



JOAQUIM VICENTE UATE

**PROGRESSO GENÉTICO E ADAPTABILIDADE
E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE
MILHO AVALIADAS EM ENSAIOS DE VALOR
DE CULTIVO E USO**

LAVRAS - MG

2016

JOAQUIM VICENTE UATE

**PROGRESSO GENÉTICO E ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
DE CULTIVARES DE MILHO AVALIADAS EM ENSAIOS DE VALOR
DE CULTIVO E USO**

Tese 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 Doutor.

Orientador

Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Coorientador

Dr. Lauro José Moreira Guimarães

LAVRAS - MG

2016

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

Uate, Joaquim Vicente.

Progresso genético e adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho avaliadas em ensaios de valor de cultivo e uso / Joaquim Vicente Uate. – Lavras : UFLA, 2016.

77 p.

Tese(doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2016.

Orientador(a): Renzo Garcia Von Pinho.

Bibliografia.

1. BLUP. 2. Ganho Genético. 3. GGE-biplot. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

JOAQUIM VICENTE UATE

**PROGRESSO GENÉTICO E ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE
DE CULTIVARES DE MILHO AVALIADAS EM ENSAIOS DE VALOR
DE CULTIVO E USO**

Tese 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 Doutor.

APROVADA em 29 de Agosto de 2016.

Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho	UFLA
Dr. Lauro José Moreira Guimarães	EMBRAPA
Dr. Márcio Balestre	UFLA
Dr. Samuel Pereira de Carvalho	UFLA

Dr. Renzo Garcia Von Pinho
Orientador

Dr. Lauro José Moreira Guimarães
Coorientador

LAVRAS - MG
2016

Aos *cotas* Helena e Vicente,
Ao casal Sílvia e Gabriel,
Aos kids Hany, Gaby e Vincy,
Às *sisters* Filô, Meriota, Mariana que,
mesmo reclamando pela longa ausência no seio familiar,
em momento algum deixaram de acreditar em mim e,
sempre me incentivaram a continuar em frente,
em especial à Mila Kawa pelo amor e parceria,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Universidade Eduardo Mondlane, pela concessão da licença para os estudos no Brasil.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade concedida para a realização do doutorado.

À PEC-PG/CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

À Embrapa Milho e Sorgo, em particular ao programa de melhoramento de milho pela concessão dos dados para a realização da tese.

Ao Professor Renzo G. Von Pinho e ao Dr. Lauro J.M. Guimarães, pela orientação, ensinamentos, apoio pessoal em vários momentos e pelo exemplo de competência nos campos práticos e o teóricos no que concerne ao melhoramento genético de milho.

Ao Professor João Cândido de Souza, em nome dos demais professores do programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA, pelos ensinamentos transmitidos durante esta jornada.

Ao Joel, em nome de todos os *bradas*, pela amizade e apoio ao longo dos anos, pela agradável convivência e momentos de descontração ao longo do curso.

Ao Eduardo, em nome de todos os técnicos do programa de melhoramento de milho da Embrapa Milho e Sorgo, pela competência e compromisso com o trabalho.

Meu *Khanimambo Swineni* !!!

RESUMO

As variedades de polinização aberta (VPA), os híbridos intervarietais (HI) e os topcrosses (HTC) tem em comum o baixo custo de sementes, tornando-se deste modo atrativos para agricultura familiar. Neste estudo, teve-se como objetivos: (i) estimar o progresso genético (PG) em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) de variedades de milho coordenado pela Embrapa Milho e Sorgo (EMS) no período de 2010/11 a 2014/15; (ii) identificar VPA ou híbridos de milho de baixo custo de sementes com alta adaptabilidade e estabilidade (genótipos ideais) para cultivos na época normal de semeadura, bem como épocas com alguma restrição edafoclimática. Foram utilizados dados de ensaios de VCU de variedades de milho, coordenados pela EMS, no período entre os anos agrícolas de 2010/11 e 2014/15, num total de 117 ambientes, dos quais 95 foram avaliados na primeira época (safra normal) e os restantes 22 ambientes apresentavam alguma restrição edafoclimática. Cada época de plantio teve em média 39 genótipos, sendo alguns avaliados em mais de uma safra, totalizando 81 cultivares diferentes, das quais 56 foram VPA, 8 HI, 8 HTC e 9 híbridos testemunhas, especificamente 3 híbridos duplos (HD), 3 híbridos triplos (HT) e 3 híbridos simples (HS). O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, tendo sido avaliado a produtividade de grãos. Os componentes de variância e os valores genéticos (BLUPs), usados para estimar o PG, foram obtidos via modelos mistos. Os Blups foram posteriormente submetidos a decomposição de valores singulares para a obtenção dos gráficos GGE-Biplot. Com base nos resultados do PG de avanço (PGA) entre pares de anos, observou-se que com a exceção do par de safras 2012/13-2013/14, os restantes pares mostraram PGA positivo, indicando a eficiência do programa na seleção de cultivares de milho com alta produtividade. Com o PG médio anual de 332 kg.ha⁻¹, pode-se inferir que no geral as cultivares selecionadas bem como as introduzidas ao longo das cinco safras em estudo tem tido a tendência de aumentar os alelos favoráveis para a produtividade. O GGE Biplot da análise conjunta, permitiu a formação de três mega-ambientes. Foi possível a identificação de genótipos ideais para os mega-ambientes formados, onde alguns dos HS usados como testemunhas G22 (BRS1055) e G26 (2B707) foram os ideais para o primeiro e o segundo mega-ambientes, respectivamente, o HTC G79 (HTCMS707) e a VPA G42 (Sint 10783) os ideais para o terceiro e segundo maior mega-ambiente, o qual inclui além dos ambientes da época normal de plantio, alguns dos ambientes conduzidos com restrições edafoclimáticas. O programa de ensaios de VCU de variedades de milho coordenados pela EMS, apresenta um PG anual de 332 kg.ha⁻¹. Algumas VPAs não apenas são recomendáveis para os diversos estratos ambientais, como também são as que apresentam maior adaptabilidade e estabilidade em casos de ambientes com restrições para o pleno desenvolvimento da cultura do milho. Existem HTC e HI com adaptabilidade e estabilidade compatíveis com os híbridos comerciais, tornando-se bastante atrativos para agricultura familiar, para o cultivo em ambientes com ou sem estresses edafoclimáticos.

Palavras-chave: BLUP. Ganho Genético. GGE-biplot.

ABSTRACT

The open pollinated varieties (OPVs), the intervarietal hybrids (IH) and topcrosses (HTC) have in common the low cost of seeds, making it attractive for family farming. This study had as objectives: (i) estimate the genetic progress (GP) in crop and use value testing (CUP) of maize varieties, coordinated by Embrapa Maize and Sorghum (EMS) in the period from 2010/2011 to 2014/2015; (ii) identify OPV or maize hybrids of low cost of seeds with high adaptability and stability (ideal genotypes) for crops in the normal sowing time, and times with some edaphoclimatic restriction. It was used CUP testing data of maize varieties, coordinated by EMS, between the agricultural years of 2010/2011 and 2014/2015, with a total of 117 environments, of which 95 were evaluated in the first season (regular season) and the remaining 22 environments had some edaphoclimatic restriction. Each planting season had an average of 39 genotypes, some evaluated in more than one crop, totaling 81 different cultivars, which 56 were OPV, 8 IH, 8 HTC and 9 hybrid witnesses, specifically 3 double hybrids (DH), 3 triple hybrids (TH) and 3 single hybrids (SH). The experimental design used was randomized blocks, and have been evaluated the grain productivity. The variance components and genetic values (BLUPs) used to estimate the GP were obtained by means of mixed models. The BLUPs were subsequently submitted to the singular values decomposition to obtain the GGE-Biplot graphics. Based on the GP results of advance (GPA) between pairs of years, it was observed that, with the exception of the pair of crops 2012/2013 to 2013/2014, the remaining pairs presented positive GPA, indicating the efficiency of the program in the selection of maize cultivars with high productivity. With the annual GP average of $332 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, one can infer that, in general, selected cultivars as well as the cultivars introduced over the five harvests of study have tended to increase favorable alleles for productivity. The GGE-Biplot of the joint analysis allowed the formation of three mega-environments. It was possible to identify optimal genotypes for the formed mega-environments, where some of the SH used as controls G22 (BRS1055) and G26 (2B707) were optimal for the first and the second mega-environments, respectively, the HTC G79 (HTCMS707) and the OPV G42 (Sint 10783) the optimal for the third and second largest mega-environment, which includes beyond the environments of normal season of planting, some of the environments conducted with edaphoclimatic restrictions. The testing program of CUP of maize varieties coordinated by EMS presents an annual GP of $332 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$. Some OPVs are not only recommended for different environmental strata, as are those with greater adaptability and stability in case of environments with restrictions for the full development of maize crop. There are HTC and IH with compatible adaptability and stability with commercial hybrids, making it very attractive for family farming, for crops in environments with or without edaphoclimatic stresses.

Keywords: BLUP. Genetic Gain. GGE-biplot.

SUMÁRIO

	CAPITULO 1 INTRODUÇÃO GERAL	9
1	INTRODUÇÃO	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	Panorama Geral da Cultura do Milho	13
2.2	Progresso Genético	16
2.3	Interação Genótipos por ambientes	18
	REFERÊNCIAS	25
	CAPÍTULO 2 PROGRESSO GENÉTICO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE MILHO AVALIADAS EM ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO .	31
1	INTRODUÇÃO	31
2	MATERIAL E MÉTODOS	35
2.1	Descrição dos ambientes e cultivares	35
2.2	Modelos genético-estatísticos e estimação dos parâmetros	38
2.2.1	Análise de primeiro estágio	38
2.2.2	Estimação dos parâmetros	39
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	43
3.1	Progresso Genético	43
3.2	Adaptabilidade e estabilidade	47
4	CONCLUSÃO	59
	REFERÊNCIAS	61
	ANEXOS	65

CAPITULO 1

INTRODUÇÃO GERAL

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays mays*), principal planta domesticada das Américas, é uma gramínea da família *Poaceae*, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* (LIA et al., 2007). Provavelmente, é a espécie que possui maior variabilidade genética entre todas as plantas cultivadas, decorrente de alterações nas frequências gênicas, que ocorreram durante o processo evolutivo (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). Em geral, a planta de milho possui um único colmo portador de uma ou duas espigas com aproximadamente, 25 cm de comprimento, com grãos dispostos em várias fileiras envolvidas por uma palha (WORDELL FILHO; ELIAS, 2010).

As variedades de polinização aberta (VPA), em média, possuem um menor potencial produtivo que as cultivares híbridas. Entretanto as VPA apresentam um menor custo de sementes por serem obtidas em campos de polinização aberta, onde toda área cultivada é útil para colheita de sementes, ao passo que, para produção de sementes de híbridos, uma parte da área cultivada é ocupada por genitores machos, dos quais as sementes não são aproveitadas comercialmente.

Os híbridos topcrosses e híbridos intervarietais são cultivares com características interessantes para a agricultura, a familiar, em particular, uma vez que podem reunir o baixo custo de produção de sementes, visto que os genitores femininos produzem grande quantidade de sementes, ao bom desempenho produtivo devido a heterose advinda do cruzamento entre genitores complementares.

A obtenção de cultivares superiores a serem utilizados por produtores e consumidores é tarefa base do melhorista (CRUZ; CARNEIRO, 2003), com isto, a quantificação dos ganhos provenientes dos programas de melhoramento sempre foi um dos maiores interesses dos pesquisadores (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Nos programas de melhoramento de milho, é importante que o mérito das novas cultivares seja validado por testes em múltiplos ambientes, tanto no processo de desenvolvimento de variedades como de híbridos. Para tanto, são montadas redes de avaliação de cultivares, com instalação de ensaios de competição em diversas regiões e épocas de cultivos, permitindo a amostragem de variadas condições edafoclimáticas, de níveis tecnológicos e de manejo durante a condução da cultura.

A avaliação de cultivares em diferentes ambientes, normalmente, não produz resultados similares em virtude da interação genótipos por ambientes. Nesta vertente, para a identificação de genótipos superiores, torna-se necessária a quantificação desta interação, tendo sido propostas diversas metodologias complementares à Análise de Variância (ANOVA) para essa finalidade, podendo-se destacar as abordagens AMMI (additive and multiplicative models interaction) e GGE Biplot (YAN et al., 2000).

Embora seja inquestionável a eficiência das abordagens AMMI e GGE (GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008; YAN et al., 2007), elas são deficientes quando se trata de dados desbalanceados, o que é bastante comum em programas de melhoramento de milho. Neste sentido, surge a necessidade de se buscar aliar as vantagens dos modelos mistos, isto é, a capacidade do modelo lidar com dados altamente desbalanceados, heterogeneidade de variâncias e covariâncias residuais e genotípicas (SMITH et al., 2015; STEFANOVA; BUIRCHELL, 2010), à eficiência da interpretação visual dos gráficos GGE Biplot na identificação de cultivares com alta adaptabilidade e estabilidade.

Neste trabalho, destacaram-se como objetivos: (i), estimar o progresso genético em ensaios de VCU de variedades de milho coordenado pela Embrapa Milho e Sorgo no período de 2010/11 a 2014/15; (ii) identificar variedades ou híbridos de milho de baixo custo de sementes com alta adaptabilidade e estabilidade para cultivos na época normal de semeadura, bem como épocas com alguma restrição edafoclimática.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Panorama Geral da Cultura do Milho

O milho (*Zea mays* L.) é um dos cereais de maior importância econômica no mundo, caracterizado pelas diversas formas de utilização, que vão desde a alimentação humana a animal (MÔRO; FRISTSCHE NETO, 2015). É a terceira cultura com maior área cultivada do mundo. Na safra de 2014/15, foram produzidos 1,006 bilhões de toneladas de milho (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA, 2015), o que posiciona esta cultura como a de maior volume de produção mundial. O Brasil é o terceiro maior produtor do cereal (7,8%), atrás da China (25%) e dos Estados Unidos da América com 51% da produção mundial (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 2011).

A cultura do milho ocupou 15,2 milhões de hectares, na safra 2015/2016, sendo a segunda cultura mais plantada no Brasil, respondendo por 39,03% da produção de grãos, sendo superada apenas pela cultura da soja, a qual responde por 48,45% do total produzido no país. A produtividade média do milho no Brasil foi estimada em 5,4 toneladas por hectare, sendo 0,3% superior à da safra anterior (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2016).

Apesar do ligeiro aumento da produtividade por hectare, é esperada uma produção total de 82,3 milhões de toneladas, sendo esta 2,8% menor que a safra 2014/15. Este fato pode ser associado à redução de 7,8% da área plantada em relação à safra anterior (CONAB, 2016). Portanto os crescentes aumentos, na produção e na produtividade do milho, no Brasil, estão mais relacionados ao uso de tecnologias que ao aumento de área de plantio. Nesse contexto, devem-se considerar tanto 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.

A produção de milho no Brasil tem se caracterizado pela divisão em duas épocas de plantio. Os plantios de verão ou primeira safra, que são realizados, durante o período chuvoso, que varia entre fins de agosto, na região Sul, até os meses de outubro/novembro no Sudeste e Centro-Oeste. Recentemente, tem aumentado a produção obtida na chamada safrinha ou segunda safra, que se refere ao milho de sequeiro, plantado entre os meses de janeiro e fevereiro, depois da colheita soja, predominantemente, na região Centro-Oeste e nos estados do Paraná e São Paulo (MIRANDA; DUARTE; GARCIA, 2012).

No último censo agropecuário, realizado em 2006, foram identificados 4,37 milhões de estabelecimentos de agricultura familiar o que representava, naquela época, 84,4% dos estabelecimentos agropecuários brasileiros, possuindo área média de 18,4 hectares por propriedade. Este numeroso contingente de agricultores familiares ocupava uma área de 80,25 milhões de hectares, ou seja, 24,3% da área ocupada pelos estabelecimentos agropecuários brasileiros (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2006).

As mais de 12,3 milhões de pessoas, vinculadas à agricultura familiar, apesar de cultivarem uma área menor com lavouras e pastagens, 17,7 e 36,4 milhões de hectares, respectivamente, são responsáveis por garantir boa parte da segurança alimentar no Brasil, como importantes fornecedores de alimentos para o mercado interno. No caso vertente do milho, em 2006, a agricultura familiar respondeu por 46% do mercado interno (IBGE, 2006).

Atualmente a cultura do milho tem sido implantada com maior tecnificação, em termos de nutrição e controle de pragas, de doenças e de plantas

daninhas, sendo mais indicadas cultivares de milho de maior potencial produtivo, para obtenção de melhores respostas aos investimentos na lavoura. Desta forma, observa-se que grande parte das sementes de milho vendidas no país é de cultivares híbridas.

Dentre as 477 opções de cultivares de milho existentes no mercado brasileiro na safra 2015/16, 323 são de fato materiais genéticos diferentes e os demais 154 são variações de eventos transgênicos. Destes 323 materiais, 191 cultivares são comercializadas na versão convencional, que podem, ainda, ser também comercializadas com algum evento transgênico. Outras 132 cultivares são comercializados apenas em versões transgênicas, não possuindo opções convencionais (CRUZ et al., 2015).

Analisando apenas as 323 cultivares (genótipos diferentes), verifica-se um predomínio de híbridos simples (60,07%). Os híbridos triplos correspondem a 18,57%, seguidos dos híbridos duplos (9,91%) e, por fim, as variedades, os híbridos intervarietais e topcrosses com 11,45% completam as opções de mercado (CRUZ et al., 2015).

Tal como as variedades de polinização aberta, os híbridos *topcrosses* e híbridos intervarietais são pouco utilizados no mercado de sementes. Todavia estes híbridos podem ser alternativas interessantes para o nicho de sementes de menor custo, pois podem apresentar alto potencial de produtividade, devido a alta heterose que pode ser obtida quando são realizados cruzamentos entre parentais derivados de grupos heteróticos complementares.

As variedades de polinização aberta, por sua vez, apresentam menor potencial produtivo que as cultivares híbridas. Entretanto apresentam um menor custo de sementes por serem obtidas, em campos de polinização aberta, onde toda área cultivada é útil para colheita de sementes, ao passo que, para produção de sementes de híbridos, uma parte da área cultivada é ocupada por genitores machos, dos quais as sementes não são aproveitadas comercialmente. Além

disso, para produção de sementes de variedades, é dispensada a operação de despendoamento, enquanto para produção de sementes de híbridos, essa é uma atividade obrigatória e onerosa, a não ser que seja utilizada macho-esterilidade no genitor feminino, o que minimiza os gastos com mão de obra, mas ainda exige monitoramento constante dos campos de sementes para se evitar contaminações com pólen indesejado (GUIMARÃES et al., 2010).

Vale salientar que, no que diz respeito à produção de híbridos simples e triplos, a depressão por endogamia nos genitores endogâmicos culmina com a baixa produção relativa de pólen, reduzindo ainda mais o potencial de produção de sementes.

2.2 Progresso Genético

A obtenção e disponibilização de cultivares superiores, a serem utilizados por produtores e consumidores, é tarefa base do melhorista. Assim, a quantificação dos ganhos genéticos sempre foi de interesse dos pesquisadores, para aferir se os novos materiais genéticos, desenvolvidos nos programas de melhoramento, apresentam-se vantajosos, em relação a cultivares padrões amplamente utilizadas pelos agricultores (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Os progressos genéticos referem-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 (REIS; CASA; BRESOLIN, 2004).

Historicamente, a produtividade tem sido o caráter mais importante em programas de melhoramento de milho. Vencovsky et al. (1986) estimaram, no Brasil, o progresso médio anual de 2%, para produtividade de grãos de milho, no período de 1964 a 1984, tendo sido 1,7% para os híbridos e 2,2 % para as

populações. Coelho, Cruz e Pereira Filho (2003) afirmam que, no Brasil, o melhoramento genético do milho tem contribuído, significativamente, para o aumento da produtividade, tendo ocorrido um incremento médio de 1.618 Kg ha⁻¹ em um período de 31 anos.

De modo geral, dois tipos de métodos têm sido utilizados, para a estimativa 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 como uma função do ano de lançamento das cultivares e 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).

Tanto a comparação de cultivares na mesma safra, como o uso de uma série histórica de ensaios de VCU, ambas as abordagens são capazes de fornecer estimativas válidas de progresso genético vegetal. Entretanto Breseghello et al. (2011) afirmam que no Brasil o uso de metodologias que utilizam dados históricos de VCU são mais, frequentemente, utilizadas, em relação aos outros países, provavelmente, pela influência do trabalho de Vencovsky et al. (1986).

Entre os principais procedimentos para a estimação dos parâmetros genéticos destacam-se os modelos mistos REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada). Essa metodologia tem se consolidado, na avaliação genética de espécies de interesse agrônomo, por permitir a predição de valores genéticos associados às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações por parcela (RESENDE, 2002).

Existem diversos trabalhos na literatura retratando ganhos genéticos empregando-se a abordagem dos modelos mistos. Destas pesquisas, podem ser

citadas: (i) Stefanova e Buirchell (2010), na cultura de tremoço, tendo observado um progresso genético na ordem de 81% no período de 31 anos; (ii) Breseguello et al. (2011), que estimaram o progresso genético, na cultura de arroz, em três fases, de 1984 a 1992 (sem ganho genético significativo), de 1992 a 2002 (0,53%) e de 2002 a 2009 (1,44%) e (iii) o trabalho realizado por Ramalho et al. (2016), com ganho de 57,85%, na cultura do café, estimado pela substituição de cultivares tradicionais por clones superiores, com avaliações durante quatro safras.

Freitas et al. (2013), ao comparar quatro índices de seleção e o método REML/Blup, na avaliação de ganhos genéticos preditos das características de interesse ao programa de melhoramento do milho-pipoca UENF 14, verificaram que o método REML/Blup mostrou-se muito eficiente, tendo selecionado progênies com desempenhos relativos elevados e com ganhos genéticos preditos melhores que os dos índices de seleção testados.

Portanto estudos de progresso genético, em variedades de polinização aberta e híbridos de baixo custo de sementes, usando-se a abordagem dos modelos mistos, são importantes, para a verificação do alcance de avanços em programas de melhoramento que visam ao desenvolvimento e à disponibilização de cultivares para a agricultura familiar.

2.3 Interação Genótipos por ambientes

No processo de desenvolvimento de cultivares, é importante a identificação de materiais geneticamente superiores e que apresentem estabilidade de produção, para as regiões alvo, então, os programas de melhoramento promovem a avaliação das novas cultivares em ensaios de rede, considerando-se múltiplos ambientes. Para tanto, são instalados ensaios de competição, em diversas regiões e épocas de cultivos, visando à amostragem de

variadas condições edafoclimáticas, de níveis tecnológicos e de manejo durante a condução da cultura.

Os fatores bióticos, abióticos, estrutura física e química do solo são componentes que comumente caracterizam diferentes locais ou mesmo local em diferentes épocas de plantio. Estes fatores atuam sobre o genótipo que, conseqüentemente, irá produzir respostas diferentes, em locais ou situações diferentes, no fenômeno denominado interação genótipos x ambientes (GxA), influenciando, posteriormente, a estabilidade de produção (ALLIPRANDINI, 1992). A produtividade de grãos, sendo um caráter quantitativo, é especialmente afetada pela interação com os ambientes de cultivo, apresentando, frequentemente, significância para este efeito (BERNARDO, 2002).

Para Kang e Gauch Júnior (1996), em termos genéticos, a interação ocorre, quando a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter, ou o seu nível de expressão, não é coincidente entre os ambientes. Isso porque a expressão dos genes é influenciada e ou regulada pelo ambiente. Segundo Chaves (2001), a interação GxA resulta, conseqüentemente, da resposta diferencial dos genótipos à variação ambiental e não deve ser vista como um simples efeito estatístico e, sim, como um fenômeno biológico com suas aplicações no melhoramento de plantas.

Tomando-se um exemplo hipotético, no qual dois genótipos são avaliados em dois ambientes, podem ser visualizados os diferentes tipos de expressão da interação GxA, conforme exposto na Figura 1.

Figura 1 - Representação gráfica dos tipos de interação genótipos por ambientes, destacando a ausência de interação (Figuras 1a e 1b), bem como os tipos de interação simples (1c) e complexa (1d). (Continua)

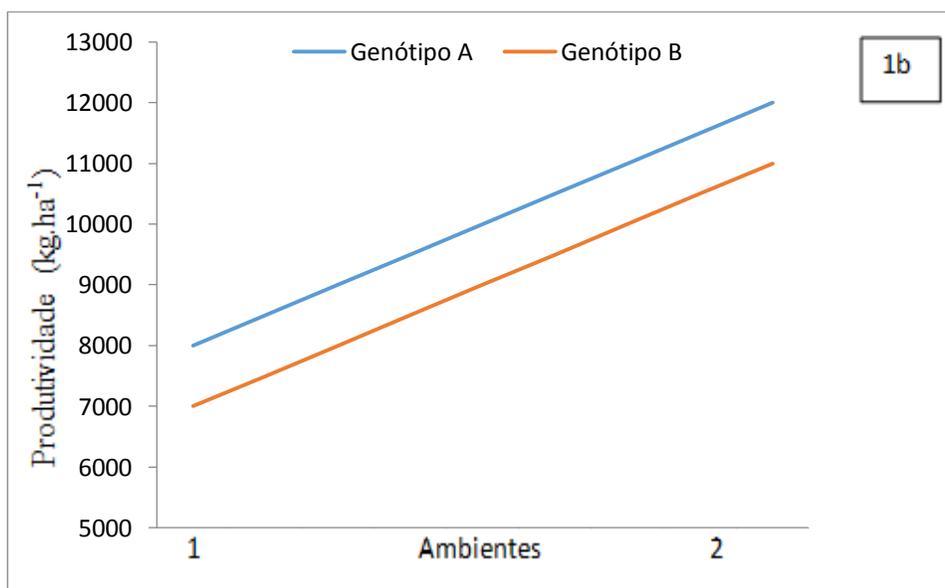
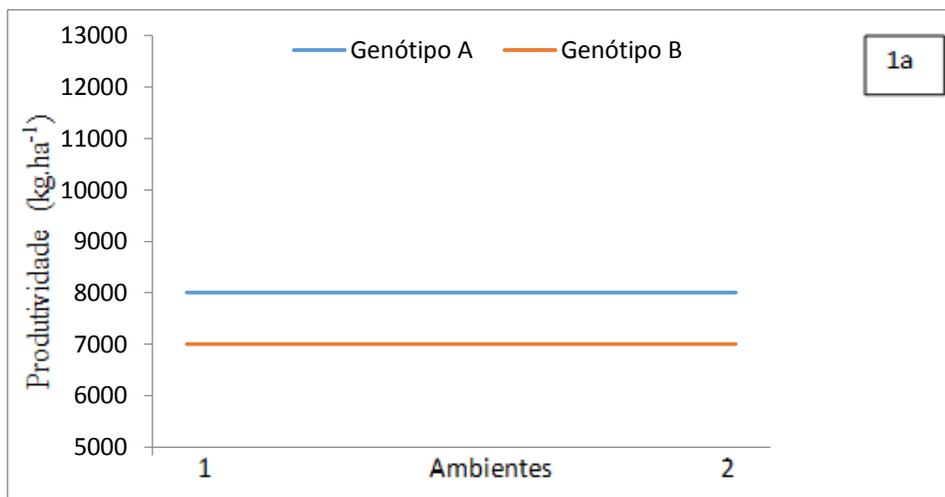
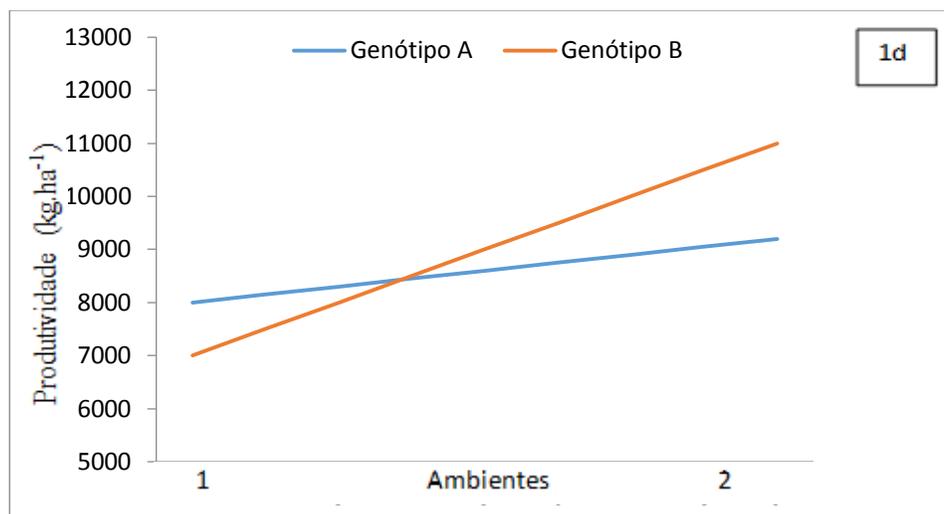
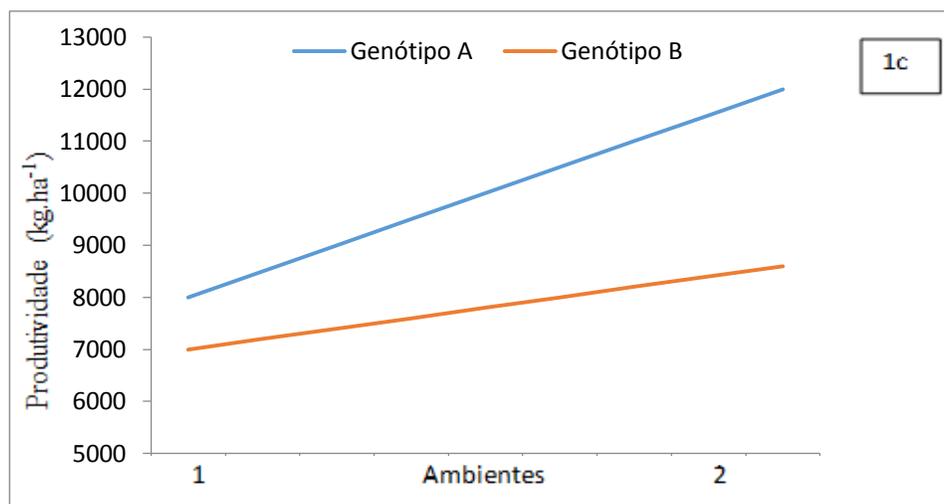


Figura 1 - Representação gráfica dos tipos de interação genótipos por ambientes, destacando a ausência de interação (Figuras 1a e 1b), bem como os tipos de interação simples (1c) e complexa (1d). (Conclusão)



Nas Figuras 1a e 1b está representada a ausência de interação, ou seja, os genótipos apresentam o mesmo nível de resposta à variação ambiental (1a) ou, então, mantêm-se indiferentes a esta variação (1b).

A Figura 1c representa a interação do tipo simples, em que esta é caracterizada pela não alteração das posições relativas dos genótipos avaliados, dentro de um conjunto de ambientes, tomados dois a dois, havendo, porém, diferença da magnitude das respostas. Este tipo de interação é ocasionado pela diferença de variabilidade dos genótipos, nos ambientes considerados, não representando problemas ao melhoramento (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A interação do tipo complexa, representada na Figura 1d, ocorre, quando a correlação entre o desempenho dos genótipos, ao longo dos ambientes em estudo, é baixa, fazendo com que a posição relativa dos genótipos seja alterada, em virtude das diferentes respostas às variações ambientais (ROBERTSON, 1959), ou seja, há uma inversão significativa na classificação desses genótipos ao longo dos ambientes. Crossa e Cornelius (1997) enfatizam que este tipo de interação tem grande importância, no melhoramento, influenciando na eficiência da seleção e na precisão das recomendações de cultivo.

A interação $G \times A$ pode ser minimizada, utilizando-se cultivares específicas para cada ambiente, usando cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade (PELUZIO et al., 2010; PEREIRA et al., 2008) ou identificando grupos de ambientes similares, por meio da estratificação ambiental (GARBUGLIO et al., 2007; RAMALHO et al., 2012), ou seja, pela divisão de áreas heterogêneas em sub-regiões homogêneas, conduzindo programas de melhoramento para elas (SCAPIM et al., 2000).

Atualmente, existe mais de uma dezena de métodos, frequentemente, utilizados no melhoramento de plantas, para se realizar a estratificação ambiental. A diferença entre eles está nos parâmetros adotados, para sua avaliação, nos procedimentos biométricos, empregados para avaliá-los, na informação ou detalhamento da sua análise (CRUZ; CARNEIRO, 2006; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Alguns procedimentos conduzem a resultados similares, outros possuem propriedades estatísticas superiores e

alguns permitem interpretações mais simples dos resultados. Assim, a escolha a priori do método é tarefa difícil (RESENDE; DUARTE 2007).

Os procedimentos de análise da interação evoluíram da tradicional análise de variância conjunta de experimentos (PLAISTED; PETERSON, 1959), passando pelos métodos de estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica, baseados em análises de regressão linear simples (EBERHART; RUSSEL, 1966), pelos métodos de regressão linear bissegmentada (CRUZ; TORRES; VENCOVSKY, 1989; STORCK; VENCOVSKY, 1994), pelas análises não paramétricas, como a ordem de classificação genotípica (ANNICCHIARICO, 1992; LIN; BINNS, 1988), pelos modelos multiplicativos que integram a análise comum de variância (método univariado) com a análise de componentes principais ou análise de fatores (método multivariado) (YAN et al., 2000) até os modelos lineares mistos REML/BLUP (RESENDE; THOMPSON, 2004).

Embora os métodos multivariados AMMI e GGE sejam bastante utilizados (YAN et al., 2000), podendo se citar como exemplos os trabalhos de Balestre et al. (2009), Oliveira et al. (2010) e Vishnu et al. (2016), ambas são limitadas quando se tem dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais e heterogeneidade de variâncias entre os locais onde são conduzidos os ensaios, pois assumem efeitos fixos para genótipos (RESENDE; THOMPSON, 2004).

Para contornar as deficiências dos métodos baseados em ANOVA, surgem metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade baseadas nos modelos mistos pelo procedimento REML/BLUP, os quais permitem comparar genótipos através do tempo e do espaço, corrigir os efeitos ambientais, estimar valores de componentes de variância e predizer valores genéticos, podendo ser aplicados de forma eficaz tanto para dados desbalanceados, quanto para dados balanceados (RESENDE; THOMPSON 2004).

REFERÊNCIAS

- ALLIPRANDINI, L. F. **Estudo dos efeitos ambientais, estabilidade, adaptabilidade e ganho genético em linhagens de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) no Estado do Paraná**. 1992. 122 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 1992.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, Rome, v. 46, n. 1, p. 269-278, 1992.
- BALESTRE, M. et al. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 8, p. 1311-1322, 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Stemma, 2002. 369 p.
- BRESEGHELLO, F. et al. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science**, Madison, v. 51, p. 914-923, May/June 2011.
- BURGUENO, J. et al. Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover genotype 9 environment interaction. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 1291–1305, 2008.
- CHAVES, L. J. Interação de cultivares com ambientes. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.
- COELHO, A. M.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. Rendimento do milho no Brasil: chegamos ao máximo? **Informações agrônômicas**, Piracicaba, n. 101, mar. 2003. Encarte Técnico. Disponível em: <[http://www.ipni.net/publication/ia-brasil.nsf/0/F3AA1F06968_A574E83257AA2005CF468/\\$FILE/Encarte%20101.pdf](http://www.ipni.net/publication/ia-brasil.nsf/0/F3AA1F06968_A574E83257AA2005CF468/$FILE/Encarte%20101.pdf)>. Acesso em: 22 jun. 2016.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2015/16, quarto levantamento**. Brasília, 2016. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_01_12_14_17_16_boletim_graos_janeiro_2016.pdf>. Acesso em: 21 jan. 2016.

CROSSA, J.; CORNELIUS, J. Site regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trials sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 406–415, 1997.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 579 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 567-580, maio 1989.

CRUZ, J. C. et al. **477 cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2015/16**. 2015. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 23 jun. 2016.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, Jan. 1966.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA MILHO E SORGO. **Panorama internacional de produção de milho em 2011**. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_7_ed/economia.htm>. Acesso em: 9 maio 2016.

FREITAS, I. L. J. et al. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, nov. 2013.

GARBUGLIO, D. G. et al. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 2, p. 183-191, 2007.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 866–889, 2008.

GUIMARÃES, L. J. M. et al. **Desempenho de variedades de milho: ano agrícola 2008/09**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo Agropecuário 2006**. Rio de Janeiro, 2006. p. 1-267.

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

LIA, V. V. et al. Microsatellite typing of ancient maize: insights into the history of agriculture in Southern South America. **Proceedings of the Royal Society**, Edinburgh, v. 274, Feb. 2007. Disponível em: <<http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/274/1609/545#page>>. Acesso em: 15 jun. 2016.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 3, p. 425-430, Sept. 1988.

MIRANDA, R. A.; DUARTE, J. O.; GARCIA, J. C. **Economia da produção**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2012. Disponível em: <http://www.cnpns.embrapa.br/publicacoes/milho_8_ed/economia.htm>. Acesso em: 23 fev. 2016.

MÔRO, G. V.; FRITSCH NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 10, p. 247-253, 2010.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p. 817.
PELUZIO, J. M. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 3, p. 427-434, 2010.

PEREIRA, G. D. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja avaliados para resistência ao oídio. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 7, p. 1836-1842, 2008.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selection to yield consistently in different locations or seasons. **American Journal of Potato Research**, Washington, v. 36, p. 385- 395, 1959.

RAMALHO, A. R. et al. Progresso genético da produtividade de café beneficiado com a seleção de clones de cafeeiro ‘Conilon’. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 47, n. 3, p. 516-523, jul./set. 2016.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.
REIS, E. M.; CASA, R. T.; BRESOLIN, R. A. C. **Manual de diagnose e controle de doenças do milho**. 2. ed. rev. atual. Lages: Graphel, 2004. 144 p.

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v. 22, p. 1–22, 2004.

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

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations**: biometrical genetics. New York: Pergamon, 1959. 186 p.

SCAPIM, C. A. et al. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russel, Lin and Binns and Huehn models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, p. 387-393, 2000.

SMITH, A. B. et al. Factor analytic mixed models for the provision of grower information from national crop variety testing programs. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 128, p. 55–72, 2015.

STEFANOVA, K. T.; BUIRCHELL, B. Multiplicative mixed models for genetic gain assessment in lupin breeding. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 3, p. 880-891, 2010.

STORCK, L.; VENCOVSKY, R. Stability analysis based on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 17, n. 1, p. 75-81, Jan. 1994.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Safra mundial de milho 2014/15: 10º levantamento**. Brasília, 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VENCOVSKY, R. et al. **Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil**. Piracicaba: [s. n.], 1986.

VISHNU, K. et al. AMMI, GGE biplots and regression analysis to comprehend the G x E interaction in multi-environment barley trials. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 76, n. 2, p. 173-180, 2016.

WORDELL FILHO, J. A.; ELIAS, H. T. **A cultura do milho em Santa Catarina**. Florianópolis: Epagri, 2010. 480 p

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

YAN, W. et al. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype by environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 643-653, 2007.

CAPÍTULO 2

Progresso Genético, Adaptabilidade e Estabilidade de Cultivares de Milho Avaliadas em Ensaios de Valor de Cultivo e Uso

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays mays*) é uma das culturas que apresenta um papel socioeconômico relevante no mundo. No Brasil, o milho é a segunda cultura mais plantada, respondendo por 39% da produção de grãos, numa área de 15,2 milhões de hectares na safra 2015/15, ficando atrás apenas da cultura da soja (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2016).

Do conjunto de genótipos diferentes atualmente presentes no mercado brasileiro, o grupo composto pelas cultivares de baixo custo de produção de sementes tais como as variedades de polinização aberta (VPA), os híbridos intervarietais (HI) e topcrosses (HTC) correspondem a pouco mais de 11% do mercado (CRUZ et al., 2015), tornando-se numa boa alternativa para o produtor de baixa renda.

Os híbridos topcrosses são obtidos pelo cruzamento entre uma população de polinização aberta e um parental geneticamente uniforme, como uma linhagem ou um híbrido simples, enquanto os híbridos intervarietais são obtidos por meio do cruzamento entre populações de polinização aberta. Esses tipos de cultivares apresentam baixo custo de produção de sementes, pois, em ambos os casos, populações de polinização aberta são utilizadas como parentais, o que confere elevado potencial de produção de sementes e de pólen, quando comparados a linhagens homozigotas.

No último censo agropecuário, realizado em 2006, foram identificados 4,37 milhões de estabelecimentos de agricultura familiar o que representava,

naquela época, 84,4% dos estabelecimentos agropecuários brasileiros (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2006). O uso de variedades nestas propriedades pode ser interessante pelo baixo custo de aquisição de sementes, bem como pela capacidade de multiplicação dentro de propriedade.

As variedades podem, também, representar uma alternativa viável em situações nas quais o cultivo do milho apresenta riscos considerados elevados, como no caso da safrinha tardia (GUIMARÃES et al., 2010).

O progresso genético (PG) refere-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 (REIS; CASA; BRESOLIN, 2004). Com isto, a quantificação dos ganhos provenientes dos programas de melhoramento sempre foi um dos interesses dos pesquisadores (ABBUD, 1991).

Para a produtividade de grãos de milho, Vencovsky et al. (1986) estimaram progresso médio anual de 2% para o Brasil, no período de 1964 a 1984, tendo sido 1,7% para os híbridos e 2,2 % para as populações. Coelho, Cruz e Pereira Filho (2003) afirmaram que, no Brasil, o melhoramento genético do milho contribuiu, significativamente, para o aumento da produtividade, tendo ocorrido um incremento médio de 1.618 Kg ha⁻¹ em um período de 31 anos.

Trabalhos com outras culturas são igualmente relatados na literatura tais como, por exemplo, o progresso genético na cultura de sorgo, nos Estados Unidos da América, no período de 1950-1999, estimado em 13,5 Kg ha⁻¹ ano⁻¹ (MASON et al., 2008) e, na cultura de trigo no sul da China, onde se obtiveram ganhos, variando de 14,0 Kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,3%) a 40,8 Kg ha⁻¹ ano⁻¹ (0,7%), no período de 1949 a 2000, para as diferentes províncias em estudo (ZHOU et al., 2007).

O progresso genético para a produtividade de grãos é, geralmente, estimado por meio das médias genotípicas. Estas médias, embora sejam submetidas ao efeito de encolhimento (*efeito shrinkage*), são muito influenciadas pela média dos ambientes avaliados, o que pode mascarar o valor do progresso genético real. Neste âmbito, surge a necessidade de estimar o PG por meio dos valores genéticos (Blups).

As diferenças entre os anos e as regiões de cultivo podem afetar o desempenho das cultivares, principalmente, pela interação genótipo x ambiente (GxA). Desta forma, para a escolha adequada de cultivares, além do conhecimento do potencial de produção e de características agrônômicas importantes para o cultivo, é necessário o conhecimento do comportamento dos materiais, em termos de adaptabilidade e estabilidade, quando são cultivados em vários locais e anos (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Embora as metodologias AMMI e GGE sejam bastante citadas na literatura, em análises de adaptabilidade e estabilidade (BALESTRE et al., 2009; DUARTE; VENCOVSKY, 1999; OLIVEIRA et al., 2010; YAN et al., 2000), ambas são limitadas, quando se tem dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais e heterogeneidade de variâncias entre os ambientes onde são conduzidos os ensaios, pois assumem efeitos fixos para genótipos (REZENDE; THOMPSON, 2004; SMITH et al., 2015)

Diversos autores utilizaram metodologias de modelos lineares mistos, para estudos de adaptabilidade e estabilidade relativas aos efeitos genotípicos, em várias culturas, em diferentes situações de desbalanceamento e observaram ser este procedimento vantajoso por possibilitar lidar, facilmente, com dados desbalanceados e por permitir ordenação de tratamentos de maneira acurada (GUIMARÃES et al., 2009).

Neste trabalho, buscou-se aliar as vantagens da metodologia dos modelos mistos, inerentes à capacidade do modelo lidar com dados altamente

desbalanceados, heterogeneidade de variâncias e covariâncias residuais e genótípicas, à facilidade de interpretação dos resultados nos gráficos GGE Biplots.

Neste contexto, objetivou-se neste trabalho: (i) estimar o progresso genético em ensaios de VCU de variedades de milho coordenado pela Embrapa Milho e Sorgo no período de 2010/11 a 2014/15; (ii) identificar variedades ou híbridos de milho de baixo custo de sementes com alta adaptabilidade e estabilidade, para cultivos na época normal de semeadura, bem como em épocas com alguma restrição edafoclimática.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição dos ambientes e cultivares

Foram utilizados dados de ensaios de VCU (Valor de cultivo e Uso) de variedades de milho, coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo, em 5 anos consecutivos, entre os anos agrícolas de 2010/11 e 2014/15. Em média, foram analisados 23 ambientes por ano, totalizando 117 ambientes cujos respectivos dados meteorológicos foram obtidos no Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa – BDMP (2015) do Instituto Nacional de Meteorologia – INMET (2015) (Tabela 1 e Anexo 1).

Cada época de plantio teve, em média, 39 genótipos, sendo alguns avaliados em mais de uma safra, totalizando 81 cultivares diferentes, das quais 56 foram variedades de polinização aberta, 8 híbridos intervarietais, 8 híbridos Topcrosses, 3 híbridos duplos, 3 híbridos triplos e 3 híbridos simples (Tabelas 2 e Anexo 2), onde os híbridos simples, duplos e triplos foram utilizados como testemunhas.

Tabela 1 - Resumo da amostragem de ambientes, entre os anos agrícolas de 2010/11 e 2014/15, para os ensaios de VCU de variedades de milho, coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo, com estados, número de ambientes (Nº Amb.), número de cultivares (Nº Cult.) e média geral de produtividade de grãos (Média PG, em kg ha⁻¹), a cada ano.

Ano Agrícola	Estados	Nº Amb.	Nº Cult.	Média PG
2010/11	AM, GO, MG, MS, PA, PE, PI, PR, RJ, RN, RR, SP.	25	49	6138
2011/12	AM, GO, MA, MG, MS, MT, PR, RJ, RO, RR, SE, SP.	28	42	6150
2012/13	GO, MA, MG, MS, PA, PR, SP.	18	36	6224
2013/14	AC, AM, CE, GO, MA, MG, MT, PA, PR, RJ, RO, RR, SP.	24	30	6423
2014/15	AC, GO, MA, MG, MS, MT, PA, PI, PR, RO, RR, SP.	22	36	6154
Total*	18	117	81	
Média	10	23	39	6218

* Total de estados, ambientes e cultivares diferentes. AC- Acre; AM- Amazonas; CE- Ceará; ES- Espírito Santo; GO-Goiás; MA- Maranhão; MG- Minas Gerais; MS- Mato Grosso do Sul; MT- Mato Grosso; PA- Pará; PE- Pernambuco; PI- Piauí; PR- Paraná; RJ- Rio de Janeiro; RN- Rio Grande do Norte; RO- Rondônia; RR- Roraima; SE- Sergipe; SP- São Paulo.

Tabela 2 - Tipos e números de cultivares de milho avaliadas entre as safras de 2010/11 e 2014/15, nos ensaios de VCU de variedades coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo.

Safra	Var	HS	HD	HT	HI	HTC	Trat
2010/11	39	3	2	1	4	-	49
2011/12	33	1	2	1	5	-	42
2012/13	34	1	-	-	1	-	36
2013/14	25	1	1	1	2	-	30
2014/15	25	1	1	-	1	8	36

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

Dos 117 ambientes em estudo, 95 foram avaliados na primeira época (safra normal) e os restantes 22 ambientes apresentavam alguma restrição edafoclimática. Dentre os 22 ambientes, 17 foram conduzidos, na segunda época de plantio (safrinha) e os demais 5 experimentos apresentavam alguma deficiência nutricional (baixo nitrogênio, baixo fósforo ou baixa adubação), conforme exposto no Anexo 1.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com duas repetições, sendo as parcelas compostas por duas linhas de 4 m de comprimento, espaçadas de 0,80 m. A cada ano de avaliação, houve um número de tratamentos próprio, com manutenção de alguns tratamentos em anos diferentes e entradas e substituições de outros, como pode ser verificado na Tabela 2 e Anexo 2.

A cada ano de cultivo e em cada local, os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a região e condições de cultivo. Em geral, para as adubações de base, foram aplicados 400 kg.ha^{-1} da fórmula 08-28-16+0,3% Zn, na adubação de base, totalizando 32 kg de N, 112 kg de P_2O_5 e 64 kg de K_2O , por ha. Para as adubações de cobertura, foram aplicados 200 kg.ha^{-1} de ureia em cobertura, para disponibilização de 90 kg de N, entre os estádios de 4 a 6 folhas completamente desenvolvidas. No total, adubação de base mais cobertura, foram aplicados 122 kg de N por ha.

Foi avaliado o carácter produtividade de grãos (PG), expresso em kg.ha^{-1} e corrigido para 13% de umidade.

2.2 Modelos genético-estatísticos e estimação dos parâmetros

2.2.1 Análise de primeiro estágio

O modelo linear misto (multivariado) foi montado para os dados, combinando dados de cinco anos e diferentes locais perfazendo 117 ensaios (ambientes). A partir desse conjunto de dados, realizou-se uma análise conjunta, com base na abordagem de modelos mistos, considerando o seguinte modelo linear:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações de parcelas em cada ambiente, $\boldsymbol{\beta}$ e \mathbf{u} são os vetores de efeitos fixos (blocos e locais confundidos com os anos) e aleatórios (de genótipos mais as interações), respectivamente, \mathbf{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. Neste conjunto de dados, assumiu-se que $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{R})$ e $\mathbf{u} \sim N(\mathbf{0}, \boldsymbol{\Sigma})$.

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

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

Fazendo:

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

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

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

$$\hat{\mathbf{u}} = \mathbf{Z}\boldsymbol{\Sigma}\mathbf{V}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\mathbf{b}}) \quad (3)$$

E os componentes de variância são dados por:

$$\sigma_{ij}^2 = \frac{[\mathbf{e}_i' \mathbf{e}_j + \text{tr}(\mathbf{K}\mathbf{C}^{(-1)}\mathbf{K}')] }{n} \quad (4)$$

em que $\mathbf{K} = \mathbf{X}|\mathbf{Z}$

$$\sigma_{u_i}^2 = \frac{[\mathbf{u}_i' \mathbf{u}_i + \text{tr}(\mathbf{C}_{ii}^{-1})]}{n_b} \quad (5)$$

$$\sigma_{u_{ij}}^2 = \frac{[\mathbf{u}_i' \mathbf{u}_j + \text{tr}(\mathbf{C}_{ij}^{-1})]}{n_a} \quad (6)$$

2.2.2 Estimação dos parâmetros

As análises estatísticas foram realizadas pelo procedimento REML/BLUP, em que os componentes de variância são estimados pela REML via algoritmo EM, sendo os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não viciada.

Construção dos Biplots

Dados os resultados dos Blups obtidos usando a equação (4) foi aplicada uma DVS (decomposição em valores singulares) (GUACH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008) à matriz contendo os efeitos de genótipo (G) + a interação GXE. E foram plotados os escores genotípicos $\mathbf{UD}^{\frac{1}{2}}$ (\mathbf{U} e \mathbf{D} que representam as matrizes dos autovetores e autovalores, respetivamente) 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 (5) para obter os efeitos do ambiente, foi aplicada uma DVS à matriz dos efeitos do ambiente (E) e plotados os escores ambientais $\mathbf{VD}^{\frac{1}{2}}$ (\mathbf{V} e \mathbf{D} representam as matrizes dos autovetores e autovalores, respetivamente) no biplot. Com o objetivo de delimitar mega-ambientes e identificar o padrão que ganha onde (como referenciado acima, a interpretação dada é análoga ao modelo GGE). Foram representados, em mesmo biplot, os escores genotípicos e ambientais.

Foram estimados:

a) O Efeito Ambiental (EA):

$$EA = \mu GC_{i+1} - \mu GC_i, \text{ em que:}$$

μGC_i ; μGC_{i+1} : Média genotípica de cultivares comuns entre os anos i e $i+1$, respectivamente, $i=1, 2...5$.

b) A Taxa de Renovação (TR):

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

GN- Genótipos novos introduzidos no ano.

NTG= Número total de genótipos.

c) O Progresso Genético de Introdução (PGI) no último par de anos:

$$PGI_{(i+1)} = MGI_{(i+1)} - MGM_{(i; i+1)}$$

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

$MGM_{(i; i+1)}$: Média Blup dos genótipos mantidos do ano i para o ano $i+1$.

$MGI_{(i+1)}$: Média Blup dos genótipos introduzidos no ano $i+1$, para $i=1$ e 2 .

d) O Progresso Genético de Avanço (PGA), num par de anos consecutivos:

$$i) \quad PGA_{(i; i+1)} = MGM_{(i; i+1)} - MGE_i$$

$PGA_{(i; i+1)}$: Progresso genético de avanço de cultivares do ano i para o ano $i+1$, $i=1, 2, 3 \dots 5$.

$MGM_{(i; i+1)}$: Média Blup dos genótipos mantidos no i para o ano $i+1$, $i=1, 2, 3 \dots 5$.

MGE_i : Média Blup dos genótipos excluídos no ano i , $i= 1, 2, 3$ e 4 .

$$ii) \quad y = b_0 + b_1x, \text{ em que:}$$

y: é a variável dependente, referente ao PGA entre pares de anos (produtividade de grãos em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$);

x: é a variável independente, correspondente aos anos;

b_0 : é o intercepto;

b_1 : é a inclinação da reta, que indicará a eficiência do programa na seleção de cultivares;

A significância do b_1 foi testada por meio do teste t.

e) Progresso genético total:

$$y = b_0 + b_1x, \text{ em que:}$$

y: é a variável dependente, referente ao PGA do ano i, mais o PGA do ano i-1, I=1, 2, 3 e 4 (médias Blup de produtividade de grãos em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$),

x: é a variável independente, correspondente aos anos;

b_0 : é o intercepto;

b_1 : é a inclinação da reta, que indicará o progresso genético médio anual;

A significância do b_1 foi testada por meio do teste t.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em mais de 70% dos 117 ambientes em estudo, a variância genética teve uma proporção maior que a variância residual (Anexo 4). Este resultado permite inferir que, na maior parte dos experimentos, o ambiente teve menor influência na produtividade das cultivares.

Além do desbalanceamento natural dos dados provenientes de um programa de melhoramento, é possível verificar aqui a heterogeneidade das variâncias residuais, variando de 0,34 para o ambiente 33 a 2,62 para o ambiente 100 (Anexo 4), justificando, deste modo, o uso de modelos mistos para a obtenção dos valores genotípicos.

3.1 Progresso Genético

A taxa de renovação de genótipos, de um ano para outro, mede a proporção de novos genótipos incluídos em cada ano nos experimentos. Esta taxa reflete, de certo modo, o dinamismo de um programa de melhoramento.

Ao longo do período em estudo (safras 2010/11 – 2014/15), observou-se que, nos ensaios de VCU de variedades, coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo, houve taxa média de renovação de genótipos entre cada par de anos de, aproximadamente, 31%, o que indica um bom dinamismo do sistema (Tabela 3). Contudo este valor é inferior, quando comparado a relatos de outros autores, como, por exemplo, a taxa de substituição igual a 44% apresentada por Soares, Ramalho e Souza (1994) e de 61% relatada por Vencovsky et al. (1986), para os programas de melhoramento de arroz e milho, respectivamente.

Tabela 3 - Taxa de renovação (TR%), considerando o número total de genótipos (NTG) e os genótipos novos (GN) avaliados em cada ano, médias genotípicas dos doze genótipos comuns nas cinco safras (μ_{gc} , em $kg.ha^{-1}$) e o efeito ambiental (EA, em $kg.ha^{-1}$) para dados de VCU de variedades coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo nas safras em estudo.

Safra	μ_{gc}	EA	NTG	GN	TR (%)
2010/11	6404	-	43	-	
2011/12	7455	1050	38	8	21.1
2012/13	6109	-1345	35	6	17.1
2013/14	6504	395	28	9	32.1
2014/15	6310	-194	34	18	52.9
Média	6556	-23.5	36	10	30.8

Uma das questões que se levanta em relação às estimativas do progresso genético, com base nos valores genotípicos, é relacionada à influência da média dos ambientes nos valores genotípicos de um determinado ano, tal como observado na (Tabela 3). Os genótipos comuns, nos cinco anos em estudo, conforme Anexo 2, apresentaram a média genotípica igual a $6556 kg.ha^{-1}$, podendo-se observar os maiores efeitos ambientais nas safras 2011/12 (1050 $kg.ha^{-1}$) e 2012/13 (-1345). Deste modo, buscou-se realizar o progresso genético com base nos valores genéticos livres do efeito ambiental (BLUPs).

Com base na análise dos dados da última safra, observou-se a ausência de ganho genético na introdução de cultivares ($-178 kg.ha^{-1}$), conforme Tabela 4. Embora isso não seja esperado, pode ser justificado pelo facto da introdução de cultivares não ser baseada somente na produtividade de grãos, sendo algumas cultivares inseridas, nos ensaios de VCU, devido a precocidade, eficiência no uso de nutrientes ou tolerância a estresses em condições limitantes de cultivo, as quais, geralmente, possuem menor potencial para a produtividade de grãos.

Tabela 4 - Progresso genético de introdução nos ensaios de VCU de variedade de milho, coordenado pela Embrapa Milho e Sorgo, com base nas médias BLUPs ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) da safra 2014/15.

MGI	MGM	PGI
- 76	102	- 178

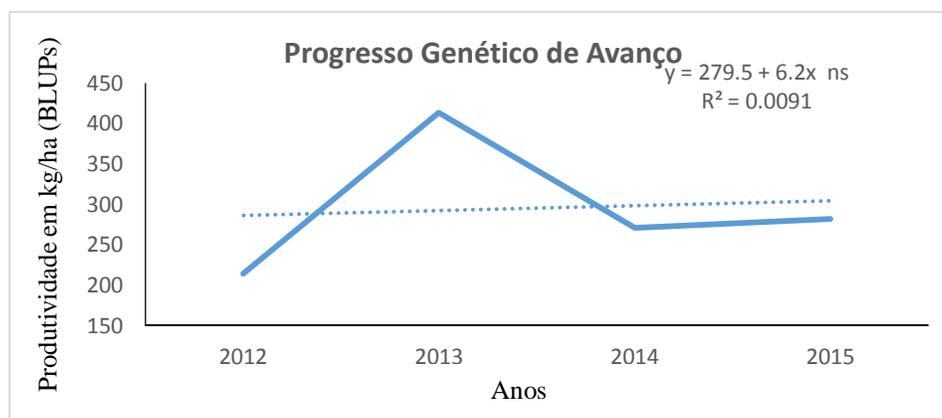
MGI: média dos Blups dos genótipos introduzidos na safra 2014/15; MGM: média dos Blups dos genótipos mantidos na safra 2013/14 para 2014/15; PGI: Progresso Genético de Introdução.

Embora, em média, as cultivares introduzidas na última safra apresentem valores genéticos negativos, vale destacar a introdução do híbrido topcross G79 (HTCMS707), o qual apresentou alta produtividade e estabilidade, similares ao melhor híbrido simples G22 (BRS1055), usado como testemunha na análise conjunta (Tabela 4 e Figura 3).

Com base nos resultados do progresso genético de avanço entre pares de anos (PGA), observou-se que, com exceção do ano 2014, o qual corresponde ao progresso genético das cultivares selecionadas, na safra 2012/13 (ano 2013) para 2013/14, os restantes pares de safras mostraram PGA positivo, indicando a eficiência do programa na seleção de cultivares de milho com alta produtividade (Figura 1).

O coeficiente b_1 desta análise indica que o programa de ensaios de VCU em estudo foi eficiente em 6,2% ao ano nos critérios de seleção de cultivares a serem descartados ou mantidos no programa. Tal fato é evidenciado pelo valor de b_0 ($279,5 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), o qual corresponde à média da diferença das cultivares selecionadas em relação às descartadas ao longo dos pares de safras.

Figura 1 - Progresso genético de avanço de cultivares de milho avaliadas em pares de anos consecutivos nos ensaios de VCU de variedades coordenado pela Embrapa Milho e Sorgo, referentes aos anos 2012 (safra 2010/11 a 2011/2012) a 2015 (safra 2013/14 a 2014/15). ns - não significativo pelo teste t.



No que concerne ao progresso genético real, verificou-se que o programa foi eficiente na seleção de cultivares, ao longo das safras, observando-se um valor médio anual de $332 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ (Figura 2 e Tabela 5). Com isto, pode-se inferir que, no geral, as cultivares selecionadas bem como as introduzidas, ao longo das cinco safras em estudo, têm tido a tendência de aumentar os alelos favoráveis, para a produtividade de grãos nos ensaios de VCU de variedades coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo.

Figura 2 - Progresso genético real de cultivares de milho avaliadas em pares de anos consecutivos nos ensaios de VCU de variedades coordenado pela Embrapa Milho e Sorgo, referentes aos anos 2012 (safra 2010/11 a 2011/2012) a 2015 (safra 2013/14 a 2014/15). ** Significativo pelo teste t, a 1% de probabilidade.

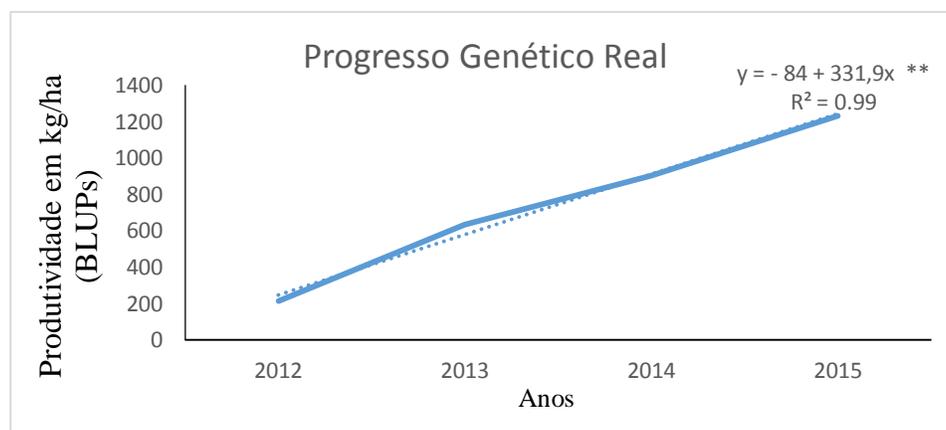


Tabela 5 - Estimativas dos parâmetros de regressão linear generalizada da produtividade de grãos de 81 cultivares de milho, com base nos valores genéticos (BLUPs) em função de anos, no período entre as safras 2010/11- 2014/15.

	PGA	PGR
Intercepto	279,5	-84
Declive	6,2 ^{ns}	331,9 **
Ganho Genético	-	331,9

PGA: Progresso genético de Avanço; PGR: Progresso Genético Real; ns – não significativo pelo teste t; ** Significativo pelo teste t a 1% de probabilidade.

3.2 Adaptabilidade e estabilidade

A produção de grãos pode ser considerada a principal característica para seleção de plantas (ROCHA et al., 2012; SPINELLI et al., 2010). Das 81 cultivares avaliadas no presente estudo, trinta apresentaram produção média maior que 6227 kg.ha⁻¹, média geral dos experimentos (Anexo 5). Dentre estas cultivares, vinte são VPAs, como é o caso das variedades PC 0904, Sint 10783,

PC 0905 e a Sint 10781, oito são híbridos alternativos dos quais três HTC's (HTCMS707, HTCMS699 e HTCMS781) e cinco HI (11934, 2K1265, DSS HI 01, MC 6028 e DSS HI 02) e os restantes cinco correspondendo a alguns dos híbridos usados como testemunha, em que se pode destacar o híbrido simples 2B707, por ter apresentado a maior média de produtividade de grãos entre as cultivares em estudo.

No que concerne às cultivares que apresentaram intervalos de confiança ambos com valores positivos, pode-se inferir que estes genótipos apresentam valores genotípicos, estatisticamente, superiores à média geral. Neste grupo, podem ser observadas cinco cultivares, sendo válido o destaque para os híbridos alternativos HTCMS707 e 11934, os quais ocuparam o segundo e o quarto lugar, respectivamente (Anexo 5).

Considerando-se que a fase de avaliação de cultivares é a mais cara e indispensável nas etapas finais dos programas de melhoramento genético, Peluzio et al. (2010) e Ramalho, Silva e Dias (2009) comentam que, no que concerne à estratificação ambiental, os ambientes classificados em um único grupo (mega-ambiente), a resposta dos genótipos será similar, podendo-se, deste modo, reduzir o número de ambientes em apenas um, escolhendo-se o mais vantajoso para cada situação. Assim sendo, caberia ao melhorista escolher o ambiente que mais se encaixe às necessidades de seu programa de melhoramento, onde os critérios como proximidade dos centros de pesquisa, facilidade de acesso e diminuição nos custos podem ser adotados.

Para a análise dos resultados no gráfico GGE Biplot, é feito um polígono unindo os pontos dos genótipos mais afastados da origem em cada quadrante, sendo que todos os outros genótipos estarão incluídos dentro do polígono formado. 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, no qual o

genótipo localizado no vértice do polígono, representa o genótipo ideal (maior adaptabilidade e estabilidade) para este setor ou estrato ambiental (mega-ambiente) e os genótipos em cada setor são os que apresentam o melhor desempenho nos ambientes incluídos naquele setor (YAN et al., 2000).

O GGE Biplot com os dados totais no estudo, isto é, os 117 ambientes e 81 genótipos permitiu a formação de três mega-ambientes. Contudo uma das vantagens inerentes ao método, a identificação visual dos ambientes que compõem os multiambientes, ficou comprometida devido à alta sobreposição dos pontos que conferem os ambientes no gráfico Biplot (Figura 3). Todavia é possível identificar os genótipos ideais para os mega-ambientes, cujo híbrido simples G22 (BRS1055) foi o ideal para o primeiro e menor mega-ambiente, o híbrido simples G26 (2B707), para o segundo e maior mega-ambiente, e o híbrido topcross G79 (HTCMS707) e a variedade G42 (Sint 10783) os de maior adaptabilidade e estabilidade para o terceiro e segundo maior mega-ambiente.

sementes, a menor exigência de aplicação de insumos, bem como o fato das sementes poderem ser armazenadas para as safras seguintes, diminuindo o custo de produção, o que não seria viável, quando da utilização de híbridos comerciais, como, por exemplo, os híbridos simples (ROMANO et al., 2007).

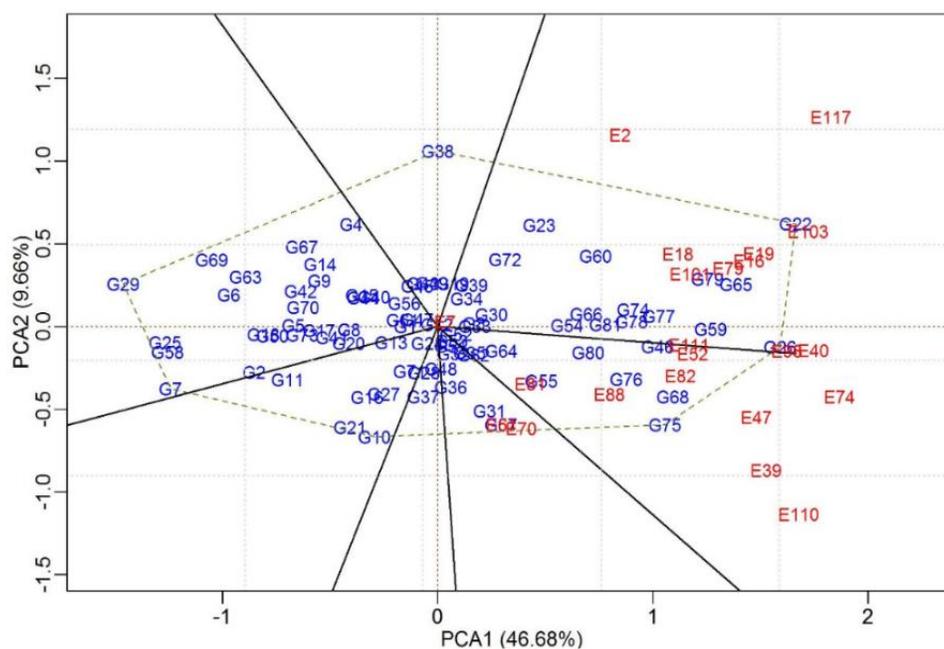
Com o intuito de se contornar a alta sobreposição dos ambientes, como também a baixa explicação dos primeiros componentes principais (19,4%) à variação devido a G+GE na análise conjunta (Figura 3), procedeu-se à obtenção de GGE-Biplot, com base em dois subconjuntos de dados, sendo o primeiro composto pelas 81 cultivares avaliadas nos 22 ambientes com algum estresse edafoclimático durante as cinco safras em estudo, e o segundo, constituído pelas 49 cultivares avaliadas nos 46 ambientes nos últimos dois anos, correspondendo às safras 2013/2014 e 2014/2015 (Anexos 1 e 2).

Verificou-se que tanto no GGE-Biplot da análise dos ambientes com restrições edafoclimáticas, como no dos ambientes das duas últimas safras, ambos apresentaram valores dos dois componentes principais explicando maior proporção da variação devido ao G+GE, em relação à análise conjunta, com valores de 53,3% e 42,72%, respectivamente (Figuras 4 e 5). Resultados similares foram relatados por Balestre et al. (2009) e Oliveira et al. (2010), ao observarem valores de 53,82% e 51,5% da variação devido a G+GE, sendo explicados pelos dois primeiros componentes principais GGE-Biplots dos respectivos estudos.

O conjunto de ambientes constituído por experimentos montados na segunda época (ambientes L7, L18, L19, L39, L40, L47, L61, L70, L74, L79, L81, L82, L88, L98, L101, L103 e L117) e os avaliados com alguma deficiência nutricional (ambientes L2, L16, L52, L110, L111), conforme exposto no Anexo 1, tem em comum o fato de existir pelo menos uma condição edafoclimática que restringe o pleno desenvolvimento da cultura do milho.

Na análise de estratificação ambiental deste grupo de ambientes, foi possível verificar a formação de quatro estratos ambientais, sendo o primeiro mega-ambiente formado pelo ambiente E7, o segundo formado por dez ambientes (E2, E16, E18, E19, E40, E79, E98, E101, E103 e o E117), o terceiro constituído por nove ambientes (E39, E47, E52, E74, E81, E82, E88, E110, E111) e os ambientes E61 e E70 constituindo o último estrato ambiental (Figura 4).

Figura 4 - GGE-Biplot com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondentes a 81 cultivares de milho avaliadas nos 22 ambientes com alguma restrição edafoclimática. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e em vermelho (E_) os 22 ambientes avaliados durante as safras 2010/11 a 2014/15 no Brasil.



Para este grupo de 22 ambientes, não foi possível a observação de um padrão claro na formação de mega-ambientes, uma vez que a estratificação ambiental que compõe o segundo mega-ambiente conseguiu abranger tanto os

experimentos conduzidos em diferentes anos agrícolas, como por exemplo, os ambientes E2, E40, E79 e o E98 os quais foram avaliados nas safras 2010/11, 2011/12, 2013/2014 e 2014/2015, respectivamente (Anexo 1 e Figura 4). Além disso, observou-se, também, a existência de ambientes com restrição nutricional (E2 e E16) e outros experimentos avaliados na segunda época de plantio (E18 e E19). Resultado similar foi relatado por Figueiredo et al. (2015), ao verificarem uma sobreposição de ambientes, ao avaliar um conjunto de dados de duas “safrinhas”, utilizando o método de Modelos Mistos Fator Analítico com interpretação análoga ao GGE-Biplot.

O resultado foi similar, quando se analisou a possível influência de outros fatores, tendo se observado, por exemplo, no terceiro mega-ambiente, a existência de ambientes com altitudes de 11m (E81: Campos dos Goytacazes - 2 época) a 732m (E110: Sete Lagoas - Baixa adubação). No que concerne à precipitação pluviométrica, também, foi possível observar uma grande amplitude dentro deste mega-ambiente, com precipitações partindo de 236 mm (E52: Nossa Senhora das dores - Baixa adubação) a 1116 mm (E110: Sete Lagoas - Baixa adubação) (Figura 4 e Anexo 1).

Com exceção do último mega-ambiente (E61 e E70), foi possível a identificação de pelo menos uma cultivar ideal, nos restantes três estratos ambientais, sendo os híbridos simples G22 (BRS1055) e G26 (2B707) os ideais para o maior mega-ambiente (mega-ambiente 2). O híbrido alternativo G75 (HTCMS771) mostrou a sua superioridade, neste grupo de ambientes, ao ser a única cultivar ideal para o segundo maior estrato ambiental.

Quanto ao primeiro mega-ambiente (E7), a variedade sintética G38 (Sint 10707) foi a que se apresentou como sendo a cultivar com maior adaptabilidade e estabilidade, enquanto no último estrato ambiental, não existindo cultivares ideais, apenas são recomendáveis para cultivo variedades de polinização aberta, como são os casos das variedades G7 (BRS Sol da Manhã), G31 (AL Alvaré) e a

G36 (Sint 10719). No segundo mega-ambiente, onde os híbridos simples G22 e G26 são os ideais, também, é possível a recomendação de cultivares de baixo custo de sementes, como, por exemplo, os híbridos intervarietal G59 (2K1265) e Topcross G79 (HTCMS707), bem como as variedades G60 (AL 2010) e G66 (AL2012).

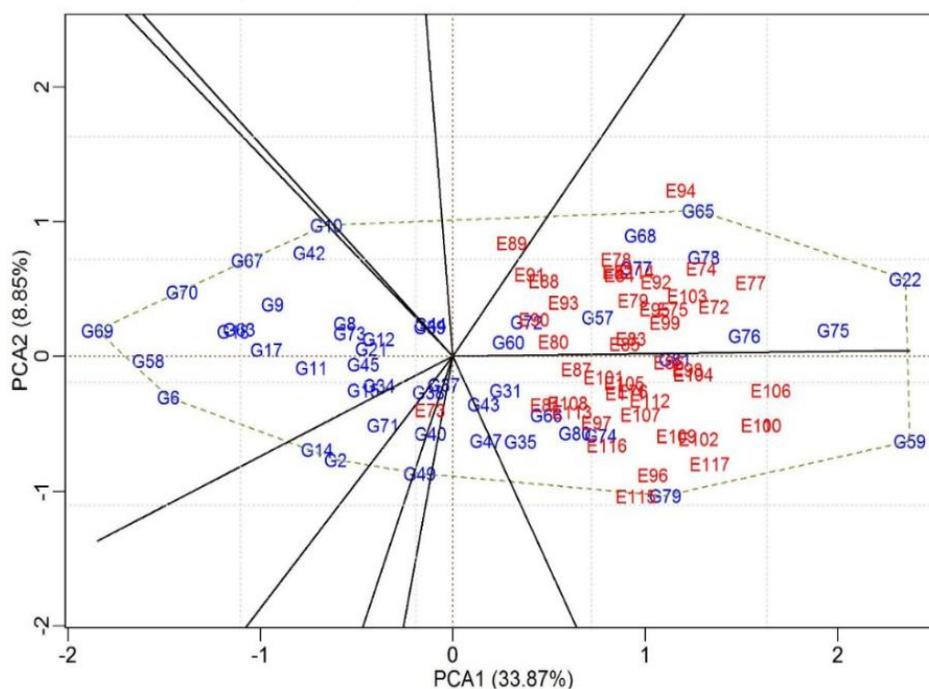
O fato de nos mega-ambientes 1 e 4 serem destacadas variedades de polinização aberta, sugere-se que, para os ambientes que apresentam menor valor do primeiro componente principal no GGE-Biplot, isto é, menor potencial produtivo, as variedades de polinização aberta se tornam numa excelente alternativa para o cultivo de milho (Figura 4).

A precipitação pluviométrica e a altitude são dois dos fatores edafoclimáticos que mais influenciam no desempenho da cultura do milho (DENMEAD; SHAW, 1960; OLIVEIRA, 2006; UATE et al., 2015). No mega-ambiente E7, a altitude de 11m, aliada a uma menor precipitação (280 mm), são os fatores que, provavelmente, influenciaram para uma baixa produtividade média deste ambiente (3778 Kg ha^{-1}) (Anexo 1), impossibilitando a expressão do potencial genético das cultivares e, conseqüentemente, levando a uma menor contribuição deste ambiente, para a interação GxA, de modo que o ambiente E7 foi plotado próximo à origem, isto é, valores próximos de zero para os dois componentes principais (Figura 4). Este resultado corrobora com a afirmação de Oliveira (2006) que cita a altitude como sendo, isoladamente, o fator que mais influencia na interação GxA.

Na análise dos dados das safras agrícolas de 2013/14 e 2014/15, ambiente E72 ao E117, foi igualmente possível a formação de quatro estratos ambientais (Figura 5). O primeiro estrato ambiental é formado pelo ambiente E89, o segundo é constituído por vinte e um ambientes (E72, E74, E75, E78, E79, E80, E82, E83, E84, E84, E88, E90, E91, E92, E93, E94, E95, E99, E103 e o E114), o quarto estrato formado pelo ambiente E73 e os restantes vinte e três

ambientes constituíram o terceiro e maior mega-ambiente para este conjunto de dados.

Figura 5 - GGE-Biplots com os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), correspondentes a 49 cultivares de milho avaliadas nos 46 ambientes durante as safras 2013/14 e 2014/15 no Brasil. Em azul (G_) estão representadas as cultivares e, em vermelho (E_), os ambientes avaliados.



No maior estrato ambiental (mega-ambiente 3), foi possível verificar tanto ambientes conduzidos na segunda época de plantio e safras diferentes (E81: Campos dos Goytacazes - safra 2013/14 e E98: Dourados - safra 2014/15), bem como ambientes com restrições nutricionais (E110: Sete Lagoas- Baixa adubação e E111: Sete Lagoas-Baixo fósforo), ambos misturados com ambientes cultivados na época normal de plantio das safras 2013/14 (E76: Janaúba e E86: Uruará) e 2014/15 (E102: Londrina e E109: Sete Lagoas), dificultando, deste

modo, a percepção do padrão adotado para formação deste multiambiente, tal como observado na análise dos dados dos ambientes com restrições edafoclimáticas (Anexos 1 e Figura 5).

Com a exceção do primeiro mega-ambiente (E89), onde não há cultivares recomendáveis, foi possível observar cultivares ideais e outras recomendáveis nos restantes mega-ambientes. No segundo estrato ambiental, foram considerados ideais alguns dos híbridos usados como testemunhas, neste caso vertente, o híbrido simples G22 (BRS1055) e o Triplo G65 (3H842). Entretanto, tanto no maior estrato ambiental (mega-ambiente 3) como no quarto, foram tidos como genótipos ideais cultivares de baixo custo de sementes, nomeadamente, os híbridos intervarietal G59 (2K1265) e topcross G79 (HTCMS707), alocados no maior estrato ambiental e a variedade sintética G49 (Sint 10781) apresentando maior adaptabilidade e estabilidade para o último estrato ambiental.

Tal como observado na análise dos 22 ambientes, neste grupo de ambientes, a recomendação de apenas variedades de polinização aberta (G37-Sint 10697 e G40- Sint 10805), para o estrato ambiental com menor potencial produtivo (E73), vem destacar o uso deste tipo de cultivares nos ambientes onde existem fatores limitantes para o pleno desenvolvimento da cultura de milho. Vale salientar que tanto no segundo como no terceiro mega-ambiente, é possível a recomendação de pelo menos uma variedade de polinização aberta, como, por exemplo, as variedades G72 (AL2013) e G60 AL 2010 (segundo estrato), G35 (Sint 10771) e G66 (AL 2012) (terceiro mega-ambiente).

De posse dos mega-ambientes formados, é necessário frisar o caráter dinâmico e provisório das estratificações ambientais obtidas pelas abordagens estatísticas, por meio da interação GxA, em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), porque o processo de desenvolvimento e liberação de cultivares leva, contínua e periodicamente, à substituição de genótipos (GAUGH JÚNIOR,

1992), levando a modificações nos estratos ambientais, uma vez que a estratificação depende da interação GxA com predomínio de interações de natureza complexa ou cruzada (NEGASH et al., 2013).

4 CONCLUSÃO

O programa de ensaios de VCU de variedades de milho coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo, apresenta um progresso genético anual de 332 kg.ha⁻¹.

Algumas variedades de polinização aberta, em especial as variedades sintéticas, não apenas são recomendáveis para os diversos estratos ambientais, como também são as que apresentam maior adaptabilidade e estabilidade, em casos de ambientes com restrições para o pleno desenvolvimento da cultura do milho.

Existem híbridos topcrosses e intervarietais com adaptabilidade e estabilidade compatíveis com os híbridos comerciais, tornando-se bastante atrativos, para agricultura familiar, para o cultivo em ambientes com ou sem estresses edafoclimáticos.

REFERÊNCIAS

ABBUD, N. S. **Melhoramento genético de arroz de sequeiro (*Oryza sativa*) no estado do Paraná de 1975 a 1989**. Piracicaba: ESALQ, 1991.

BALESTRE, M. et al. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 8, p. 1311-1322, 2009.

BANCO DE DADOS METEOROLÓGICOS PARA ENSINO E PESQUISA; INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Brasília, 2015.

COELHO, A. M.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. Rendimento do milho no Brasil: chegamos ao máximo? **Informações agronômicas**, Piracicaba, n. 101, mar. 2003. Encarte Técnico. Disponível em: <[http://www.ipni.net/publication/ia-brasil.nsf/0/F3AA1F06968_A574E83257AA2005CF468/\\$FILE/Encarte%20101.pdf](http://www.ipni.net/publication/ia-brasil.nsf/0/F3AA1F06968_A574E83257AA2005CF468/$FILE/Encarte%20101.pdf)>. Acesso em: 22 jun. 2016.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2015/16, quarto levantamento**. Brasília, 2016. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_01_12_14_17_16_boletim_graos_janeiro_2016.pdf>. Acesso em: 21 jan. 2016.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, J. C. et al. **477 cultivares de milho estão disponíveis no mercado de sementes do Brasil para a safra 2015/16**. 2015. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 23 jun. 2016.

DENMEAD, O. T.; SHAW, R. H. The effects of soil moisture stress at different stages of growth on the development and yield of corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 52, p. 497-498, 1960.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução a análise AMMI**. Ribeirão Preto: ESALQ/USP, 1999. 60 p.

FIGUEIREDO, A. G. et al. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, Wageningen, v. 202, p. 393–409, 2015.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 866–889, 2008.

GAUCH JÚNIOR, H. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Amsterdam: Elsevier, 1992.

GUIMARÃES, L. J. M. et al. Adaptabilidade e estabilidade de variedades de milho na safrinha 2009 pela metodologia de modelos mistos. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE MILHO SAFRINHA, 10., 2009, Rio Verde. **Anais...** Rio Verde: Universidade de Rio Verde, 2009. p. 174-180.

GUIMARÃES, L. J. M. et al. **Desempenho de variedades de milho: ano agrícola 2008/09**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo Agropecuário 2006**. Rio de Janeiro, 2006. p. 1-267.

MASON, S. C. et al. Yield increase has been more rapid for maize than for grain sorghum. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 1560–1568, 2008.

NARRO, L. A. et al. Comparison of the performance of synthetic maize varieties created based on either genetic distance or general combining ability of the parents. **Maydica Electronic Publication**, Bergamo, v. 7, p. 83-91, 2012.

NEGASH, A. W. et al. Additive main effects and multiplicative interactions model (AMMI) and genotype main effect and genotype by environment interaction (GGE) biplot analysis of multi-environmental wheat variety trials. **African Journal of Agricultural Research**, Oyo, v. 8, p. 1033-1040, 2013.

OLIVEIRA, A. B. et al. Environmental and genotypic factors associated with genotype by environment interactions in soybean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 6, p. 79-86, 2006.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 10, n. 3, p. 247-253, 2010.

PELUZIO, J. M. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 3, p. 427-434, 2010.

RAMALHO, M. A. P.; SILVA, G. S.; DIAS, L. A. S. *Genetic plant improvement and climate changes*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 9, n. 2, p. 189-195, June 2009.

ROCHA, R. B. et al. Selection efficiency for increasing physic nut oil content. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 1, p. 44-50, 2012.

ROMANO, M. R. et al. Desempenho de cinco variedades de milho crioulo em diferentes sistemas de produção. **Revista Brasileira de Agroecologia**, Pelotas, v. 2, n. 2, p. 808-811, 2007.

SOARES, A. A.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, A. F. Estimativa do progresso genético obtido pelo programa de melhoramento de arroz irrigado da EPAMIG, na época de oitenta. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 97-104, 1994.

SPINELLI, V. M. et al. Primary and secondary yield components of the oil in physic nut (*Jatropha curcas* L.). **Ciencia Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 8, p. 1752-1758, 2010.

UATE, J. V. et al. Épocas de semeadura e distribuição espacial de plantas na produção de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 14, n. 3, p. 346-357, 2015.

VENCOVSKY, R. et al. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 9., 1986, Belo Horizonte. **Anais...** Sete Lagoas : Embrapa-CNPMS, 1986. p. 300-307.

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

ZHOU, Y. et al. Genetic improvement of grain yield and associated traits in the southern China winter wheat region: 1949 to 2000. **Euphytica**, Wageningen, v. 157, p. 465-473, 2007.

ANEXOS

ANEXO 1

ANEXO 1 - Caracterização dos 117 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2010/11 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)	Alti. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
1	Sete Lagoas - MG	L1	8095	732	19 27 57 S	83	1317	30	24	19
1	Sete Lagoas (Baixa adub) - MG	L2	4132	732	19 27 57 S	83	1317	30	24	19
1	Londrina – PR	L3	6445	566	23 18 36 S	95	1188	30	24	19
1	Goiânia – GO	L4	6413	741	16 40 00 S	111	1735	31	25	20
1	Planaltina - DF*	L5	9821	944	15 37 09 S	109	1228	29	23	19
1	Campos dos Goytacazes - RJ	L6	3705	11	21 45 14 S	71	630	32	26	23
1	Campos dos Goytacazes (2 época) - RJ	L7	3778	11	21 45 14 S	49	280	30	24	20
1	Janaúba – MG	L8	8540	516	15 48 10 S	74	727	33	26	21
1	Altamira – PA	L9	7462	74	03 12 10 S	103	1318	33	27	23
1	Belterra – PA	L10	5932	176	02 38 09 S	91	1437	31	26	22
1	Paragominas - PA*	L11	4930	90	02 59 42 S	133	1855	32	27	23
1	Uruará - PA*	L12	4123	129	03 43 04 S	103	1318	33	27	23
1	Campo Grande - MS*	L13	6073	592	20 26 34 S	70	1168	-	-	-
1	Ponta Porã - MS	L14	6901	650	22 32 09 S	86	799	30	23	19
1	Londrina (IAPAR)- PR	L15	9894	566	23 18 36 S	95	1188	30	24	19
1	Sete Lagoas (Baixo N) - MG	L16	6378	732	19 27 57 S	83	1317	30	24	19
1	Teresina – PI	L17	9660	74	05 05 20 S	82	858	34	28	23
1	Manduri (2 época) - SP*	L18	3856	710	23 00 10 S	51	765	26	20	16
1	Londrina (2 época) - PR	L19	7716	566	23 18 36 S	51	615	27	20	15
1	Mucajá - RR*	L20	2715	85	02 25 48 S	56	526	32	28	24
1	Aracaju-SE	L21	5287	5	10 54 36 S	52	286	32	28	24
1	Aracaju (Alta adubação)- SE	L22	6565	5	10 54 36 S	52	286	32	28	24
1	São Bento do Una - PE*	L23	4022	614	08 31 22 S	40	224	32	25	19
1	Ipanguaçu - RN *	L24	5372	13	05 29 52 S	36	239	32	28	25
1	Iranduba - AM*	L25	5628	92	03 17 05 S	107	1591	32	27	24

ANEXO 1 - Caracterização dos 117 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2010/11 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)	Alti. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
2	Sete Lagoas - MG	L26	8326	732	19 27 57 S	85	1456	29	23	18
2	Londrina – PR	L27	6333	566	23 18 36 S	65	990	31	24	19
2	Goiânia – GO	L28	6874	741	16 40 00 S	125	1932	30	24	20
2	Janaúba – MG	L29	7219	516	15 48 10 S	50	533	32	26	20
2	Manduri - SP*	L30	7350	710	23 00 10 S	80	1032	29	22	18
2	Planaltina - DF*	L31	8933	944	15 37 09 S	107	1166	28	23	19
2	Viçosa – MG	L32	6111	712	20 45 14 S	92	1341	27	21	18
2	Londrina (IAPAR)- PR	L33	5039	566	23 18 36 S	65	990	31	24	19
2	Uruará - PA*	L34	6124	129	03 43 04 S	98	1175	33	27	23
2	Paragominas - PA*	L35	4036	90	02 59 42 S	142	2121	32	27	23
2	Altamira - PA	L36	7219	74	03 12 10 S	98	1175	33	27	23
2	Campos dos Goytacazes - RJ	L37	5708	11	21 45 14 S	66	620	30	25	22
2	Manaus - AM	L38	4272	61	03 06 00 S	120	1682	32	27	24
2	Manduri (2 época) - SP*	L39	6908	710	23 00 10 S	51	622	26	20	16
2	Londrina (2 época) - PR	L40	5877	566	23 18 36 S	51	874	28	21	16
2	São Raimundo das Mangabeiras - MA*	L41	7193	225	07 01 19 S	87	842	32	27	22
2	Sete Lagoas (Orgânico)- MG	L42	3784	732	19 27 57 S	85	1456	29	23	18
2	Sete Lagoas (6 t/ha cama de frango)-MG	L43	2891	732	19 27 57 S	85	1456	29	23	18
2	Campo Grande - MS*	L44	4320	592	20 26 34 S	49	880	32	-	-
2	Ponta Porã - MS	L45	4466	650	22 32 09 S	63	945	31	24	19
2	Jaboticabal - SP*	L46	9128	176	21 15 18 S	68	823	30	24	20
2	Jaboticabal (2 época) - SP*	L47	7224	176	21 15 18 S	-	-	-	-	-
2	Dourados - MS*	L48	4121	430	22 13 15 S	63	945	31	24	19
2	Vilhena - RO*	L49	6765	615	12 44 26 S	107	1247	32	25	19
2	Lucas do Rio Verde - MT*	L50	5321	398	13 01 59 S	107	1247	32	25	19
2	Mata Roma - MA*	L51	6376	73	03 37 30 S	65	1076	34	27	23
2	Nª Sª das Dores (Baixo Adub) - SE*	L52	7084	204	10 29 30 S	36	236	33	27	22

ANEXO 1 - Caracterização dos 117 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2010/11 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)	Alti. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
2	Nª Sª das Dores (Alta Adub) - SE*	L53	7433	204	10 29 30 S	36	236	33	27	22
3	Sete Lagoas - MG	L54	7756	732	19 27 57 S	67	669	31	24	18
3	Londrina - PR	L55	6399	566	23 18 36 S	82	1047	31	24	20
3	Goiânia – GO	L56	8075	741	16 40 00 S	100	1219	32	26	21
3	Janaúba - MG	L57	5642	516	15 48 10 S	36	589	34	27	21
3	Planaltina - DF*	L58	7958	944	15 37 09 S	90	1240	29	24	20
3	Jataí – GO	L59	6249	663	17 52 51 S	100	1371	32	25	20
3	Vilhena - RO*	L60	4184	615	12 44 26 S	104	1191	28	25	22
3	Vilhena (2 época) - RO*	L61	5052	615	12 44 26 S	68	821	31	23	20
3	Paragominas - PA*	L62	6894	90	02 59 42 S	131	1925	33	27	23
3	Belterra – PA	L63	4737	176	02 38 09 S	85	1145	31	26	22
3	Altamira – PA	L64	5786	74	03 12 10 S	106	1475	33	27	23
3	Uruará – PA*	L65	6787	129	03 43 04 S	106	1475	33	27	23
3	Campo Grande - MS*	L66	6150	592	20 26 34 S	61	917	-	-	-
3	Manduri - SP*	L67	7631	710	23 00 10 S	84	1185	29	23	19
3	Dourados - MS*	L68	5503	430	22 13 15 S	58	1014	31	25	20
3	Sobral – CE	L69	4334	110	03 40 26 S	56	921	35	26	19
3	Vilhena (2 época) - RO*	L70	6125	615	12 44 26 S	68	821	31	23	20
3	São Raimundo das Mangabeiras - MA*	L71	6763	225	07 01 19 S	87	1145	33	28	23
4	Sete Lagoas – MG	L72	7719	732	19 27 57 S	-	790	30	23	17
4	Londrina – PR	L73	6119	566	23 18 36 S	51	951	31	25	19
4	Londrina (2 época) – PR	L74	8170	566	23 18 36 S	-	724	28	21	16
4	Goiânia – GO	L75	8243	741	16 40 00 S	88	1632	31	25	20
4	Janaúba – MG	L76	9202	516	15 48 10 S	-	717	33	26	21
4	Planaltina - DF*	L77	10404	944	15 37 09 S	-	1172	29	23	19
4	Jataí – GO	L78	9214	663	17 52 51 S	-	1029	32	24	20
4	Jataí (2 época) – GO	L79	4801	663	17 52 51 S	-	734	30	22	17

ANEXO 1 - Caracterização dos 117 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2010/11 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)	Alti. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
4	Campos dos Goytacazes - RJ	L80	6145	11	21 45 14 S	-	614	31	26	23
4	Campos dos Goytacazes (2 época) - RJ	L81	5738	11	21 45 14 S	-	458	30	25	21
4	Vilhena (2 época) - RO*	L82	5358	615	12 44 26 S	-	1018	29	25	21
4	Paragominas - PA*	L83	5275	90	02 59 42 S	-	2167	32	27	23
4	Belterra – PA	L84	5825	176	02 38 09 S	-	1404	31	26	22
4	Altamira – PA	L85	6094	74	03 12 10 S	-	1270	33	27	23
4	Uruará - PA*	L86	6618	129	03 43 04 S	-	1270	33	27	23
4	Manduri - SP*	L87	5833	710	23 00 10 S	-	727	29	23	19
4	Manduri (2 época) - SP*	L88	5290	710	23 00 10 S	-	377	27	21	16
4	Sobral – CE	L89	6755	110	03 40 26 S	-	440	35	28	22
4	São Raimundo das Mangabeiras - MA*	L90	6668	225	07 01 19 S	-	1088	33	27	23
4	Rio Branco – AC	L91	3207	160	09 59 30 S	-	18057	31	26	23
4	Sinop - MT*	L92	4592	384	11 50 53 S	-	1618	33	26	22
4	Manaus – AM	L93	3077	61	03 06 00 S	86	1633	32	28	25
4	Sete Lagoas (Orgânico)- MG	L94	6802	732	19 27 57 S	-	790	30	23	17
4	Sete Lagoas (6 t/ha cama de frango)-MG	L95	6998	732	19 27 57 S	-	790	30	23	17
5	Altamira – PA	L96	6957	74	03 12 10 S	-	1058	33	27	24
5	Belterra – PA	L97	6540	176	02 38 09 S	-	759	32	27	23
5	Dourados (2 época) - MS*	L98	4785	430	22 13 15 S	-	569	-	-	-
5	Goiânia – GO	L99	7318	741	16 40 00 S	-	876	32	26	21
5	Janaúba – MG	L100	6438	516	15 48 10 S	-	393	34	27	20
5	Jataí (2 época) – GO	L101	6799	663	17 52 51 S	-	732	30	23	18
5	Londrina – PR	L102	5709	566	23 18 36 S	-	990	31	24	20
5	Londrina (2 época) - PR	L103	5404	566	23 18 36 S	-	867	27	21	16
5	Manduri - SP*	L104	7415	710	23 00 10 S	-	1089	29	23	19
5	Paragominas - PA*	L105	5147	90	02 59 42 S	-	1768	33	27	22
5	Planaltina - DF*	L106	8832	944	15 37 09 S	-	1021	29	24	20

ANEXO 1 - Caracterização dos 117 ambientes de ensaios VCU de variedades conduzidos entre as safras de 2010/11 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)	Alti. (m)	Latitude	Prec. (dias)	Prec. (mm)	T° (max)	T° (med)	T° (min)
5	Rio Branco – AC	L107	3120	160	09 59 30 S	-	1007	32	26	23
5	São Raimundo das Mangabeiras - MA*	L108	7612	225	07 01 19 S	-	816	33	27	23
5	Sete Lagoas – MG	L109	7909	732	19 27 57 S	-	1116	31	24	17
5	Sete Lagoas (Baixa adub) - MG	L110	4006	732	19 27 57 S	-	1116	31	24	17
5	Sete Lagoas (Baixo P) - MG	L111	3886	732	19 27 57 S	-	1116	31	24	17
5	Sinop - MT*	L112	4381	384	11 50 53 S	-	-	-	-	-
5	Sobral – CE	L113	3495	110	03 40 26 S	-	359	35	28	23
5	Teresina – PI	L114	7076	74	05 05 20 S	-	642	35	28	24
5	Uruará - PA*	L115	8772	129	03 43 04 S	-	1058	33	27	24
5	Viçosa – MG	L116	6412	712	20 45 14 S	-	634	30	23	18
5	Vilhena (2 época) - RO*	L117	7381	615	12 44 26 S	-	547	32	25	21

*Dados obtidos na estação meteorológica mais próxima do local do ensaio, para localidades onde não existem estações meteorológicas do INMET, ou os dados históricos não estão disponíveis (vide anexo 3). Prod – Produtividade média; Alti- Altitude; Prec. – Precipitação; T° - Temperatura. AC- Acre; AM- Amazonas; CE-Ceará; ES- Espírito Santo; GO-Goiás; MA- Maranhão; MG- Minas Gerais; MS- Mato Grosso do Sul; MT- Mato Grosso; PA- Pará; PE- Pernambuco; PI- Piauí; PR- Paraná; RJ- Rio de Janeiro; RN- Rio Grande do Norte; RO- Rondônia; RR- Roraima; SE- Sergipe; SP- São Paulo; Safra 1- ano agrícola 2010/11; Safra 2- ano agrícola 2011/12; Safra 3- ano agrícola 2012/13; Safra 4- ano agrícola 2013/14; Safra 5- ano agrícola 2014/15.

ANEXO 2

ANEXO 2 - Descrição das 81 cultivares de milho avaliadas nos ensaios de VCU de variedades (117 ambientes) entre as safras de 2010/11 e 2014/15. (Continua)

Cod.	Cultivar	Tipo	Ano de Avaliação*					μ	σ
			1	2	3	4	5		
1	AL Bandeirante	Var	x	x				5943	2405
2	BR 106	Var	x		x	x	x	5712	2179
3	AL Piratininga	Var	x					6247	2403
4	BRS 2020	HD	x	x				5419	2243
5	BRS Eldorado	Var	x	x	x			5707	2154
6	BRS Caatingueiro	Var	x			x		5279	2243
7	BRS Sol da manhã	Var	x	x				4947	2242
8	Sintético 1X	Var	x	x	x	x	x	5904	2179
9	BRS 4103	Var	x	x	x	x	x	5635	2178
10	BRS Caimbé	Var	x	x	x	x	x	6479	2178
11	Sintético RxS Spod	Var	x	x	x	x	x	5983	2178
12	Sintético 256 L	Var	x	x	x		x	5677	2277
13	Sintético P	Var	x					5746	2396
14	Sint Super-precoce	Var		x		x	x	5519	2099
15	MC 20	Var	x	x	x		x	5863	2178
16	PC 0402	Var	x	x	x			6120	2153
17	VSL BS 42C60	Var	x	x	x		x	5662	2178
18	BRS4104	Var	x	x	x	x	x	5564	2178
19	BRS 2022	HD	x					5660	2395
20	BIO 4	HI	x	x	x			5755	2152
21	Sint. Mult. TL	Var	x	x	x	x		6050	2166
22	BRS1055	HS	x	x	x	x	x	8142	2179
23	BRS 1060	HS	x					6978	2394
24	BRS 3025	HT	x					5192	2393
25	BRS 3060	HT		x				4686	2079
26	2B707	HS	x					8679	2394
27	DSS-0402	Var	x	x				6127	2240
28	DSS-0404	Var	x	x				6255	2241
29	CMS EAO 2008	Var	x	x	x			4981	2151
30	PC 0404	Var	x					6026	2394
31	AL Avaré	Var	x	x	x		x	6463	2178
32	AL 2007-A	Var	x					6135	2393
33	Sint 10747	Var	x					5947	2392
34	Sint 10731	Var	x	x	x	x		6125	2168
35	Sint 10771	Var	x	x	x	x	x	6531	2178
36	Sint 10719	Var	x			x		5998	2388
37	Sint 10697	Var	x	x	x	x	x	6409	2178
38	Sint 10707	Var	x	x	x	x	x	6525	2178
39	Sint 10795	Var	x	x	x	x	x	6289	2178
40	Sint 10805	Var	x	x	x	x		6202	2167
41	Sint 10791	Var	X					5887	2385
42	Sint 10783	Var	X	x	x		x	5708	2177

ANEXO 2 - Descrição das 81 cultivares de milho avaliadas nos ensaios de VCU de variedades (117 ambientes) entre as safras de 2010/11 e 2014/15. (Conclusão)

Cod.	Cultivar	Tipo	Ano de Avaliação*					μ	σ
			1	2	3	4	5		
43	Sint 10717	Var	X	x	x	x	x	6531	2177
44	MC 6028	HI	X				x	6062	2177
45	Sint 10723	Var	X	x	x	x		6171	2167
46	11934	HI	X	x				7800	2241
47	Sint 10699	Var	X	x	x	x	x	6321	2177
48	Sint 10709	Var	X					6107	2381
49	Sint 10781	Var	X	x	x	x	x	6207	2177
50	DSS-0401	Var	X					5450	2379
51	Bio 5	HI	X					5917	2381
52	DSS HI 01	HI		x				6323	2076
53	DSS HI 02	HI		x				6340	2074
54	PC 0904	Var		x	x			6844	1968
55	PC 0905	Var		x	x			6797	1967
56	PC 0903	Var		x	x			5897	1965
57	2E530	HD		x		x	x	7246	2094
58	BRS Gorutuba	Var		x	x	x	x	5025	2094
59	2K1265	HI		x		x		8188	2052
60	AL 2010	Var			x	x		6672	2023
61	AL 2008	Var			x			6096	1711
62	Serigy 1	Var			x			6190	1711
63	Guepa	Var			x	x	x	5592	2099
64	Sintético UFLA	Var			x			7162	1711
65	3H842	HT				x		7859	2252
66	AL2012	Var				x		6844	2249
67	Capo	Var				x	x	5446	2238
68	HIV0908	HI				x		7680	2252
69	MG053xHA	Var				x		4954	2249
70	MS003xHB	Var				x		5631	2249
71	MC 50	Var					x	5915	2241
72	AL2013	Var					x	6337	2243
73	AL2014	Var					x	5456	2243
74	HTCMS-SP1	HTC					x	7235	2247
75	HTCMS771	HTC					x	7937	2249
76	HTCMS717	HTC					x	7601	2248
77	HTCMS795	HTC					x	7105	2249
78	HTCMS697	HTC					x	7370	2250
79	HTCMS707	HTC					x	7724	2256
80	HTCMS781	HTC					x	7023	2255
81	HTCMS699	HTC					x	7360	2257

Ano de avaliação *: 1 = 2010/11, 2 = 2011/12; 3 = 2012/2013; 4 = 2013/2014; 5 = 2014/15. Var: variedade HTC: híbrido Topcross; HI-híbrido intervarietal; HS: híbrido simples; HD- híbrido duplo; HT-híbrido triplo. μ -Média fenotípica; σ - desvio padrão; Cultivares em destaque (negrito) fazem parte dos 49 genótipos usados para análise de adaptabilidade e estabilidade nas safras 2013/14 e 2014/15.

ANEXO 3

ANEXO 3 - Distância entre os ambientes de ensaio e as estações meteorológicas.

Ambiente	Estação	Distancia (km)
Alfnas – MG	Machado	39
Brasilândia –MS	Paranaíba	247
Campo Grande – MS	Ivinhema	220
Coimbra (Baixo N)- MG	Viçosa	14
Dourados – MS	Ponta Porã	100
Frei Paulo – SE	Aracajú-SE	66
Inhaúma – MG	Sete Lagoas	16
Ipanguaçu - RN	Macau	51
Iranduba – AM	Manaus	17
Itaocara – RJ	Cordeiro	50
Jaboticabal – SP	Catanduva	69
Lucas do Rio Verde – MT	São José do Rio Claro	97
Magalhães de Almeida- MA	Chapadinha	133
Manduri – SP	São Carlos	184
Maracajú – MS	Ponta Porã	117
Mata Roma – MA	Chapadinha	31
Mucajaí – RR	Boa Vista	50
N ^a S ^a das Dores (Alta Adu.) – SE	Própria	49
Paragominas – PA	Belém	213
Piracicaba – SP	São Carlos	84
Planaltina – GO	Formosa	30
Ponta Grossa – PR	Irati	64
Rochedo – MS	Nhecolândia	238
São Bento do Una – PE	ArcoVerde	69
São Raimundo das Mangabeiras - MA	Balsas	84
Sinop – MT	Gleba Celeste	63
Sooretama – ES	São Mateus	58
Tangará da Serra – MT	Diamantino	116
Uruará – PA	Altamira	179
Vilhena – RO	São José do Rio Claro	378

ANEXO 4

ANEXO 4 - Estimativas dos componentes de variância genética (V.G) e residual (Erro) para o conjunto de dados de milho em 117 ambientes. (Continua)

Amb.	V.G	ERRO	Amb.	V.G	ERRO	Amb.	V. G	ERRO	Amb.	V.G	ERRO
1	0.8339	0.7693	31	1.0639	0.9838	61	0.7431	0.5787	91	0.7578	0.4248
2	0.7623	0.4552	32	1.2427	1.2920	62	0.8950	0.9820	92	0.9053	0.5178
3	0.8945	1.2094	33	0.7079	0.3448	63	0.8233	0.5485	93	0.8148	1.5184
4	1.1286	1.8208	34	0.8518	0.4731	64	0.7791	0.4217	94	1.0044	1.2119
5	1.0062	0.8166	35	0.9977	0.5300	65	0.7878	0.4755	95	0.9787	2.1358
6	0.8327	1.0806	36	0.9797	0.5170	66	0.9295	0.6168	96	0.8289	1.0505
7	0.6850	0.8791	37	0.9237	0.7837	67	0.8857	0.5924	97	0.8115	0.9137
8	0.9532	0.9971	38	0.7730	1.0929	68	0.8780	0.4382	98	0.9395	0.6748
9	0.8555	0.4847	39	0.9332	0.6714	69	0.8163	0.5164	99	1.0681	2.0661
10	0.8513	0.6693	40	1.0636	0.9202	70	0.7237	0.4785	100	1.2932	2.6203
11	0.7331	0.5330	41	0.7959	0.5252	71	0.8242	0.5465	101	0.8241	0.6615
12	0.7316	0.5022	42	0.9532	0.7447	72	1.0083	0.7247	102	1.0379	0.9146
13	0.8317	0.9060	43	0.7596	0.6596	73	0.8359	1.3344	103	1.1430	1.2069
14	0.8527	0.7671	44	0.9207	0.7066	74	1.0788	0.5910	104	0.9499	0.5186
15	1.1056	0.6011	45	0.6132	0.4439	75	1.0318	1.3519	105	0.8285	0.6020
16	0.9721	0.9553	46	1.0058	0.7695	76	0.9677	0.5803	106	1.2124	0.9939
17	0.8942	0.4759	47	0.8903	0.7015	77	1.2257	0.8199	107	0.8054	0.5637
18	0.7643	0.3947	48	0.9071	0.6384	78	0.9033	0.7523	108	0.7416	0.5471
19	0.9592	0.7682	49	0.9666	0.4620	79	0.8635	0.3876	109	0.9837	1.1746
20	0.5810	0.3454	50	1.2395	0.9449	80	0.7818	0.5574	110	1.2932	2.6203
21	0.7766	0.7161	51	0.7650	0.4532	81	0.7422	0.6525	111	0.7931	0.6243
22	1.2706	0.6161	52	0.8214	1.1962	82	0.8333	0.4305	112	0.8635	0.5372
23	0.6491	0.6299	53	1.0744	1.4251	83	0.8641	0.6094	113	0.8635	0.5372
24	0.8340	0.6420	54	0.8010	1.7429	84	1.0658	1.3561	114	0.8122	0.4530

ANEXO 4 - Estimativas dos componentes de variância genética (V.G) e residual (Erro) para o conjunto de dados de milho em 117 ambientes. (Conclusão)

Amb.	V.G	ERRO	Amb.	V.G	ERRO	Amb.	V. G	ERRO	Amb.	V.G	ERRO
25	0.9758	1.0170	55	1.2383	1.0820	85	0.8165	0.4764	115	0.9548	1.2046
26	0.8377	0.7222	56	1.0863	1.2492	86	0.9666	0.7920	116	0.8556	0.6799
27	0.9299	0.9818	57	0.9418	0.9210	87	0.7845	0.3650	117	1.2033	0.7700
28	0.9922	0.6992	58	0.9462	0.6781	88	0.8036	0.5565	-	-	-
29	0.7230	0.6733	59	0.8223	0.8847	89	0.8691	1.2055	-	-	-
30	1.0798	0.6975	60	0.7237	0.4785	90	0.7705	0.4285	-	-	-

ANEXO 5

ANEXO 5 - Intervalos de confiança (IC) e valores de probabilidade (Prob) para os valores genotípicos (VG) das 81 cultivares de milho no estudo. (Continua)

Cultivar	Cod.	Tipo	VG	IC1	IC2	Prob
2B707	26	HS	8152	0.64	3.21	0,99
HTCMS707	79	HTC	8123	0.57	3.22	0,99
2E530	57	HD	7535	0.26	2.36	0,99
11934	46	HI	7510	0.15	2.42	0,97
PC 0904	54	Var	7425	0.02	2.38	0,95
2K1265	59	HI	7150	-0.23	2.08	0,88
BRS1055	22	HS	7003	-0.05	1.60	0,93
DSS HI 01	52	HI	6850	-0.65	1.90	0,66
Sint 10783	42	Var	6800	-0.36	1.51	0,77
HTCMS699	81	HTC	6779	-0.77	1.88	0,59
MC 6028	44	HI	6767	-0.63	1.71	0,64
BRS 1060	23	HS	6711	-0.80	1.76	0,54
PC 0905	55	Var	6634	-0.77	1.59	0,50
Sint 10781	49	Var	6564	-0.50	1.17	0,57
Sint Super-precoce	14	Var	6562	-0.71	1.38	0,47
Sint 10717	43	Var	6559	-0.50	1.16	0,57
AL 2010	60	Var	6495	-0.94	1.48	0,34
HTCMS781	80	HTC	6493	-1.06	1.59	0,31
Sint 10795	39	Var	6463	-0.59	1.07	0,42
3H842	65	HT	6459	-1.08	1.54	0,27
Sint 10805	40	Var	6413	-0.75	1.12	0,30
Sintético UFLA	64	Var	6409	-1.15	1.52	0,21
DSS-0404	28	Var	6384	-0.97	1.29	0,21
Sint 10697	37	Var	6352	-0.71	0.96	0,23
MG053xHA	69	Var	6341	-1.20	1.42	0,14
DSS HI 02	53	HI	6272	-1.23	1.32	0,06
DSS-0402	27	Var	6272	-1.09	1.18	0,06
AL Piratininga	3	Var	6253	-1.25	1.31	0,03
AL 2008	61	Var	6251	-1.31	1.36	0,03
Sint 10709	48	Var	6248	-1.26	1.30	0,03
BR 106	2	Var	6246	-0.81	0.85	0,04
Sint 10771	35	Var	6241	-0.82	0.84	0,03
Sint 10699	47	Var	6233	-0.83	0.84	0,01
BRS 4103	9	Var	6216	-0.84	0.81	0,02
PC 0404	30	Var	6215	-1.29	1.27	0,01
HIV0908	68	HI	6193	-1.34	1.28	0,04
MS003xHB	70	Var	6193	-1.34	1.28	0,04
Sintético 256 L	12	Var	6189	-0.98	0.90	0,06
AL 2007-A	32	Var	6186	-1.32	1.24	0,05
Sintético 1X	8	Var	6183	-0.98	0.89	0,07
Sint 10791	41	Var	6181	-1.33	1.23	0,06
Sint 10707	38	Var	6177	-0.81	0.71	0,10
AL Avaré	31	Var	6175	-0.99	0.89	0,09

ANEXO 5 - Intervalos de confiança (IC) e valores de probabilidade (Prob) para os valores genotípicos (VG) das 81 cultivares de milho no estudo. (Conclusão)

Cultivar	Cod.	Tipo	VG	IC1	IC2	Prob
MC 20	15	Var	6170	-1.00	0.88	0.10
AL2012	66	Var	6167	-1.37	1.25	0.07
Sint 10719	36	Var	6166	-1.34	1.22	0.07
PC 0402	16	Var	6128	-1.14	0.94	0.15
Sintético RxS Spod	11	Var	6096	-0.96	0.69	0.24
BRS Caimbé	10	Var	6092	-0.96	0.69	0.25
VSL BS 42C60	17	Var	6082	-1.08	0.79	0.24
Sint 10747	33	Var	6078	-1.43	1.13	0.18
Sint 10723	45	Var	6018	-1.15	0.73	0.34
Bio 5	51	HI	6015	-1.49	1.07	0.25
AL Bandeirante	1	Var	6013	-1.50	1.07	0.26
Guepa	63	Var	6008	-1.32	0.88	0.30
HTCMS-SP1	74	HTC	6007	-1.54	1.10	0.26
Serigy 1	62	Var	5999	-1.56	1.11	0.26
BIO 4	20	HI	5967	-1.30	0.78	0.38
BRS Gorutuba	58	Var	5955	-1.24	0.69	0.42
Sint. Mult. TL	21	Var	5906	-1.25	0.61	0.50
BRS4104	18	Var	5894	-1.16	0.49	0.57
BRS 2022	19	HD	5894	-1.61	0.95	0.39
Sint 10731	34	Var	5885	-1.27	0.59	0.53
HTCMS717	76	HTC	5812	-1.74	0.91	0.46
HTCMS771	75	HTC	5776	-1.78	0.87	0.50
PC 0903	56	Var	5763	-1.64	0.71	0.56
BRS 2020	4	HD	5738	-1.62	0.64	0.60
BRS Eldorado	5	Var	5715	-1.55	0.53	0.67
DSS-0401	50	Var	5667	-1.84	0.72	0.61
BRS 3025	24	HT	5594	-1.91	0.65	0.67
AL2014	73	Var	5583	-1.97	0.68	0.66
CMS EAO 2008	29	Var	5571	-1.70	0.39	0.78
BRS Caatingueiro	6	Var	5570	-1.96	0.65	0.68
HTCMS795	77	HTC	5524	-2.03	0.62	0.70
BRS 3060	25	HT	5378	-2.13	0.43	0.81
AL2013	72	Var	5374	-2.18	0.47	0.79
HTCMS697	78	HTC	5357	-2.19	0.45	0.80
MC 50	71	Var	5205	-2.35	0.30	0.87
BRS Sol da manhã	7	Var	5167	-2.19	0.07	0.93
Capo	67	Var	6200	-1.23	1.17	0.03
Sintético P	13	Var	6003	-1.50	1.06	0.27

Média geral de produtividade de grãos (média genotípica) = 6227 kg.ha⁻¹