma redução sensível nos custos de produção, pois estas se adequam aos sistemas de cultivo de baixa tecnologia; ou seja, com menores investimentos em adubação e produtos fitossanitários para controle de pragas, doenças e plantas daninhas. Além disso, esse tipo de cultivar permite que o produtor produza suas próprias sementes, ano após ano, desde que o faça de modo correto (FRITSCHÉ-NETO. et.al., 2015).

No final de 1800 os trabalhos de Darwin, que comparavam a altura de plantas de milho autofecundadas e cruzadas, e de Beal, que desenvolveu os primeiros híbridos intervarietais da espécie, mostraram indícios dos efeitos da heterose em milho. Esses resultados despertaram a comunidade científica para esse fantástico fenômeno, vislumbrando a obtenção dos híbridos em milho, o que impactou drasticamente o nível de produtividade dos cultivares de milho e afetou diversos segmentos a agricultura e até economia (DE. LIMA. et.al., 2018).

O termo heterose foi descrito por SHULL (1948, 1952), e descreve o fenótipo que resulta do cruzamento de duas linhagens endogâmicas diferentes, não definindo uma base genética. FALCONER & MACKAY (1996) definiram heterose como o comportamento superior de plantas híbridas F1 comparado com a média de seus parentais homozigotos para uma mesma característica. Segundo LAMKEY & EDWARDS (1998), existem híbridos que não exibem heterose, porém não pode ocorrer heterose sem hibridação.

Diversos modelos têm sido sugeridos para explicar a base genética da heterose, incluindo as hipóteses de dominância, sobredominância e epistasia (BIRCHLER et al., 2003, 2006; HOCHHOLDINGER & HOECKER, 2007). Todas estas hipóteses sugerem que a contribuição de muitos genes é responsável pelo maior vigor dos híbridos em relação às linhagens endogâmicas. A hipótese de dominância explica a heterose pela ação de complementariedade dos alelos dominantes superiores de ambas as linhagens endogâmicas



parentais de múltiplos locos, enquanto que os alelos recessivos são prejudiciais aos indivíduos.

A hipótese de sobredominância atribui a heterose como interação alélica de múltiplos locos nos híbridos que resultam em características superiores comparado a linhagens homozigotas parentais (SHULL, 1908). Finalmente, a hipótese da epistasia considera as interações epistáticas interalélicas de dois ou mais locos como principal fator de superioridade na expressão fenotípica de uma característica em híbridos e envolve os efeitos epistáticos aditivo x aditivo, aditivo x dominante e dominante x dominante (POWERS, 1945; BETRÁN et al., 2004).

Atualmente diversos programas de melhoramento de milho estão sendo desenvolvidos no Brasil e no mundo, em diferentes universidades, institutos de pesquisa e empresas privadas multinacionais. Cada um destes segmentos contribui para o desenvolvimento da cultura, basicamente com o objetivo principal de desenvolvimento de híbridos (DE LIMA. et.al., 2018).

Os híbridos de milho resultam do cruzamento entre indivíduos geneticamente distintos e homozigotos, visando a utilização prática da heterose. Entre as vantagens da utilização de híbridos estão: 1) associar características de distintos genitores; 2) obter genótipos superiores num prazo relativamente curto; 3) utilizar interações gênicas na geração híbrida; 4) produzir genótipos uniformes; 5) menor interação dos híbridos x ambientes e, 6) produzir semente de milho híbrido em escala comercial, com reflexos gerais favoráveis sobre a economia da região (PATERNIANI, 1978).

### **2.3 Estratégias de melhoramento do Milho**

Diversos tipos de híbridos de milho foram descritos por SAWAZAKI & PATERNIANI (2004), vale a pena ressaltar os mais utilizados comercialmente atualmente:

1) Híbrido Simples – resultante do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas divergentes (linhagem A x linhagem B). Caracteriza-se por sua uniformidade e maior potencial de produtividade. A semente tem um custo de produção mais elevado, devido à baixa produtividade da linhagem endógama utilizada como fêmea.

2) Híbrido Simples Modificado – segue o esquema do híbrido simples, diferindo quanto ao progenitor feminino, que passa a ser um híbrido entre duas linhagens aparentadas,

tendo a seguinte constituição:  $[(A \times A') \times B]$ . Esse procedimento diminui o custo de produção de sementes, dependendo do vigor do híbrido utilizado como progenitor feminino.

3) Híbrido Triplo – obtido do cruzamento de um híbrido simples  $(A \times B)$ , utilizado como progenitor feminino, com uma terceira linhagem (C). A linhagem polinizadora deve ser suficientemente vigorosa para poder ser plantada intercalada ao híbrido e produzir uma quantidade de pólen que garanta uma produção de grãos satisfatória nas linhas femininas.

4) Híbrido Duplo – resultante do cruzamento de dois híbridos simples  $[(A \times B) \times (C \times D)]$ . Apresenta maior variabilidade genética que os tipos anteriores, sendo, portanto, menos sujeito a vulnerabilidade, além de ter menor uniformidade e custo da semente.

A comparação de híbridos simples, triplos e duplos com relação à uniformidade, à estabilidade e à produtividade de grãos envolvendo um mesmo conjunto de linhagens foi verificado por WRICKE & WEBER (1986), os quais identificaram que o grau de uniformidade foi maior nos híbridos simples, seguidos pelos triplos e duplos. A maior uniformidade dos híbridos simples é uma vantagem para os agricultores, principalmente quando as cultivares são estáveis nos vários ambientes e ao longo dos anos. Os híbridos duplos foram mais estáveis que os triplos porque eles se constituem de uma mistura de genótipos.

Um aspecto importante que deve ser considerado nas comparações é que os híbridos simples oferecem mais oportunidade para a seleção de efeitos epistáticos em combinações gênicas específicas. Os híbridos modernos toleram melhor as altas densidades e os estresses bióticos e abióticos do que os híbridos mais antigos (BÉTRAN et al., 2004).

Em um programa de melhoramento visando à obtenção de híbridos de milho, as etapas envolvidas são: escolha de populações, obtenção de linhagens, avaliação da capacidade de combinação das mesmas, teste intensivo dos híbridos obtidos além de produção de sementes genéticas e comerciais (PATERNIANI & CAMPOS, 2005).

Atualmente, as fontes preferenciais para extração de novas linhagens têm sido formadas a partir de materiais-elite, como populações biparentais ou sintéticos de linhagens-elite, dentro de cada grupo heterótico. As linhagens elite do programa de melhoramento são cruzadas entre si, em ciclos subsequentes, respeitando-se os grupos heteróticos. Neste processo são obtidas novas linhagens com caracteres superiores aos seus parentais, devido ao aumento da frequência de alelos favoráveis, a correção de defeitos em linhagens-elite e ao maior nível de heterose quando cruzadas com linhagens do grupo heterótico complementar. Entretanto é necessário a inclusão de fontes de variabilidade externa ao núcleo de genótipos utilizado no processo de reciclagem, pois, a longo prazo, as linhagens recicladas tendem a se

tornar geneticamente relacionadas, podendo limitar o desenvolvimento de híbridos superiores (DE. LIMA. et.al., 2018).

Até o final da década de 2000, os programas de melhoramento de milho utilizavam autofecundações sucessivas para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas (BORÉM, 2001). No processo tradicional, o avanço de endogamia aumenta a variabilidade entre indivíduos na população, permitindo maior eficiência no processo de seleção de plantas superiores, visto que as plantas portadoras de alelos recessivos desfavoráveis podem ser eliminadas quando se tornam homozigotas (HALLAUER et al., 2010).

Em programas de melhoramento que visam ao desenvolvimento de híbridos, a seleção de progênes superiores para caracteres de herança mais complexa, como produtividade de grãos, deve ser realizada em cruzamentos-teste, utilizando testadores apropriados, para a produção de híbridos *testcrosses* que serão avaliados em experimento de campo. Os testadores utilizados em programas de melhoramento de milho são linhagens-elite geralmente já utilizadas comercialmente, com alta frequência de alelos favoráveis (alta capacidade geral de combinação), são bons polinizadores e pertencem a grupos heteróticos opostos aos das progênes que se pretende avaliar. Isto permite a seleção de novas linhagens com alta capacidade específica de combinação com o testador, identificação de híbridos *testcrosses* com alta heterose para produtividade de grãos e portadores de caracteres agrônômicos de interesse, com alto potencial para uso comercial direto (DE. LIMA. et.al., 2018).

Outro método utilizado para obtenção de linhagens é o duplo haploide em milho, baseado na obtenção de indivíduos haploides e posterior duplicação de seu genoma, de forma espontânea ou artificial (PRIGGE et al.). O método é composto pelas etapas de indução a haploidia, identificação de haploides, duplicação cromossômica. Após uma geração de autofecundação obtém-se as linhagens da geração DH-1 para realização dos testes *per se* e *Top-crosses*, da mesma forma que linhagens obtidas pelo método convencional.

Os esquemas de análise dialélica têm sido amplamente utilizados no melhoramento para estudo da capacidade combinatória de genótipos de milho desde linhagens a populações de ampla base genética. As primeiras referências ao termo dialelo são de Schmidt, citado por FYFE & GILBERT (1963), que o define como o acasalamento de p1 animais fêmeas cada uma com um de grupo p2 machos. As metodologias de análise dialélica visam analisar o delineamento genético, provendo estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres. Os híbridos obtidos devem ser testados em múltiplos ambientes para se obter informações sobre o padrão de resposta ao genótipo, ou mesmo buscando a detecção de

macrorregiões de adaptação para que a indicação de cultivo seja mais pontual ou regionalizada.

A última etapa do programa de melhoramento é a produção de sementes genéticas e comerciais, caracterizada pela contratação de áreas de terceiros por parte da empresa detentora dos direitos de produção do cultivar, estabelecendo o sistema de parcerias entre a empresa e os cooperados. De maneira geral a empresa possui vários pré-requisitos para estabelecer o contrato, além de fornecer as sementes, insumos e recomendações necessárias, sendo o cooperado responsável pela aplicação dos produtos e fornecimento de infraestrutura. Esta etapa requer maior investimento financeiro, pelas análises de adaptabilidade e estabilidade, pode-se quantificar os níveis de interferência dos efeitos ambientais sobre as linhagens em suas multiplicações e produção dos híbridos, identificando aqueles que apresentam comportamentos previsíveis, com média elevada, e que sejam responsivos, ou não, à melhoria ambiental, além de identificar macrorregiões de cultivo, nas quais o padrão de ranqueamento de genótipos é pouco afetado pela interação GxA.

#### **2.4 Interação genótipos por ambientes**

De maneira geral, a interação GxA decorre de uma não coincidência de desempenho dos genótipos, em relação ao seu comportamento esperado, quando testados em diferentes ambientes. Em termos genéticos, a interação ocorre quando a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter, aos seu nível de expressão, não é coincidente entre os ambientes (KANG; GAUCH JUNIOR, 1996) pois a expressão dos genes é influenciada e, ou, regulada pelo ambiente.

Em programas de melhoramento de plantas existe a busca constante pela seleção e recomendação dos melhores genótipos ou cultivares no que se refere à produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes. Neste processo, a interação entre genótipos e ambiente GxE representa um dos maiores desafios aos melhoristas (CARVALHO et al., 2005). O ideal seria encontrar um genótipo que apresentasse, por exemplo, alta produtividade associada a uma baixa interação GxA, ou seja, independente do ambiente de cultivo, que a variação de produtividade fosse mínima (DE LIMA. et.al., 2018).

Essa interação pode ser percebida pelas respostas diferenciadas de genótipos quando avaliados em diferentes ambientes (ano, local, época de semeadura, entre outros), ou seja, quando os genótipos não possuem performances semelhantes em todos os ambientes de teste

(CROSSA, 1990). A interação G x E representa o principal motivo por que diversos experimentos devem ser conduzidos em vários ambientes, os denominados ensaios multiambientais (MET – multienvironment trials) (GAUCH, 1992).

De acordo com Allard e Bradshaw (1964), as variações ambientais que contribuem para a interação com os genótipos podem ser classificadas em dois tipos: previsíveis e não previsíveis. O primeiro tipo abrange aquelas características do clima cuja variação é previsível, tais como local, solo, comprimento do dia, insolação e as variações ambientais determinadas pela ação do homem, como, época e densidade de semeadura, níveis de adubação e outros tratamentos culturais. As variações imprevisíveis são as oscilações no clima que não podem ser previstas, tais como volume e distribuição das chuvas, variações da temperatura e outros.

A resposta dos genótipos frente a esse tipo de variação pode ser classificada como do tipo simples onde ocorre interação com ambientes, mas que não ocasiona grandes problemas como a seleção, pois a classificação dos genótipos nos ambientes não é alterada, ou complexa onde normalmente, existe um genótipo mais adaptado para cada ambiente.

As respostas diferenciadas dos genótipos às variações ambientais tais como, oscilação de temperatura, altitude, ocorrência de doenças, tipo e fertilidade do solo, entre outras, são atribuídas às diferentes constituições genotípicas de cada material, que conferem maior ou menor adaptabilidade e estabilidade de produção.

Existe uma concordância entre os melhoristas de plantas de que a interação GxE tem um importante significado para a obtenção de variedades superiores. Isso se deve ao fato de que a existência da mesma produz uma barreira de dificuldades na identificação de genótipos superiores, tanto no processo de seleção, quanto no processo de recomendação de cultivares. Essa interação indica que o comportamento dos genótipos nos experimentos depende principalmente das condições ambientais a que foram submetidos. Assim a resposta obtida de um genótipo, em comparação a outro, é variável, sendo que essas variações se apresentam devido à mudança de ambientes (ARAÚJO; DIAS, 2006).

Para atenuar a interação genótipos x ambientes algumas medidas podem ser tomadas, tais como: a) identificar uma cultivar específica para cada ambiente, b) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica e c) realizar o zoneamento ecológico ou estratificação ambiental (RAMALHO et al., 2012).

## **2.5 Adaptabilidade e estabilidade fenotípica**

Na literatura são descritas diversas metodologias para se estimar os parâmetros relacionados com a adaptabilidade e estabilidade de genótipos. Cada uma delas possui vantagens e desvantagens. Detalhes sobre elas podem ser encontrados em Crossa (1990), Cruz e Carneiro (2004) e Lin, Binns e Lefkovitch (1986).

Cruz e Carneiro (2004) especificam diferentes conceitos de adaptabilidade e estabilidade, e dentro desses estão as definições de Mariotti et al. (1976), que definem o termo adaptabilidade como a capacidade dos genótipos responderem vantajosamente à melhoria do ambiente; uma vantagem do ponto de vista do rendimento agrícola. Já, a estabilidade é a capacidade de os genótipos apresentarem comportamento altamente previsível em função das variações ambientais.

Segundo Lin, Binns e Lefkovitch (1986), existem três conceitos de estabilidade: Tipo 1: a cultivar será considerada estável se sua variância entre ambientes é pequena; tipo 2, ocorre quando a resposta da cultivar ao ambiente é paralela ao desempenho médio de todas as cultivares avaliadas nos experimentos; tipo 3, a cultivar será estável se o quadrado médio dos desvios de regressão que avalia a estabilidade é pequeno. Posteriormente, Lin e Binns (1988) propuseram um quarto tipo, segundo os autores, a cultivar será considerada estável se o quadrado médio da interação genótipos x anos dentro dos locais for pequeno.

A análise AMMI combina, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação GxE. Gauch & Zobel (1996) informam que esta análise pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, como na realização do chamado zoneamento agrônomico, com fins de recomendação regionalizada e seleção de locais de teste. Zobel et al. (1988) sustentam que o método AMMI permite uma análise mais detalhada da interação GxE, garante a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

## **2.6 AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis)**

Proposto inicialmente por Mandel (1971), o modelo AMMI baseia-se na decomposição das fontes de variação em efeitos aditivos de genótipos e ambientes de modo tradicional e, posteriormente, em efeitos multiplicativos para a interação GxA pela análise de

componentes principais, o que permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação GxA (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988).

A análise AMMI pode auxiliar tanto na identificação de genótipos com alta produtividade e amplamente adaptados, como na realização do zoneamento agrônomico com a finalidade de recomendação regionalizada e seleção de locais de teste (GAUCH; ZOBEL, 1996). O método ainda permite a obtenção de estimativas mais precisas das respostas genotípicas, e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística, através do procedimento biplot (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988). Adicionalmente, também é uma ferramenta apropriada para diagnóstico em situações em que a interação significativa é acompanhada por não significância dos efeitos aditivos principais de genótipos e ambientes ou quando a estrutura da interação GxA é influenciada por "outliers" (SHAFII; PRICE, 1998).

Outra vantagem apresentada pelo modelo AMMI diz respeito à representação gráfica, onde são plotados os escores dos efeitos da interação para cada genótipo e para cada ambiente, simultaneamente. A interpretação é feita observando a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes para o eixo de componentes principais. Escores baixos indicam genótipos e/ou ambientes que contribuem pouco ou quase nada para a interação GxA, sendo, portanto, estáveis. Tais genótipos podem ser recomendados amplamente desde que tenham médias elevadas. Em ambientes estáveis, o ordenamento dos genótipos deve ser mais consistente. Esse tipo de informação permite aos melhoristas selecionar também locais de testes, conforme seus interesses. Portanto, esse gráfico fornece informações sobre a estabilidade de genótipos e de ambientes, além de permitir a realização de zoneamentos ecológicos, com a seleção de locais chaves (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Esse fato é vantajoso na seleção de genótipos, quando comparado com os modelos tradicionais de estabilidade (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988). Nos métodos usuais de regressão linear, estudam-se os efeitos ambientais dentro dos genótipos, o que auxilia no processo de recomendação de cultivares, mas, certamente, não explicita a identificação de relações importantes no discernimento das causas da interação GxA (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

Por esses motivos, o método AMMI tem maior aplicabilidade na análise de dados experimentais na área agrônomico (CROSSA, 1990; CROSSA et al., 1991; DE CAUWR; ORTIZ, 1998; DUARTE; VENCOVSKY, 1999; GAUCH, 1988, 1990, 1992; GAUCH; ZOBEL, 1996; PIEPHO, 1995; THALLAINATHAN; FERNANDEZ, 2001; VARGAS et al., 2001; YAN et al., 2001; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988).

### 3 MATERIAIS E MÉTODOS

#### 3.1 Descrição dos experimentos

Os dados analisados neste estudo foram fornecidos pela Empresa Bayer, divisão *Crop Science* na área funcional *Product Supply*. Avaliou-se 24 linhagens de milho, selecionadas dentre o conjunto de fêmeas e polinizadores, considerando os riscos agrônômicos para: esqueletonização, blasting, grãos ardidos e silkbaling, além da suscetibilidade ao Complexo de enfezamentos, Mancha Branca, Mancha de Turcicum e Mancha de Cercospora (Tabela 1). As linhagens selecionadas são as de maior importância econômica, pois compõe os principais híbridos comercializados pela companhia nos últimos anos.

Tabela 1 - Codificação de linhagens de milho associado as principais características fenotípicas.

| Linhagem | TSIR | TBLR | ROTGR | SBLR | CSS | WS | HT | GLS |
|----------|------|------|-------|------|-----|----|----|-----|
| L1       | B    | A    | C     | A    | M   | MS | MS | MR  |
| L2       | C    | C    | B     | B    | S   | MS | MR | MS  |
| L3       | C    | A    | -     | -    | M   | S  | -  | MS  |
| L4       | B    | D    | D     | C    | MR  | R  | R  | R   |
| L5       | C    | D    | D     | A    | S   | S  | S  | R   |
| L6       | C    | C    | D     | A    | MR  | S  | S  | MS  |
| L7       | A    | C    | B     | A    | M   | MR | MS | M   |
| L9       | B    | B    | B     | B    | M   | R  | R  | R   |
| L10      | A    | A    | C     | B    | R   | R  | R  | R   |
| L11      | C    | A    | D     | D    | MR  | R  | R  | M   |
| L12      | B    | C    | B     | A    | R   | -  | -  | -   |
| L13      | B    | C    | B     | A    | R   | -  | -  | -   |
| L14      | C    | B    | C     | D    | R   | R  | R  | R   |
| L15      | D    | B    | D     | C    | MR  | R  | MR | S   |
| L16      | C    | D    | C     | B    | MR  | MR | R  | R   |
| L17      | A    | D    | D     | B    | M   | MS | MR | MR  |
| L18      | D    | A    | D     | B    | S   | M  | MR | MS  |
| L19      | C    | B    | D     | C    | MR  | MR | R  | R   |
| L20      | D    | C    | D     | B    | MR  | R  | R  | MS  |
| L21      | B    | A    | B     | C    | MR  | M  | MR | MR  |
| L22      | B    | C    | C     | A    | R   | R  | R  | R   |
| L23      | B    | D    | C     | C    | R   | R  | R  | R   |
| L24      | B    | D    | D     | A    | R   | R  | R  | R   |
| L25      | B    | B    | B     | B    | M   | R  | S  | M   |

Legenda: TSIR – Skelotinizacão; TBLR – Blasting; ROTGR - Rotten Grain; SBLR – Silkbaling; CSS – Corn stunt risk; WS - Mancha Branca; HT - Mancha de Turcicum; GLS - Mancha de Cercospora; R – Resistente; MR – Moderadamente resistente; M – Moderado; MS – Moderadamente suscetível; S – Suscetível; A – Baixo risco; B – Moderado risco; C – Alto risco; D – Altíssimo risco;

Fonte: Bayer, 2020.



Os experimentos foram instalados durante 7 safras (Verão e safrinha) em 9 diferentes ambientes (Tabela 2 e Figura 4) nas regiões sul, sudeste e centro oeste, no período de 2016 a 2019. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados. As parcelas foram constituídas de quatro linhas com 5 metros de comprimento, espaçadas 0,70m entre linhas. A densidade populacional foi de 85 mil sementes ha-1.

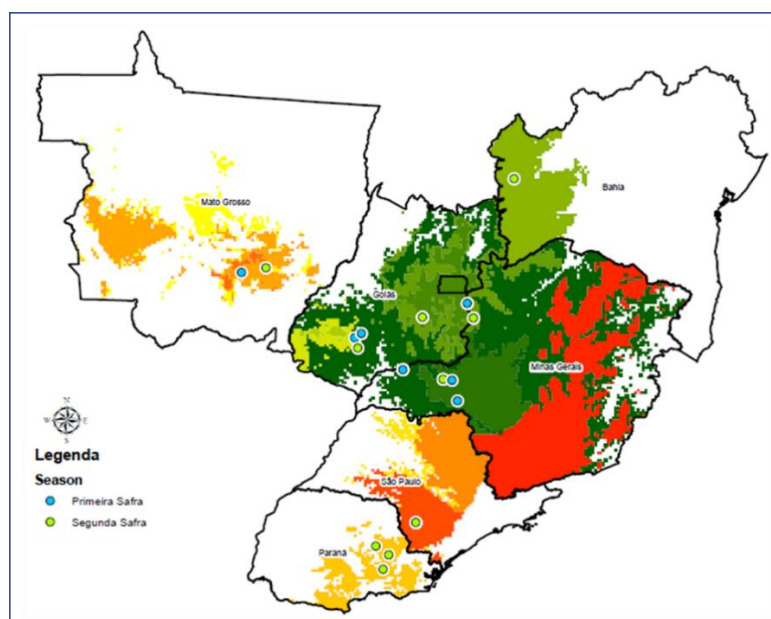
Realizou-se manejo nutricional conforme adubação padrão dos campos de produção de sementes, ou seja, 200 kg de Nitrogênio, 110 kg de Fósforo e 130 kg de Potássio por hectare. O manejo de plantas infestantes, pragas e doenças foi efetuado mediante ao monitoramento dos índices de dano econômico para a cultura do milho.

Tabela 2 - Relação dos ambientes e locais de plantio das linhagens de milho.

| Ambiente | Estado              | Localização                       |
|----------|---------------------|-----------------------------------|
| 1.3c     | São Paulo           | Itapeva                           |
| 1.3a     | Paraná              | Castro, Ponta Grossa, Tibagi      |
| 2.2a     | Minas Gerais        | Uberlândia, Uberaba, Indianópolis |
| 2.2b     | Minas Gerais, Goiás | Cachoeira Dourada, Rio Verde      |
| 2.3a     | Goiás               | Bela Vista de Goiás               |
| 2.3b     | Minas Gerais        | Paracatu, Unaí                    |
| 2.3c     | Bahia               | Luis Eduardo Magalhães            |
| 2.3e     | Goiás               | Rio Verde                         |
| 5.1b     | Mato Grosso         | Campo Verde, Primavera do Leste   |

Fonte: Bayer, 2020

Figura 4 - Mapa de distribuição dos locais dos ensaios na primeira e segunda safra de milho



Fonte: Bayer, 2020.

A característica avaliada foi produtividade de grãos, em quilos por parcela. A colheita foi realizada atendendo os padrões pré-estabelecidos pela empresa por meio de protocolo de trabalho, levando em consideração diferenças entre as linhagens quanto à precocidade e padronizando a umidade dos grãos entre 18 e 24%, e em seguida, corrigida para 13% de umidade.

### 3.2 Análises estatísticas

Os dados de produtividade das linhagens em ensaios foram analisados pelo método AMMI, com o auxílio do software estatístico R, conforme modelo apresentado a seguir:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \epsilon_{ij}$$

Onde  $Y_{ij}$  é a média do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, de  $i=1,2,\dots,g$  e  $j=1,2,\dots,e$ ;  $\mu$  sendo a média geral;  $g_i$  e  $e_j$  são os efeitos do  $i$ -ésimo genótipo e o  $j$ -ésimo ambiente;  $\lambda_k$  sendo o  $k$ -ésimo valor singular da matriz (GE) com  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \lambda_n$ ;  $\gamma_{ik}$  e  $\alpha_{jk}$  são os elementos dos  $k$ -ésimos valores singulares com relação aos  $i$ -ésimos genótipos e  $j$ -ésimos ambientes;  $\rho_{ij}$  é o resíduo da interação  $G \times E$ ;  $n$  são os números dos componentes principais retidos no modelo;  $r$  é o número de blocos ou repetições e  $\epsilon_{ij}$  é o erro médio experimental associado ao  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, assumido que o erro seja independente  $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2_r)$  (HONGYU et al., 2014).

A primeira parte, os efeitos principais na fase aditiva (média geral de genótipo e ambientes), são ajustados por uma análise comum de variância aplicada na matriz de média ( $Y (g \times e)$ ), produzindo assim os resíduos de não aditividade. Essa interação  $G \times E$ , dada por  $(ge)_{ij}$  constitui a parte multiplicativa do modelo, na segunda parte, a interação é analisada por decomposição de valores singulares (DVS) ou por análise de componentes principais da matriz de interação ( $GE (g \times e) = [(ge)_{ij}]$ ) (DIAS & KRZANOWSKI, 2006).

A matriz de interação entre genótipo e ambientes, (matriz de resíduos dos efeitos principais), é chamada de matriz GE, em que cada elemento  $(ge)_{ij}$  da matriz é dado por (HONGYU et al., 2014):

$$(ge)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..}$$

Onde  $Y_{ij}$  é a média das repetições do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ , com  $i=1, 2, \dots, g$  e  $j=1, 2, \dots, e$ ;  $Y_{.i}$  é a média do genótipo  $i$ ;  $Y_{.j}$  é a média do ambiente  $j$  e  $Y_{..}$  é a média geral do experimento.

Para a seleção dos eixos principais a serem retidos com o objetivo de explicar e representar graficamente a interação genótipo ambiente, foram adotados os métodos usados por Gauch & Zobel (1998), levando em consideração a proporção da soma dos quadrados da interação original ( $SQG \times E$ ) acumulada até o  $n$ -ésimo eixo:  $(P_{nk} = 1 - \lambda_{2k} / SQG \times E)$ . Assim o ponto de parada para a seleção do modelo na família AMMI ( $AMMI_0, AMMI_1, \dots, AMMI_n$ ), é obtido com base nos testes de significância FGollob, para as sucessivas interações baseando nas significâncias dos testes F. O método Gollob (1968) é um dos mais usados para atribuir graus de liberdade no modelo AMMI, sendo a expressão:  $GL_{pck} = g + e - 1 - 2k$ , sendo  $g$  o número de genótipo e  $e$  o número de ambientes e  $n$  o número de componentes principais da matriz de interação. Assim o teste distribui os graus de liberdade às Somas de Quadrados  $SQK = \lambda_{2k}$  com  $k= 1, 2, \dots, p$  e  $r$  o número de repetições, contando o número de parâmetros no  $k$ -ésimo termo multiplicativo. Assim o teste F é calculado como uma análise de variância para modelos lineares supondo a hipótese nula que o numerador e denominador do teste F são distribuídos independentemente como uma variável qui-quadrado (CORNELIUS et al., 1996). Sendo o ponto de parada para a escolha do modelo o  $n$ -ésimo componente principal da interação significativo do teste F (GOLLOB, 1968).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Efeito da interação GXE em linhagens de milho na primeira safra

Na Tabela 3, apresenta-se a análise de variância conjunta, além do desdobramento da interação genótipo  $\times$  ambiente efetuada com os dados de produtividade das linhagens (kg/parcela) para a safra de verão. Pela análise de variância ao nível de 0,1% de significância ( $p < 0,001$ ) percebeu-se que o efeito de genótipos, ambientes e interação  $G \times E$  foram significativos. As somas de quadrados (SQ) correspondem a 20,45%, 9,53% e 9,09%, respectivamente da soma de quadrados total. Isso indica que genótipos apresentam diferentes comportamentos nos ambientes no qual os experimentos foram conduzidos. Assim, podemos observar que esta interação reflete diretamente na existência de linhagens de milho com adaptação específica e outras com adaptação ampla, justificando um estudo de comportamento dos genótipos a fim de identificar a interação dentre os ambientes.

Tabela 3 - Análise de variância e significância dos efeitos dos genótipos, ambientes e genótipo  $\times$  ambientes para o caráter produtividade de grãos referente à avaliação de linhagens de milho durante a primeira safra (verão).

| Fonte de Variação | GL   | SQ     | QM    | F      | Valor-p        |
|-------------------|------|--------|-------|--------|----------------|
| Ambientes (E)     | 8    | 131729 | 16466 | 39.420 | $< 2e-16$ ***  |
| Genótipos (G)     | 23   | 282800 | 12296 | 29.436 | $< 2e-16$ ***  |
| Interação (GxE)   | 144  | 125681 | 873   | 2.089  | $7.37e-12$ *** |
| Blocos Ambientes  | 13   | 31457  | 2420  | 5.793  | $1.40e-10$ *** |
| Resíduos          | 1941 | 810768 | 418   |        |                |

Legenda: \*\*\* Significativo a 0,001 de probabilidade.

Fonte: BAYER, 2020.

Um dos resultados de maior interesse na Tabela 3 pela análise AMMI é a soma de quadrados da interação  $G \times E$ . Em virtude disto, faz-se necessário realizar um ajuste da interação por decomposição em valores singulares, aplicada à matriz de interação  $G \times E$ , ou seja, pode ser decomposta em componentes principais. Na análise AMMI (Figura 5), os dois primeiros componentes explicam 65,8% da variação total da interação  $G \times E$  (45,9% em PC1 e 19,9% em PC2), sendo suficientes para avaliar estabilidade e adaptabilidade dos genótipos.

Crossa et al. (1991) comentam que uma característica marcante de modelos multivariados, incluindo a análise AMMI, é que eles captam grande parte do padrão nos primeiros eixos principais, relegando aos eixos subsequentes cada vez menos padrão e mais ruídos. No trabalho de Zobel et al. (1998), um dos precursores na aplicação desse tipo de

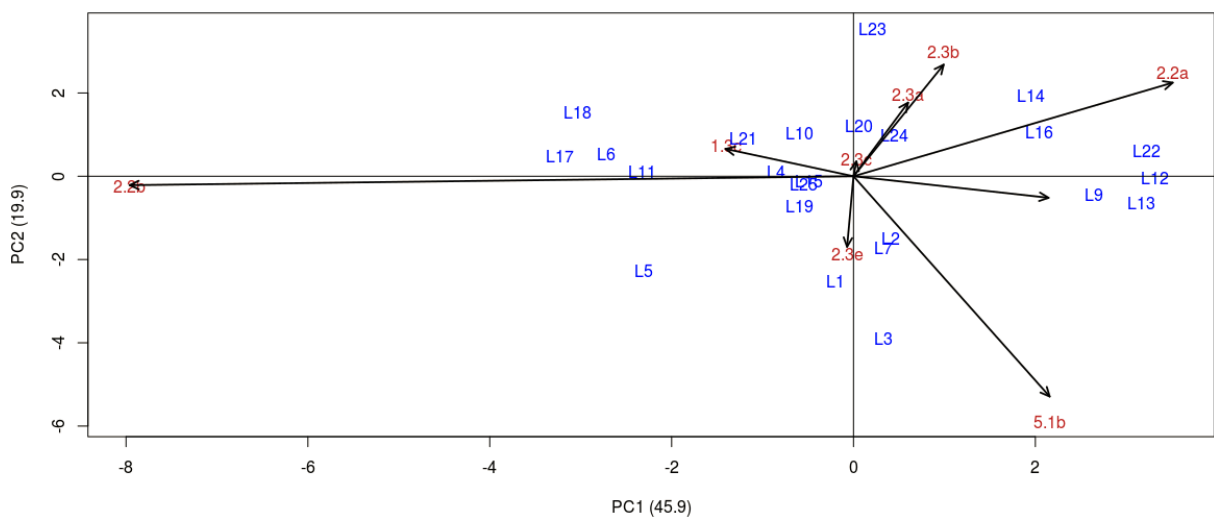
análise no melhoramento de plantas, o primeiro componente captou 71% da SQGxE, indicando que este eixo concentra a maior proporção do padrão de resposta diferencial dos genótipos diante dos ambientes. Entretanto vários outros autores utilizam o mesmo tipo de representação apesar de terem verificado uma menor proporção da SQGxE, explicada pelo primeiro eixo singular, a saber: 60% (Eyhérabide et al., 1997), 54,6% (Crossa et al., 1990) e 28,6% (Arias, 1996).

Analisando o Biplot AMMI2 (Figura 5) com dados de produtividade de grãos de milho, é possível identificar que as linhagens L2, L4, L7, L10, L15, L19, L20, L24 e L25, estão situadas próximo da origem, contribuindo menos para a interação GxA, sendo consideradas as mais estáveis, mostrando-se amplamente adaptadas aos ambientes de produção. Os ambientes mais promissores para esta variável são 2.3a, 2.3c e 2.3e.

As linhagens L12, L13, L17, L18 e L22, associadas aos ambientes 2.2b e 5.1b, apresentaram menor estabilidade, sendo um indicativo importante em função de sua adaptabilidade restrita, é necessário identificar especificidades permitindo aproveitá-las vantajosamente no momento da recomendação e alocação dos campos de produção de sementes genéticas.

Na Figura 5 foi possível identificar interações específicas entre linhagens e ambientes. As linhagens L6, L11, L17, L18 e L21 obtiveram adaptação específica ao ambiente 1.3c, enquanto as linhagens L9, L12, L13, L14, L16 e L22 apresentaram adaptação específica ao ambiente 2.2a, e por fim, a linhagem L23 interagiu positivamente ao ambiente 2.3b.

Figura 5 - Biplot AMMI2 com dados de produtividade de grãos de milho (kg/parcela) de vinte e quatro genótipos em nove ambientes.



Fonte: BAYER, 2020.

#### 4.2 Efeito da interação GXE em linhagens de milho na segunda safra (safrinha)

Na Tabela 4, verificou-se, ao nível de 0,1% de significância ( $p < 0,001$ ), que o efeito de genótipos, ambientes e interação G×E foram significativos, e suas somas de quadrados (SQ) correspondem a 16,53%, 26,84% e 9,58%, respectivamente da soma de quadrados total, indicando que genótipos apresentaram diferentes comportamentos nos ambientes no qual os experimentos foram conduzidos.

Tabela 4 - Análise de variância e significância dos efeitos dos genótipos, ambientes e genótipo x ambientes para o caráter produtividade de grãos referente à avaliação de linhagens de milho durante a segunda safra (Safrinha).

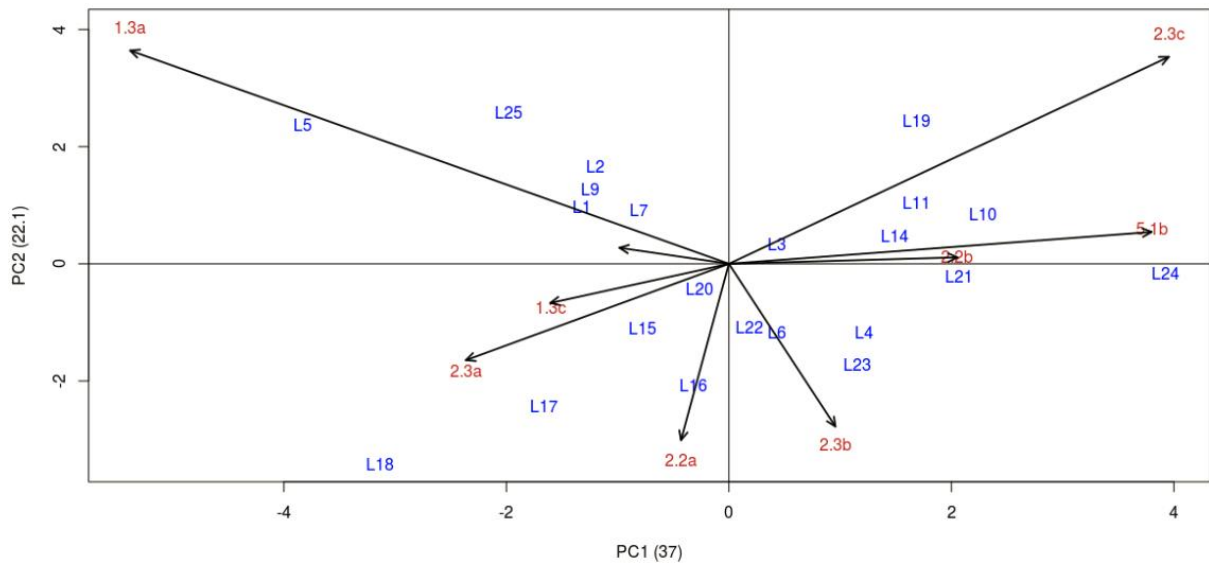
| Fonte de Variação | GL   | SQ     | QM    | F       | Valor-p             |
|-------------------|------|--------|-------|---------|---------------------|
| Ambientes (E)     | 8    | 279305 | 34913 | 105.747 | < 2e-16 ***         |
| Genótipos (G)     | 21   | 172057 | 8193  | 24.816  | < 2e-16 ***         |
| Interação (G×E)   | 135  | 99712  | 739   | 2.237   | 5.5e-13 ***         |
| Blocos Ambientes  | 9    | 1613   | 179   | 0.543   | 0.844 <sup>NS</sup> |
| Resíduos          | 1478 | 487973 | 330   |         |                     |

Legenda: NS: Não Significativo; \*\*\* Significativo a 0,001 de probabilidade.

Fonte: BAYER, 2020.

No Biplot AMMI2 (Figura 6), os dois primeiros componentes tiveram uma contribuição de 59,1% da variação total da interação G×E (37% em PC1 e 22,1% em PC2), valor inferior quando comparado com a safra de Verão, onde foi explicado 65,8% da variação total da interação G×E (45,9% em PC1 e 19,9% em PC2).

Figura 6 - Biplot AMMI2 com os dados de produtividade de grãos de milho (kg/parcela) de vinte e dois genótipos em nove ambientes.



Fonte: BAYER, 2020

Analisando o Biplot AMMI2 com dados de produtividade de grãos de milho é possível identificar que as linhagens L3, L6, L7, L15, L20 e L22 estão situadas próximo da origem, contribuindo menos para a interação GxA, sendo consideradas as mais estáveis, mostrando-se amplamente adaptadas aos ambientes de produção. Os ambientes mais promissores para esta variável são 1.3c e 2.2b.

As linhagens L5, L10, L18, L24 e L25 associadas aos ambientes 1.3a, 2.3c e 5.1b apresentaram menor estabilidade, sendo necessário identificar especificidades para permitir aproveitá-las vantajosamente no momento da recomendação e alocação dos campos de produção de sementes genéticas.

Na Figura 6 foi possível identificar interações específicas entre as linhagens e ambientes. Os materiais L1, L2, L5, L7, L9 e L25 obtiveram adaptação específica aos ambientes 1.3a e 1.3c, enquanto a L17 e L18 obtiveram adaptação ao ambiente 2.3a; a linhagem L16 interagiu positivamente ao ambiente 2.2a, assim como, L4 e L23 ao ambiente 2.3b, L24 ao ambiente 5.1b e as linhagens L10, L11, L14, L19 e L21 ao ambiente 2.2b.

## 5 CONCLUSÕES

Neste estudo, o modelo AMMI demonstrou-se como uma excelente ferramenta na exploração da interação genótipo x ambiente. Foi possível identificar genótipos altamente estáveis e largamente adaptados, sugerindo uma melhor alocação para linhagens visando maximizar a produção de sementes genéticas.

Sugere-se uma revisão de janela de plantio nos ambientes 2.2b e 5.1b para a safra de verão, levando em consideração o caráter produtividade de grãos, pois demonstram menor estabilidade, produtividade e nenhuma adaptação específica.

Na análise AMMI, os dois primeiros componentes (PC1, PC2) explicam 65,8% (Safra verão) e 59,1% (Safra inverno) da variação total da interação  $G \times E$ . Apesar da diferença, o AMMI na safra de verão foi melhor para esse conjunto de dados, explicando maiores variações com os dois primeiros componentes.



## 6 REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. **Implications of genotype x environmental interactions in applied plant breeding**. Crop Science, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, Sept./Oct. 1964.

ARAÚJO, L. B.; DIAS, C, T. S. **Métodos de correlação de autovalores e regressão isotônica nos modelos AMMI** São Paulo, v.24, n.2, p.67-85, 2006.

ARIAS, E.R.A. **Adaptabilidade e estabilidade das cultivares de milho avaliadas no Estado de Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 a 1993/94**. Lavras : ESAL, 1996. 118p. Tese de Doutorado.

BARROS, G. C.; ALVES, L. R. **Visão Agrícola** – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Dez 2015. p 04.

BETRÁN, F.J.; MENZ, M.; BÄNZIGER, M. Corn Breeding. In: SMITH, C.W. (Ed.). **Corn: origin, history, technology and production**. New Jersey: John Wiley & Sons, Inc., 2004. P. 305-399.

BIRCHLER, J.A.; AUGER, D.L.; RIDDLE, N.C. **In search of the molecular basis of heterosis**. The Plant Cell, Waterbury, v.15, p. 2236-2239, 2003.

BIRCHLER, J.A.; YAO, H.; CHUDALAYANDI, S. **Unraveling the genetic basis of hybrid vigor**. Proc. Natl. Acad. Sci., Washington, U.S.A., v.103, p.12957-12958, 2006.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 300p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira**: grãos, nono levantamento, jun. 2019. Brasília: Conab, 2019. Disponível em: [https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos\\_Boletins\\_Graos\\_Junho\\_2019\\_-\\_Completo.pdf](https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos_Boletins_Graos_Junho_2019_-_Completo.pdf)>. Acesso em: 10 jun. 2019.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento de safra brasileira**: grãos, V. 7 - SAFRA 2019/20 - N. 12 - Décimo segundo levantamento SETEMBRO 2020 Brasília: Conab, 2020. Disponível em: [https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos\\_Boletins\\_Graos\\_Setembro\\_2020\\_-\\_Completo.pdf](https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos_Boletins_Graos_Setembro_2020_-_Completo.pdf)>. Acesso em: 27 set. 2020.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **SÉRIE HISTÓRICA DAS SAFRAS**. Brasília: Conab, 2019. Disponível em: [https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20\\_MilhoTotalSerieHist.xls](https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20_MilhoTotalSerieHist.xls)>. Acesso em: 28 jul. 2019.

CROSSA, J. **Statistical analysis of multi-locations trials.** Advances in Agronomy, Madison, v. 44, n. 1, p. 55-85, Feb. 1990.

CROSSA, J. et al. **AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial.** Theoretical and Applied Genetics, Berlin, v. 81, n. 1, p. 27-37, 1991.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas.** Viçosa, MG: UFV, 2004. 585 p.

DE CAUWER, I.; ORTIZ, R. **Analysis of the genotype by environment interaction in Musa trials.** Experimental Agriculture, Baltimore, v. 34, p. 177-188, 1998.

DE LIMA, R. O. et.al. **Melhoramento de Milho: Histórico do melhoramento genético do milho.** 1 ed. Viçosa, MG; Editora UFV, 2018.

DIAS, T. S; HONGYU, K; ARAÚJO, L. B; SILVA, M. J. C; PEÑA, M. G; ARAÚJO, M. F. C; RODRIGUES, P. C; FARIA, P. N; ALARCÓN, A. S. **A metodologia AMMI: com aplicação ao melhoramento genético,** Piracicaba: ESALQ, 2014. 169 p.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução a análise "AMMI".** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p.

EYHÉRABIDE, G. H.; GONZALEZ, A. S. Interactions between testers and Argentine maize landraces. **Maydica,** Bergamo, v. 42, p. 29-38, 1997.

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

FRITSCHÉ-NETO. et.al. **Escolha do cultivar é determinante e deve considerar toda informação disponível – Visão agrícola.** Dez 2015.

Fyfe, J. L., Gilbert, N.: **Partial diallel crosses.** *Biometrics* 19, 278-286 (1963).

GAUCH, H. G. **Full and reduced model for yield trials.** Theoretical and Applied Genetics, Berlin, v. 80, n. 1, p. 153-160, 1990.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs.** New York: Elsevier Science, 1992. 278 p.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. *AMMI analysis of yield trials.* In: KANG, M. S.

*GOLLOB, H.F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of 271 variance techniques. Psychometrika, Colorado Springs, v.33, n.1, p.73-115, 1968.*

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding.** 3rd ed. Iowa: Iowa State University Press/Springer Science, 2010.

HOCHHOLDINGER, F.; HOECKER, N. **Towards the molecular basis of heterosis.** Trends Ecol. Evol., v.12, n.9, p. 427-432, 2007.

KANG, M.S.; GAUCH JUNIOR, H.G. **Genotype by environment interaction.** New York: CRC, 1996. 416 p.

LAMKEY, K.R.; EDWARDS, J.W. **Heterosis: theory and estimation.** In: PROCEEDINGS 34TH ILLINOIS CORN BREEDER'S SCHOOL CONFERENCE, 1998, Urbana. Anais... Urbana: University of ILLINOIS, 1998, p. 62-77.

LERAYER, A. **Guia do milho – tecnologia do campo a mesa.** Conselho de Informações sobre Biotecnologia. set 2010. 15 p.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. **A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data.** Canadian Journal of Plant Science, Ottawa, v. 68, n. 1, p. 193-198, Jan. 1988.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. **Stability analysis: where do stand?** Crop Science, Madison, v. 26, n. 5, p. 894-900, Sept. 1986.

MANDEL, J. **A new analysis of variance model for non-additive data.** Technometrics, Washington, v. 13, n. 1, p. 1-18, 1971.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. 2005. **Melhoramento do Milho.** In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de Espécies Cultivadas. 2 ed. Viçosa: UFV. p. 491-552.

PATERNIANI, M. E. A. G.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P. B.; LUDERS, R. R.; SILVA, R. M. da. **Estimates of genetic parameters in a maize composite and potential for recurrent selection.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, Viçosa, MG, v. 4, n. 1, p. 81-85, Mar. 2004.

PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil.** Campinas: Fundação Cargill, 1978. 650p.

PIEPHO, H. P. **Robustness of statistical test for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial.** Theoretical and Applied Genetics, Berlin, v. 90, p. 438-443, 1995.

POWERS, L. **An expansion of Jone's theory for the explanation of heterosis.** Am. Nat., v.78, p. 275-280, 1945.

Prigge V, Sánchez C, Dhillon BS et al (2011) **Doubled haploids in tropical maize: I.** Effects of inducers and source germplasm on in vivo haploid induction rates. Crop Sci 51:1498–1506

RAMALHO, M. A. P.; DIAS, L. A. dos S.; CARVALHO, B. L. **Contributions of plant breeding in Brazil: progress and perspectives.** Crop Breeding and Applied Biotechnology, Viçosa, MG, v. 12, p. 111-120, 2012. Issue special.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas:** aplicação ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Ed. UFG, 1993. 271 p.

RIBEIRO, P. H. E.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho em diferentes condições ambientais.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, DF, v. 35, n. 11, p. 2213-2222, nov. 2000.

SHAFII, B.; PRICE, W. J. **Analysis of genotype-by-environment interaction using the additive main effects and multiplicative interaction model and stability estimates.** Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics, New York, v. 3, n. 3, p. 335-345, 1998.

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

SHULL, G.H. **What is “heterosis”?** Genetics, Austin, v.33, n.5, 1948, p.439-446.

SOLOGUREN, L. **Visão Agrícola** – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Dez 2015. p 09.

THALLAINATHAN, M.; FERNANDEZ, G. C. J. **SAS applications for Tai's stability analysis and AMMI model in genotype environmental interaction (GEI) effects.** Journal of Heredity, New York, v. 92, n. 4, p. 367-377, 2001.

VARGAS, M. et al. **Interpreting treatment x environment in agronomy trials.** Agronomy Journal, Madison, v. 93, n. 4, p. 949-960, 2001.

WRICKE, G.; WEBER, W.E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding.** Berlin; New York: de Gruyter, 1986.406p.

YAN, W. et al. **Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data.** Crop Science, Madison, v. 41, n. 3, p. 656-663, 2001.

YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. **GGE biplot vs . AMMI analysis of genotype-by-environment data.** Crop Science, v.47, n.2, p.643-653, 2007.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. **Statistical analysis of a yield trial.** Agronomy Journal, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.

**ANEXO A**

**PRODUTO TÉCNICO** – Aspectos relacionados à produção de sementes genéticas (reunião técnica).

A produção de sementes genéticas e comerciais são as últimas etapas do programa de melhoramento de milho, caracterizadas pela contratação de áreas de terceiros por parte da empresa detentora dos direitos de produção do cultivar, estabelecendo o sistema de parcerias entre a empresa e os cooperados. De maneira geral a empresa possui vários pré-requisitos para estabelecer o contrato, além de fornecer as sementes, insumos e recomendações necessárias, sendo o cooperado responsável pela aplicação dos produtos e fornecimento de infraestrutura. Estas etapas, pelas altas extensões, requerem maior investimento financeiro. Análises de adaptabilidade e estabilidade, pode-se quantificar os níveis de interferência dos efeitos ambientais sobre as linhagens em suas multiplicações e produção dos híbridos, identificando aqueles que apresentam comportamentos previsíveis, com média elevada, e que sejam responsivos, ou não, à melhoria ambiental, além de identificar macrorregiões de cultivo, nas quais o padrão de ranqueamento de genótipos é pouco afetado pela interação GxA.

Realizou-se em 2020 uma reunião técnica, onde foi possível propor melhorias para os indicadores de produtividade, qualidade fisiológica, genética e consequentemente custos de produção, aprofundando nos temas: Relação entre produtividade e qualidade fisiológica de sementes; Utilização da interação genótipo x ambiente no posicionamento de linhagens, através de análises de adaptabilidade e estabilidade; Estruturas física e química do solo e sua influência em qualidade fisiológica de sementes; Manutenção de pureza genética em linhagens de milho; Processo de campo para multiplicação de sementes genéticas; Síntese de híbridos pré-comerciais.

