



**EMILIANO FERNANDES NASSAU COSTA**

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM  
DIFERENTES TIPOS DE HÍBRIDOS DE MILHO**

**LAVRAS - MG  
2010**

**EMILIANO FERNANDES NASSAU COSTA**

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM DIFERENTES TIPOS  
DE HÍBRIDOS DE MILHO**

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

Orientador

Dr. João Cândido de Souza

**LAVRAS - MG**

**2010**

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca da UFLA**

Costa, Emiliano Fernandes Nassau.

Interação genótipos x ambientes em diferentes tipos de híbridos  
de milho / Emiliano Fernandes Nassau Costa. – Lavras : UFLA,  
2010.

69 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2010.

Orientador: João Cândido de Souza.

Bibliografia.

1. Zea mays. 2. Adaptabilidade. 3. Estabilidade. 4. AMMI. 5.  
Ecovalência. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.523

**EMILIANO FERNANDES NASSAU COSTA**

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM DIFERENTES TIPOS  
DE HÍBRIDOS DE MILHO**

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

APROVADA em 20 de Julho de 2010

Dr. José Airton Rodrigues Nunes	UFLA
Dr. Samuel Pereira de Carvalho	UFLA
Dr. Lauro José Moreira Guimarães	Embrapa
Dr. Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães	Embrapa

Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS – MG**

**2010**

## **DEDICO**

*aos meu pais, Enio Fernandes da Costa (in memoriam) e Maria Nilma Nassau Costa.*

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus.

Às minhas irmãs, Graziella e Mayara, e ao meu sobrinho Bernardo, que sempre acreditaram em mim e me apoiaram.

A minha noiva Regina, pelo carinho, amor e tranquilidade.

A Carmindo Pedras, pela amizade, apoio e incentivo.

À Universidade Federal de Lavras.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor João Cândido de Souza, pela orientação, ensinamentos, incentivo e pelo exemplo de competência.

Aos demais docentes do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA, pelos ensinamentos transmitidos.

Aos colegas da Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela agradável convivência e momentos de descontração ao longo do curso.

Aos membros da banca, pelas valiosas sugestões para a melhoria deste trabalho.

Aos funcionários de campo, pelo auxílio na condução dos experimentos.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, pela amizade e convivência diária.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

**Meu muito obrigado !!!**

## RESUMO GERAL

O presente estudo foi realizado com o objetivo de comparar o desempenho, a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos originados de um mesmo conjunto de linhagens. Foram avaliados 64 tratamentos, sendo 10 híbridos simples, 30 híbridos triplos e 15 híbridos duplos obtidos a partir de 5 linhagens, mais 9 híbridos comerciais, sendo 3 simples, 3 híbridos triplos e 3 híbridos duplos. O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo 8x8. Os experimentos foram avaliados em doze ambientes, sendo nove ambientes no ano agrícola 2007/2008 e três ambientes no ano agrícola 2008/2009. O caráter avaliado foi a produtividade de espigas despalhadas ( $\text{kg/ha}^{-1}$ ), corrigida para 13% de umidade. Realizaram-se as análises individuais e conjunta de variância e, após verificada a presença da interação genótipos x ambientes, procedeu-se à análise de estabilidade por meio da estimativa da ecovalência e do método AMMI. Foi possível selecionar híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos superiores dentro de cada classe. O híbrido simples com melhor desempenho foi 11,4% superior ao melhor híbrido triplo e 9,4% superior ao melhor híbrido duplo. Em média, não houve diferença entre a produtividade dos híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos, assim como, em média, os híbridos duplos foram os que menos contribuíram para a interação genótipos x ambientes, seguidos pelos híbridos triplos e híbridos simples. Foi possível selecionar tanto híbridos simples, quanto híbridos triplos e híbridos duplos estáveis e produtivos.

Palavras-chave: *Zea mays*. Adaptabilidade. Estabilidade. AMMI. Ecovalência

## GENERAL ABSTRACT

The objective of this work was to compare the performance, the adaptability and stability of single-crosses, three-way-crosses and double-cross hybrids originated from the same set of inbred lines. Sixty-four treatments were evaluated, which ten were single-crosses, thirty were three-way-crosses, and fifteen were double-crosses. Nine commercial hybrids were used as checks, which were three single-crosses, three three-way crosses and three double-cross hybrids. They were evaluated in an 8x8 triple lattice design in twelve environments, which were nine environments in 2007/2008 and three environments in 2008/2009 growing seasons. The trait under study was yield of husked ears ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) corrected to 13% moisture content. Individuals and joint analysis of variance were performed, and after verifying the presence of genotype x environment interaction the analysis of stability was proceeded by estimating the ecovalence and by the AMMI method. It was selected superior single cross hybrids, three-way crosses and double-cross hybrids within each class. The single-cross hybrid with the best performance was 11.4% superior to the best three-way cross and 9.4% superior to the best double-cross. On average, there was no difference between the yield of single-crosses, three-way crosses and double-crosses, and the double-crosses were the ones that contributed the least to the genotype x environment interaction, followed by three-way crosses and single-crosses. It was selected high yielding and stables single-crosses, three-way crosses and double-crosses.

Key words: Zea mays. Adaptability. Stability. AMMI. Ecovalence



## SUMÁRIO

	<b>PRIMEIRA PARTE: INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>9</b>
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>10</b>
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO.....</b>	<b>12</b>
<b>2.1</b>	<b>O milho híbrido.....</b>	<b>12</b>
<b>2.1.1</b>	<b>Histórico.....</b>	<b>12</b>
<b>2.1.2</b>	<b>Tipos de híbridos.....</b>	<b>16</b>
<b>2.2</b>	<b>Interação genótipos x ambientes.....</b>	<b>19</b>
<b>3</b>	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>31</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>32</b>
	<b>SEGUNDA PARTE – ARTIGO.....</b>	<b>39</b>
	<b>ARTIGO 1: INTERAÇÃO GENÓTIPOS AMBIENTES EM DIFERENTES TIPOS DE HÍBRIDOS DE MILHO (Normas da Revista Científica Pesquisa Agropecuária Brasileira).....</b>	<b>39</b>

**PRIMEIRA PARTE: INTRODUÇÃO GERAL**

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

A contribuição do melhoramento de plantas para a sociedade foi e continua sendo expressiva. Especialmente no caso do milho, a descoberta da heterose e a introdução de híbridos foram as principais causas do aumento em produtividade. No Brasil, o melhoramento genético do milho tem contribuído significativamente para o aumento de produtividade, tendo havido um incremento de  $1.618 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$  no período entre 1972 a 2003.

A exploração do vigor híbrido, inicialmente, só foi possível com o emprego dos híbridos duplos. Atualmente, no Brasil, tem-se observado que os híbridos duplos vêm sendo gradativamente substituídos pelos híbridos triplos e simples. O aumento da comercialização de híbridos simples em detrimento dos duplos e triplos coloca o pequeno e o médio produtor brasileiro em situação não muito favorável, uma vez que o preço desses produtos chega a ultrapassar 15% do custo total de produção da lavoura de milho.

Apesar das mudanças que vêm ocorrendo na comercialização dos diferentes tipos de híbridos, a diferença de produtividade de grãos entre eles não é muito acentuada. Sendo assim, a adoção de forma generalizada de um determinado tipo de híbrido deve ser tomada com cautela. Nem sempre os melhores híbridos são os mais estáveis, pois diferem quanto ao grau de heterosigiosidade e de heterogeneidade, refletindo diretamente na contribuição da interação genótipos por ambientes.

Em trabalhos na literatura foram comparadas diferentes tipos de híbridos e concluiu-se que os híbridos simples são os que mais contribuem para a interação genótipos por ambientes, seguidos dos híbridos triplos e duplos (RIBEIRO; RAMALHO; FERREIRA, 2000; TORRES, 1988). Os trabalhos existentes comparam híbridos provenientes de diferentes linhagens, o que torna os resultados pouco informativos quando se deseja comparar com híbridos obtidos

de outros conjuntos gênicos. Dessa forma, uma opção para avaliar a produção e a heterogeneidade genética na estabilidade é realizar a comparação de diferentes tipos de híbridos obtidos de um mesmo conjunto de linhagens.

Existem diversas metodologias destinadas à avaliação da interação genótipos x ambientes em que a escolha do método dependerá de fatores como os dados experimentais, especialmente do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Um dos métodos que são utilizados é o da ecovalência, que estima a contribuição de cada genótipo para a interação genótipos x ambientes. Nos últimos anos, as técnicas multivariadas têm ganhado espaço neste tipo de estudo, em virtude da popularização dos computadores e de modernos pacotes estatísticos, que permitem que os complexos cálculos envolvendo álgebra de matrizes e modelos lineares sejam realizados em segundos. O método AMMI (additive main effects and multiplicative interaction analysis) é uma dessas técnicas multivariadas e que consideram modelos aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e multiplicativos para os efeitos da interação  $G \times A$  (CROSSA; GAUCH; ZOBEL, 1990).

Dessa forma, este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar o desempenho, a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples, triplos e duplos originados de um mesmo conjunto de linhagens.

## **2 REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1 O milho híbrido**

#### **2.1.1 Histórico**

O termo híbrido pode ser definido como a geração  $F_1$  ou a primeira geração proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações geneticamente divergentes (BORÉM; MIRANDA, 2005).

A primeira proposta da utilização de híbridos de milho foi feita por Shull, em 1908, que observou que a planta de milho, quando autofecundada, perdia vigor e que este era restaurado por meio da hibridação entre as linhagens endogâmicas. Inicialmente, a proposta baseava-se no uso de híbrido simples. Tal inovação não foi adotada de imediato, devido ao fato de as linhagens apresentarem reduzido vigor e baixa produtividade e, também, devido ao manejo fitotécnico adotado naquela época, aumentando muito o custo das sementes e tornando inviável a produção de sementes híbridas (HALLAUER, 2007; PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

Ao mesmo tempo, East também chegou à conclusão de que a geração  $F_1$  oriunda do cruzamento entre duas linhagens poderia superar as variedades que lhes deram origem. Porém, foi pessimista quanto a este procedimento e a sua utilidade prática, devido ao baixo vigor e a baixa produção de sementes das linhagens (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

Após a sugestão de Jones, em 1918, para que se produzissem híbridos duplos, foi possível contornar os problemas tornando a produção e comercialização das sementes viável. Este trabalho foi o grande propulsor da produção e da comercialização de milho híbrido nos EUA e, posteriormente, no Brasil e no mundo. Isso estimulou as empresas a obterem híbridos comerciais de

milho para fornecerem aos agricultores, em substituição às variedades de polinização aberta (PATERENIANI; CAMPOS, 1999). E, em 1950, aproximadamente 100% do cultivo de milho nos Estados Unidos era realizado utilizando sementes de híbridos duplos.

Por volta de 1960, começou o interesse pelo cultivo do milho híbrido simples foi retomado, pois se imaginava que a produção de grãos havia atingido um platô. Devido ao fato de os métodos de seleção genealógica serem efetivos no desenvolvimento de linhagens endogâmicas melhoradas a partir de cruzamentos de linhagens elite, as novas linhagens endogâmicas eram mais vigorosas, mais fáceis de manter e tinham maior produção de grãos que as primeiras linhagens desenvolvidas a partir de cultivares de polinização aberta (HALLAUER, 2007). Com a utilização de linhagens mais vigorosas e com o desenvolvimento das práticas de manejo fitotécnico, a produção de híbridos simples apresentava custos mais aceitáveis aos produtores do que os existentes em 1910.

Cockerham (1961) demonstrou que a eficiência da seleção entre híbridos simples seria duas vezes maior em relação aos híbridos duplos se apenas fossem considerados os efeitos aditivos e, quando fossem considerados os efeitos não aditivos (dominância e epistasia), essa eficiência seria ainda maior.

Desde então, ocorreram mudanças drásticas no panorama das cultivares fornecidas aos produtores de milho dos Estados Unidos, onde têm sido verificados incrementos cada vez maiores, evidenciando o sucesso do cultivo do milho híbrido nesse país (Figura 1). Em 1980, aproximadamente 100% do cultivo já era realizado com híbridos simples (HALLAUER, 2007).

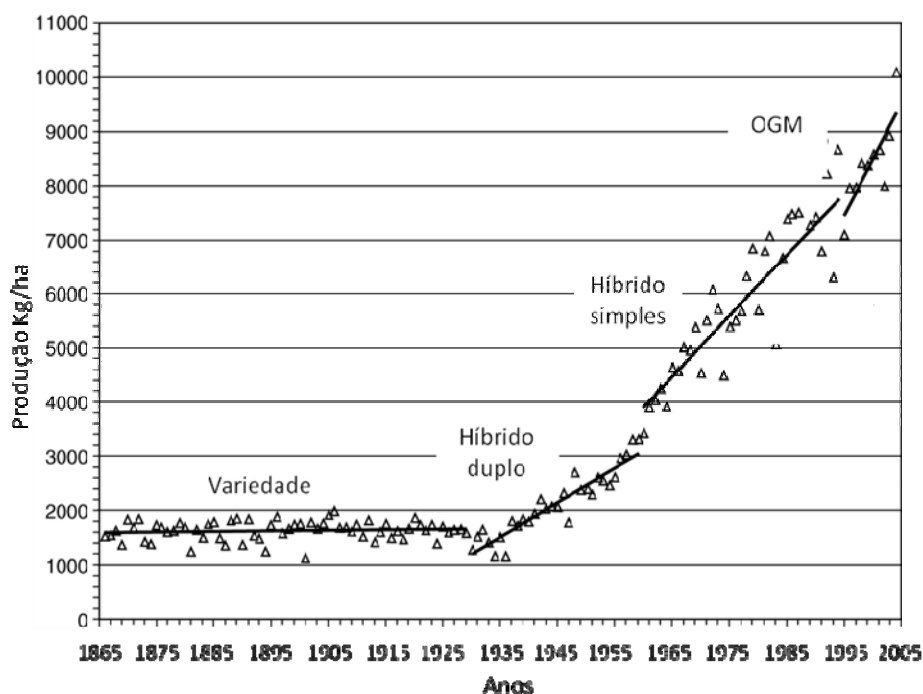


Figura 1 Média da produção de milho nos estados Unidos, de 1865 a 2004.  
Fonte: Troyer, 2006.

No Brasil, os trabalhos com milho híbrido foram iniciados pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), em 1932 e pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), em 1934. O primeiro híbrido intervarietal foi lançado pela UFV, em 1938 e o primeiro híbrido duplo pelo IAC, em 1939 (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). A partir desse momento, outras instituições públicas e privadas passaram a desenvolver programas de melhoramento, visando à obtenção de híbridos no Brasil. A maioria das empresas não tinha seus próprios programas de melhoramento e utilizavam híbridos desenvolvidos pelas instituições públicas de pesquisa. Já nos meados da década de 1980, o mercado de sementes híbridas cresceu e isso fez com que as empresas passassem a desenvolver seus próprios programas de melhoramento; novas empresas foram

criadas e o interesse de multinacionais no mercado brasileiro ficou evidente com a instalação de algumas delas (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000).

Com o emprego dos primeiros híbridos de milho, houve um aumento significativo da produtividade em relação às variedades. Porém, o progresso na produtividade de milho no Brasil tem sido inferior ao dos EUA. Entretanto, o potencial produtivo dos híbridos brasileiros vem sendo cada vez mais evidenciado pelos concursos de produtividade promovidos pela Embrapa/CNPMS e Emater, nas últimas décadas. Considerando os produtores rurais campeões do concurso realizada na safra 77/78, estes obtiveram produtividade de 7,8 t/ha; já na safra 93/94, foi de 16,8 t/ha, apresentando acréscimo de 418 kg/ha/ano (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000).

No Brasil, o melhoramento genético do milho tem contribuído significativamente para o aumento de produtividade, onde houve incremento de 1.618 kg/ha<sup>-1</sup>, nos últimos 31 anos (COELHO; CRUZ; PEREIRA FILHO, 2003). Embora não estejam disponíveis as informações a respeito do percentual dos fatores (genético ou ambiental) responsáveis por este aumento, a exemplo do que ocorreu nos EUA, o melhoramento genético associado às inovações no manejo fitotécnico da cultura mostra-se fundamentais para o aumento dessa produtividade.

Para a safra de 2009/2010, foram disponibilizadas 325 cultivares de milho. Dentre estas, 49 novas cultivares substituíram 26 cultivares que deixaram de ser comercializadas na safra atual, confirmando a dinâmica dos programas de melhoramento, a confiança do setor na evolução da cultura e a importância do uso da semente no aumento da produtividade. Entre elas, verificou-se predominância no número de híbridos simples, que representam, hoje, 54,26% das opções de mercado. Esta foi a segunda safra em que se comercializou sementes de milho transgênico no Brasil e estas passaram de 19 para 104 cultivares, as quais são resultantes de três eventos transgênicos para o controle



de lagartas e um evento transgênico que confere resistência ao herbicida glifosato aplicado em pós-emergência (CRUZ; PEREIRA FILHO, 2010).

### **2.1.2 Tipos de híbridos**

Etimologicamente, o termo híbrido refere-se a qualquer planta produzida a partir de parentais geneticamente diferentes. Em milho, este termo indica, geralmente, cruzamento entre linhagens oriundas de populações diferentes, no intuito de se explorar a heterose (desempenho superior) existente entre os cruzamentos das populações. O número e a composição genética dessas linhagens podem diferir consideravelmente, possibilitando, assim, a obtenção de diversos tipos de híbridos (HALLAUER; RUSSEL; LAMKEY, 1988).

Uma tecnologia amplamente adotada em níveis comerciais deve apresentar vantagens, quando comparada com outras tecnologias disponíveis. A utilização de híbridos apresenta as seguintes vantagens em relação às variedades de polinização aberta: 1) associar características de genitores distintos; 2) obter genótipos superiores em tempo relativamente curto; 3) utilizar interações alélicas e não alélicas na geração híbrida; 4) produzir genótipos uniformes e 5) produzir semente de milho híbrido em escala comercial com reflexos favoráveis sobre a economia da região (PATERNIANI, 1974).

Os métodos de obtenção de sementes híbridas de milho variam para cada tipo de híbrido que se pretende sintetizar. Viegas e Miranda Filho (1987) descreveram os seguintes tipos: top-cross, híbrido simples, híbrido simples modificado, híbrido triplo, híbrido duplo, híbrido múltiplo e híbrido intervarietal.

Davis (1927) e Jenkis e Brunson (1932) introduziram o esquema top-cross para realizar a avaliação do valor genético das linhagens em cruzamento. De acordo com este esquema, todas as linhagens (utilizadas como genitoras

femininas) são cruzadas com um testador comum (utilizado como genitor masculino) e seu valor genético é determinado com base em contrastes de médias (média geral) de caracteres quantitativos. Esse tipo de híbrido não tem valor comercial, porém, segundo Hallauer (1990), o uso do esquema top-cross acabou tornando-se um processo padrão nos programas de melhoramento para a avaliação da capacidade de combinação de linhagens em cruzamento.

Algumas controvérsias sobre o uso do esquema top-cross referem-se à escolha do testador, pois um determinado material pode ser um bom testador em determinada situação, porém, não em outra (MIRANDA FILHO; GORGULHO, 2001). Algumas variações devem ser consideradas, tais como a base genética do testador (ampla vs. estreita), o grau de parentesco com o material a ser avaliado e o valor genético intrínseco (padrão elevado vs. padrão regular ou inferior) (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

Um bom testador é aquele que classifica corretamente os genótipos avaliados, discriminando-os com nitidez e com o mínimo de avaliações. Segundo Borém e Miranda (2005), linhagens altamente produtivas são consideradas testadores ruins, por conter um grande número de alelos dominantes, tendendo a mascarar o real potencial genético das linhagens em avaliação. De acordo com Miranda Filho e Gorgulho (2001), o uso de vários testadores simultaneamente pode melhorar a precisão da avaliação do potencial genético das linhagens, mas, mesmo assim, irá persistir a dúvida sobre o grau de mascaramento do valor genético, por se tratar de testadores de elevado padrão. Hull (1945) concluiu que um testador com maior frequência de alelos recessivos conduz à menor média e à maior variância entre os híbridos. Assim sendo, um testador com valor genético mais baixo seria mais eficiente em melhor discriminar os genótipos da população. Entretanto, os programas de melhoramento de milho são baseados em testadores elites e utilizados em grupos heteróticos opostos, pois o objetivo do top-cross é identificar linhagens que

possuam boa capacidade de combinação com as linhagens elites, formando um híbrido superior.

Os híbridos simples são obtidos mediante o cruzamento de duas linhagens endogâmicas não relacionadas, ou seja, de grupos heteróticos diferentes. Em geral, são mais produtivos que os demais tipos de híbridos, apresentando grande uniformidade de plantas e de espigas. A semente possui um custo de produção mais elevado porque é obtida nas linhagens que, por serem endogâmicas, apresentam menor produção. Os híbridos simples modificados utilizam como genitor feminino o híbrido entre duas linhagens irmãs da mesma família, isto é,  $(A \times A')$  e, como genitor masculino, uma linhagem  $(B)$  ou também um híbrido entre linhagens afins  $(B \times B')$ . O coeficiente de endogamia  $(F_{LM})$  das linhagens modificadas, isto é, de duas linhagens irmãs, é expresso por  $(F_{LM})=(1/2)(1+F_p)$  (SOUZA JÚNIOR, 2001). Nesses casos, o custo de produção de sementes é reduzido porque o genitor feminino apresenta certo vigor que se manifesta em maior produção.

Os híbridos triplos são obtidos a partir do cruzamento de um híbrido simples  $(A \times B)$  com uma terceira linhagem  $(C)$ . Também podem ser obtidos sob a forma de híbrido triplo modificado, em que o híbrido simples é cruzado com uma linhagem modificada, isto é,  $(A \times B) \times (C \times C')$  (SOUZA JÚNIOR, 2001; VIEGAS; MIRANDA FILHO, 1987).

Os híbridos duplos são obtidos por meio do cruzamento de dois híbridos simples,  $(A \times B) \times (C \times D)$ , envolvendo, portanto, quatro linhagens endogâmicas. Os híbridos múltiplos são produzidos mediante a utilização de cinco, seis ou mais linhagens. Este tem sido muito pouco utilizado comercialmente e sua principal vantagem é que a inclusão de diversos genitores resulta em maior número de diferentes alelos para cada loco, apresentando, assim, maior variabilidade genética, o que pode resultar em maior amplitude de adaptação (SOUZA JÚNIOR, 2001; VIEGAS; MIRANDA FILHO, 1987).

Os híbridos intervarietais podem ser utilizados comercialmente, pois permitem o aproveitamento da heterose, sem a necessidade de obtenção de linhagens. Apresentam, portanto, a vantagem de facilidade de obtenção, além de exibirem maior capacidade de adaptação, devido à maior variabilidade genética em relação aos híbridos de linhagens. As gerações avançadas de híbridos intervarietais podem ser utilizadas como populações base para o melhoramento interpopulacional (VIEGAS; MIRANDA FILHO, 1987).

A comparação entre os híbridos simples, triplos e duplos com relação à uniformidade, à estabilidade e à produtividade de grãos tem sido o objetivo de alguns estudos (BECKER; LÉON, 1988; MACHADO et al., 2008). A maioria destes apresenta resultados semelhantes, indicando maior uniformidade e produtividade de grãos aos híbridos simples, seguidos dos triplos e duplos consecutivamente. O inverso foi observado em relação à estabilidade porque os duplos se constituem de uma mistura de genótipos. No entanto, outros resultados são contraditórios aos relatados acima (MUNIZ, 1995; RUSCHEL; PENTEADO, 1970).

Troyer e Rocheford (2002) enfatizam que a produtividade dos híbridos simples é, em média, 5% superior àquela obtida por híbridos duplos. Além disso, os híbridos simples têm vantagens para as empresas de sementes, como o maior valor agregado ao produto final, e também contam com a preferência dos agricultores de alto investimento, pois os híbridos simples conferem maior uniformidade.

## **2.2 Interação genótipos x ambientes**

Os caracteres normalmente manipulados pelos melhoristas, como a produtividade de grãos em milho, são denominados quantitativos ou poligênicos e, quando plotados em gráficos de distribuição de frequências, apresentam

distribuição denominada de normal. De maneira geral, tais caracteres são controlados por vários genes, cada um com um pequeno efeito sobre o fenótipo ( $F$ ), havendo participação de influências ambientais ( $A$ ). O fenótipo, por sua vez, é influenciado pelo genótipo, que é a constituição genética do indivíduo, e pelo ambiente, que pode ser definido como o conjunto das condições externas ao organismo que afetam seu crescimento e desenvolvimento. Contudo, avaliando-se este genótipo em mais de um ambiente, a manifestação fenotípica será influenciada por um novo componente, resultante da interação dos genótipos por ambientes ( $G \times A$ ).

$$F = G + A + G \times A$$

Para a detecção da interação ( $G \times A$ ), é necessário que genótipos diferentes sejam avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes, pois a avaliação em apenas um ambiente não permite que o componente da interação seja isolado, acarretando uma superestimativa da variância genética. Consequentemente, a herdabilidade também fica superestimada, comprometendo o ganho esperado com a seleção, o qual é diretamente proporcional à herdabilidade (TERASAWA JÚNIOR; VENCOVSKY; KOEHLER, 2008). Assim, para se obter estimativas da interação genótipos por ambientes, é necessário que, na avaliação, sejam considerados, no mínimo, dois genótipos em dois ambientes (BRUZI, 2006).

Tomando-se um exemplo hipotético, no qual dois genótipos são avaliados em dois ambientes (Figura 2), podem ser visualizados os diferentes tipos de expressão da interação  $G \times A$ . Nas Figuras 2A e 2B estão representadas as ausências de interação, ou seja, os genótipos apresentam o mesmo nível de resposta à variação ambiental (2a) ou, então, mantêm-se indiferentes a esta variação (2b). A interação do tipo simples está representada na Figura 2(c), 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.

A interação do tipo complexa, representada na Figura 2(d), 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. Em situações reais, nas quais os melhoristas dispõem de um grande número de genótipos e de ambientes, o mais comum é que ocorram as interações dos tipos simples e complexa em conjunto, das quais esta última é a que mais atrapalha o melhorista, principalmente no momento da recomendação das cultivares.

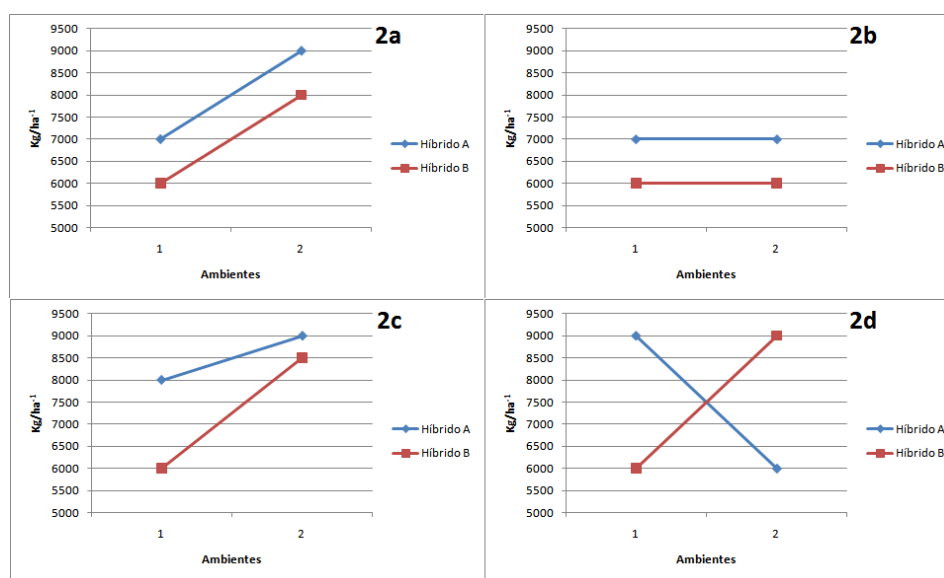


Figura 2 Padrões de comportamento dos genótipos em diferentes ambientes, destacando a ausência de interação (Figura 2a e Figura 2b), bem como os tipos de interação simples (Figura 2c) e complexa (Figura 2d).

A resposta dos genótipos às mudanças ambientais é resultante de dois tipos de variações ambientais: previsíveis e imprevisíveis. A primeira inclui

todas as condições permanentes do ambiente, que variam de maneira sistemática. Já as imprevisíveis, que são as que mais contribuem para as interações genótipos x anos e genótipos x locais, bem como para as interações mais complexas como a interação tripla genótipos x locais x anos, correspondem às variações dos fatores ambientais, como precipitação, temperatura e outros (ALLARD; BRADSHAW, 1964; FEHR, 1987).

A natureza da interação pode ser atribuída a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada cultivar. 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 nível de expressão dos mesmos não é coincidente entre os ambientes. Isso porque a expressão dos genes é influenciada e ou regulada pelo ambiente.

Segundo Chaves (2001), a interação  $G \times A$  resulta, então, da resposta diferencial dos genótipos à variação ambiental e não deve ser vista como um simples efeito estatístico e, sim, como um fenômeno biológico em suas aplicações no melhoramento de plantas. No entanto, pode-se dizer que é com ferramenta estatístico, juntamente com conhecimento do fenômeno no âmbito biológico, que se podem tirar melhores informações para entender a interação  $G \times A$  e propor alternativas para minimizá-la ou aproveitá-la em benefício dos agricultores.

Desse modo, constata-se que, se não houvesse a interação  $G \times A$ , uma dada cultivar poderia se adaptar à maioria dos ambientes de cultivo (locais, safras, condições de clima e solo), de maneira que um único ensaio poderia ser a base para uma recomendação generalizada (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Partindo desse ponto de vista, a interação  $G \times A$  não deve ser considerada apenas como um problema, mas como uma oportunidade a ser aproveitada.

De acordo com Cruz e Carneiro (2003), a interação pode ser simples ou complexa. A interação simples é proporcionada pela diferença de variabilidade

entre genótipos nos ambientes, de forma que a posição relativa destes genótipos não é alterada, não acarretando problemas ao melhorista, uma vez que os melhores genótipos em um ambiente também o são em outros. A interação complexa ocorre pela falta de correlação genética entre os desempenhos dos genótipos nos ambientes considerados, apresentando diferentes respostas às variações ambientais, o que resulta na alteração da sua classificação, frente aos diversos ambientes. Dessa forma, interações complexas têm grande importância no melhoramento, influenciando na eficiência da seleção e na precisão das recomendações de cultivo (BAKER, 1988; CROSSA; CORNELIUS, 1997).

Ramalho, Santos e Zimmermann (1993) comentam que, considerando um número maior de ambientes e de cultivares, a presença de interação complexa quase sempre indica a existência de cultivares especificamente adaptadas a ambientes particulares, bem como de outros com adaptação mais ampla, porém, nem sempre com alto potencial produtivo. Pela importância dessa interação, cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para a sua minimização e ou seu aproveitamento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Apesar da interação genótipos por ambientes, é possível a seleção de genótipos de adaptação ampla ou específica. De acordo com Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), podem ser tomadas algumas medidas para atenuar ou minimizar os efeitos da interação genótipos x ambientes. Entre as alternativas, tem sido recomendado o emprego de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade. De acordo com Bernardo (2002), são demandados grandes esforços na avaliação de materiais em uma vasta gama de ambientes e anos. Nos EUA, os híbridos comerciais são testados em cerca de 120 a 2.100 locais antes da sua liberação comercial.

Atualmente, existe mais de uma dezena de métodos utilizados frequentemente no melhoramento de plantas para se avaliar a adaptabilidade e a



estabilidade fenotípica. As principais diferenças entre eles estão nos parâmetros adotados para a sua avaliação, nos procedimentos biométricos empregados para avaliá-los ou na informação e detalhamento de sua análise (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Porém, para a aplicação de qualquer uma das metodologias, o primeiro ponto a ser considerado é a definição de estabilidade.

Para Mariotti et al. (1976), a estabilidade pode ser definida como a capacidade dos genótipos apresentarem desempenho o mais constante possível, em função das variações ambientais, enquanto a adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos de responderem vantajosamente à melhoria do ambiente. Este conceito de estabilidade é definido por Morais (1980) como estabilidade de comportamento e não fenotípica, e é o que interessa ao melhorista, uma vez que está associado ao conceito de adaptabilidade, ou seja, a estabilidade de um dado genótipo determina, também, a confiabilidade nos parâmetros estimados de adaptabilidade.

Lin, Binns e Lefkovitch (1986) sugeriram três conceitos para estabilidade: i) a cultivar será considerada estável se sua variância entre ambientes for pequena; ii) a cultivar será estável se sua resposta aos ambientes for paralela ao desempenho médio de todas cultivares avaliadas e iii) será estável a cultivar que apresentar o quadrado médio do desvio da regressão baixo, próximo a zero, ou seja, alta confiabilidade na resposta estimada. Os três conceitos apresentados por Lin, Binns e Lefkovitch (1986) não levam em consideração as variações imprevisíveis do ambiente. Nesse sentido, Lin e Binns (1988) sugeriram o quarto tipo, no qual a cultivar com maior estabilidade será aquela que apresentar menor quadrado médio da interação genótipos  $\times$  anos, ou seja, indivíduos estáveis frente às variações imprevisíveis.

A estabilidade do tipo 1, denominada por Becker (1981) “estabilidade no sentido biológico”, corresponde à cultivar que apresenta um desempenho constante com a variação do ambiente. Esse tipo de estabilidade não é

agronomicamente desejável porque o genótipo não responde à melhoria do ambiente e, normalmente, está associada a uma menor produtividade (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

A estabilidade do tipo 2, denominada por Becker (1981) “estabilidade no sentido agrônômico”, equivale à cultivar que acompanha o desempenho médio obtido nos ambientes. Essa estabilidade tem sido a preferida, pois permite identificar cultivares estáveis e com potencial de se manterem entre as melhores em todos os ambientes (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). Segundo Lin, Bins e Lefkovitch (1986), esse tipo de estabilidade é uma medida restrita aos genótipos que foram avaliados e, portanto, não pode ser generalizada.

Considerando esse tipo de estabilidade (tipo 2), existem vários tipos de procedimentos que podem ser utilizados para sua avaliação. Um dos métodos mais utilizados é o descrito por Wricke e Weber (1986), cujo parâmetro é denominado “ecoalência” ( $W_i$ ), que estima o quanto cada cultivar contribui para a interação. Logo, quanto mais próximo de zero for a estimativa de  $W_i$ , mais estável é a cultivar.

Na estabilidade do tipo 3, o genótipo é considerado estável quando o quadrado médio do desvio da regressão é pequeno. A regressão é o processo mais utilizado no estudo de estabilidade. Ela foi inicialmente proposta por Yates e Cochran (1938), porém, recebeu mais notoriedade por meio dos trabalhos de Eberhart e Russel (1966) e Finlay e Wilkinson (1963). De acordo com Crossa (1990), a principal limitação de uso do coeficiente de regressão linear como metodologia para estimar a estabilidade fenotípica de cultivares está na dependência que existe entre a variável que mede o índice ambiental e a produtividade média da cultivar. Esse fato viola um princípio da análise de regressão que é a independência entre variáveis dependentes e independentes. Ainda segundo o mesmo autor, outra limitação desses métodos ocorre quando

são incluídos na análise locais com desempenhos contrastantes. Nesse caso, a adaptação de um determinado genótipo pode ocorrer devido ao seu desempenho nos ambientes extremos, mascarando os resultados.

Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), as metodologias tradicionais são incapazes de reconhecer o genótipo ideal, uma vez que se avalia um único coeficiente de regressão, o qual é estimado em uma única análise em que se consideram todos os ambientes testados. Nessas metodologias, o genótipo ideal corre o risco de ser descartado, pois, tendo uma dupla inclinação, seus desvios, que deveriam ser examinados nos diferentes ambientes, poderiam ser relativamente altos em relação à reta estimada.

Em relação à crítica quanto ao fato de os modelos de regressão linear simples serem baseados em um potencial padrão não linear, Verma, Chahal e Murty (1978) propuseram um método em que se buscou solucionar esse problema. Os ambientes são separados em dois grupos, favoráveis (índice ambiental positivo) e desfavoráveis (índice ambiental negativo) e, então, é ajustado um modelo de regressão linear simples separadamente para cada parte. A divisão é feita com base no índice ambiental, que representa o desvio de cada média ambiental em relação à média geral. São considerados como ambientes desfavoráveis aqueles com índice negativo ou zero e, como ambientes favoráveis, aqueles com índices positivos. Recomenda-se, adicionalmente, que o subgrupo de ambientes favoráveis deva incluir, também, o ambiente de menor índice negativo para a continuidade das duas linhas de regressão (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Silva e Barreto (1985) modificaram o método proposto por Verma, Chahal e Murty (1978) e propuseram um modelo de regressão linear bissegmentada em que os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade seriam estimados por meio do ajuste de uma única equação, sendo os dois segmentos de reta conectados no ponto correspondente ao índice ambiental nulo.

Cruz, Torres e Vencovsky (1989) apresentaram uma extensão da metodologia proposta por Silva e Barreto (1985), tornando-a operacionalmente mais simples e com propriedades estatísticas mais adequadas aos propósitos do melhoramento. Esse modelo é descontínuo na junção dos dois segmentos de reta de ambientes desfavoráveis e favoráveis.

Toler e Burrows (1998) propuseram um método baseado em regressão não-linear que permite estimar conjuntamente os parâmetros de adaptação e estabilidade. Também discutem que um dado genótipo, quando avaliado em vários ambientes, pode mostrar dois padrões de resposta, definidos como resposta côncava (ou um padrão côncavo) e resposta convexa (ou um padrão convexo), além dos padrões lineares unissegmentados.

Os genótipos que apresentam padrão convexo, ou seja, de desempenho consistente em ambientes desfavoráveis e que conseguem explorar de maneira satisfatória as condições ambientais favoráveis, são considerados como duplamente desejáveis. Por outro lado, genótipos definidos como duplamente desfavoráveis são aqueles que apresentam resposta côncava, isto é, apresentam produtividade abaixo da média geral e não respondem às condições ambientais favoráveis.

Segundo Duarte e Vencovsky (1999), os métodos baseados em regressão tendem a simplificar modelos de resposta, explicando a variação devido à interação numa única dimensão, quando, na verdade, ela pode ser bastante complexa. Além disso, esses procedimentos, em geral, não informam sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas), dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação.

Crossa (1990) propõe que a aplicação de métodos multivariados pode ser útil para melhor explorar as informações contidas nos dados. Este autor recomenda, principalmente, o método *additive main effects and multiplicative interaction* (AMMI) que vem sendo muito aplicado nos últimos anos.

A análise AMMI busca combinar, em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação G×A (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Gauch e Zobel (1996) informam que esta análise pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, como na realização do chamado zoneamento agrônomico, com fins de recomendação regionalizada e seleção de locais de teste. Zobel, Wright e Gauch Junior (1988) sustentam que o método AMMI permite uma análise mais detalhada da interação G×A, garante a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

No modelo, os componentes aditivos e multiplicativos podem ser ilustrados da seguinte forma:

$$Y_{ij} = \underbrace{\mu + g_i + a_j}_{\text{parte aditiva}} + \underbrace{\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}}_{(ga)_{ij}: \text{multiplicativa}} + \varepsilon_{ij}$$

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \overbrace{\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \sum_{k=n+1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}} + \varepsilon_{ij}$$

com  $n < p$  e  $\sum_{k=n+1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} = \rho_{ij}$ .

Sob as restrições de identificabilidade:  $\sum_i g_i = \sum_j a_j = \sum_i (ga)_{ij} = \sum_j (ga)_{ij} = 0$ , além da média geral ( $\mu$ ) e do erro experimental médio ( $\varepsilon_{ij}$ ), os demais termos do modelo resultam da chamada decomposição por valores singulares (DVS) da matriz de interações:

$GA_{(g \times a)} = [(g\hat{a})_{ij}]$ . A matriz de interações é obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais, por ANOVA, aplicada à matriz de médias  $Y_{(g \times a)} = [Y_{ij}]$ . Assim,  $\lambda_k$  é o k-ésimo valor singular de GA (escalar) e  $\gamma_{k(g \times 1)}$  e  $\alpha'_{k(1 \times a)}$  são os respectivos vetores singulares (vetor coluna e vetor linha) associados a  $\lambda_k$ . Logo,  $\gamma_{ik}$  e  $\alpha_{jk}$  são os elementos relacionados ao genótipo i e ao ambiente j dos vetores  $\gamma_k$  e  $\alpha'_k$ , respectivamente. O índice k (k=1,2, ..., p; em que p= min {g-1,a-1} é o posto da matriz GA), tomado até n no somatório (n < p), determina uma aproximação de mínimos quadrados para a matriz GA pelos n primeiros termos da DVS, deixando-se um resíduo adicional denotado por  $\rho_{ij}$ . Para n = p não se tem mais a aproximação e sim uma decomposição exata da matriz, implicando em  $\rho_{ij}$  nulo.

Alguns autores têm sugerido que, na maioria das vezes, a sensibilidade do genótipo aos efeitos de ambientes está relacionada com sua estrutura genética e que, geralmente, populações com maior base genética interagem menos com o ambiente e, portanto, são mais estáveis (ALLARD; BRADSHAW, 1964; TORRES, 1988). As cultivares de milho diferem basicamente em dois aspectos: no grau de heterosigiosidade e na heterogeneidade genética. Por exemplo, uma variedade de polinização aberta, por ser constituída de uma mistura de genótipos, apresentando maior heterogeneidade que uma linhagem ou híbrido simples. Já os híbridos duplos são mais heterogêneos que os híbridos simples. Assim, a heterosigiosidade pode ser máxima em híbridos simples (BECKER; LEON, 1988).

Segundo Allard e Bradshaw (1964), a plasticidade fenotípica é a forma com que a expressão fenotípica de um dado caráter (determinado por um genótipo) é alterada por diferentes ambientes. Dessa forma, um genótipo ou caráter possui plasticidade fenotípica se este se flexibiliza ou varia sua resposta fenotípica para se ajustar às variações ambientais. Este autor relatou também que o grau de expressão da plasticidade fenotípica está sob controle genético, uma

vez que espécies e populações mostraram níveis diferenciados de plasticidade para uma mesma característica em resposta às mesmas variáveis ambientais.

Assim, é esperado que a estrutura genética das populações influencie a magnitude da interação genótipos x ambientes. Vários autores têm demonstrado que os genótipos heterozigóticos são menos sensíveis às influências ambientais em relação aos homozigóticos (BECKER; LEON, 1988; MACHADO et al., 2008). Assim, pode ser obtido melhor ajustamento (tamponamento) por meio da homeostase genética individual ou populacional (BRUZI, 2006). Um genótipo ou caráter é homeostático se este tem resposta estável, ou seja, expressão fenotípica pouco variável de um ambiente para outro, o que corresponde a uma resposta relativamente constante em ambientes diferentes, o que, para os melhoristas, corresponde à estabilidade biológica.

Uma opção para avaliar a influência da heterogeneidade genética na estabilidade é realizar a comparação de diferentes tipos de híbridos. Nesse intuito, alguns trabalhos vêm sendo realizados com a cultura do milho no Brasil (MACHADO et al., 2008; MUNIZ, 1995; NASPOLINI FILHO, 1976), porém, eles têm sido desenvolvidos utilizando cultivares oriundas de diferentes conjuntos gênicos. Dessa forma, torna-se necessária a realização de trabalhos que avaliem híbridos oriundos de um mesmo conjunto gênico.

### **3 CONCLUSÕES**

Em média, não houve diferença entre a produtividade dos híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos.

Em média, os híbridos duplos foram os que menos contribuíram para a interação genótipos x ambientes, seguidos pelos híbridos triplos e híbridos simples.

Foi possível selecionar tanto híbridos simples como híbridos triplos e híbridos duplos estáveis e produtivos.



## REFERÊNCIAS

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

BAKER, R. J. Tests for crossover genotype-environmental interactions. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 45, n. 2, p. 405-410, Apr. 1988.

BECKER, H. C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, n. 3, p. 835-840, Dec. 1981.

BECKER, H. C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, p. 1-23, Apr. 1988.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Stemma, 2002. 369 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. C. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2005. 525 p.

BRUZI, A. T. **Homeostase de populações de feijoeiro com diferentes estruturas genéticas**. 2006. 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 675-712.

COCKERHAM, C. C. Implications of genetics variances in a hybrid breeding program. **Crop Science**, Madison, v. 1, n. 1, p. 47-52, Feb. 1961.

COELHO, M. A.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Rendimento de milho no Brasil: chegamos ao máximo?** Piracicaba: POTAFOS, 2003. (Encarte técnico, n. 101).

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocations trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 44, p. 55-85, Dec. 1990.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of errors variances. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 2, p. 406-415, Mar. 1997.

CROSSA, J.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 3, p. 493-500, May 1990.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

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

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Milho: cultivares para 2009/2010**. Sete Lagoas: EMBRAPA CNPMS, 2010. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em: 14 jun. 2010.

DAVIS, R. L. **Report of the plant breeder**. Mayaguez: Porto Rico Agricultural Experiment Station University, 1927. 15 p.

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

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

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. 487 p.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding program. **Australian Journal of Agriculture Research**, East Melbourne, v. 14, n. 6, p. 742-754, Dec. 1963.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH JÚNIOR, H. G. (Ed.). **Genotype-by-environment proved and under what conditions this can be most environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. p. 1-40.

HALLAUER, A. R. History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: lessons from maize. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 1, p. 4-19. Jan. 2007. Supplement.

HALLAUER, A. R. Methods used in developing maize inbred lines. **Maydica**, Bergamo, v. 35, n. 1, p. 1-16, Jan./Fev. 1990.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd. ed. Ames: Iowa State University, 1988. 468 p.

HALLAUER, A. R.; RUSSEL, W. A.; LAMKEY, K. R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY, J. W. (Ed.). **Corn and corn improvement**. 3rd. ed. Madison: Iowa State University, 1988. p. 453-464.

HULL, H. F. Recurrent selection and specific combining ability in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 37, n. 2, p. 134-145, Feb. 1945.

JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 24, n. 7, p. 523-530, July 1932.

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

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.

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

MACHADO, J. C. et al. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos oriundo de um mesmo conjunto gênico. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 627-631, set. 2008.

MARIOTTI, J. A. et al. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña-de-azúcar. I: interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronômica del Noroeste Argentino**, Tucuman, v. 13, n. 1/4, p. 105-127, enero 1976.

MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 649-672.

MORAIS, O. P. **Adaptabilidade, estabilidade de comportamento e correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente em variedades e linhagens de arroz (*Oryza sativa* L.)**. 1980. 70 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1980.

MUNIZ, J. A. **Avaliação da estabilidade de cultivares de milho em diferentes níveis de adubação e locais da região da Lavras- MG**. 1995. 60 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1995.

NASPOLINI FILHO, V. **Variabilidade fenotípica e estabilidade em híbridos simples, híbridos duplos, variedades e compostos de milho**. 1976. 68 p. Dissertação (Mestrado em Genética em Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1976.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre a heterose**. Campinas: Fundação Cargil, 1974. 35 p. (Boletim Técnico, n. 1).

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p. 429-485.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.

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

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, Arlington, v. 15, n. 3, p. 469-485, Sept. 1959.

ROSINHA, R. O. **Estratégias competitivas e reestruturação da indústria de sementes no Brasil: a análise do segmento do milho.** 2000. 143 p. Dissertação (Mestrado em Administração) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2000.

RUSCHEL, R.; PENTEADO, A. de F. Análise de componentes da variância de duas classes de cultivares de milho e estimativa do progresso genético médio em ensaios de produção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 5, n. 3, p. 381-388, nov. 1970.

SALEH, G. B.; ABDULLAH, D.; ANUAR, A. R. Performance, heterosis and heritability in selected tropical maize single, double and three-way cross. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 138, n. 1, p. 21-28, Feb. 2002.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA, 1., 1985, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: ESALQ, 1985. p. 49-50.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento:** plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

TERASAWA JÚNIOR, F.; VENCOVSKY, R.; KOEHLER, H. Environment and genotype genotype-environment interaction in maize breeding in Paraná, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 8, n. 1, p. 17-22, mar. 2008.

TOLER, J. E.; BURROWS, P. M. Genotype performance over environmental arrays: a non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, Abingdon, v. 25, n. 1, p. 131-143, Feb. 1998.

TORRES, R. A. de A. **Estudo da estabilidade fenotípica de cultivares de milho (*Zea mays* L.)**. 1988. 133 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1988.

TROYER, A. F. Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 2, p. 528-543, Mar. 2006.

TROYER, A. F.; ROCHEFORD, T. R. Germplasm ownership: related corn inbreds. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 1, p. 3-11, Jan. 2002.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (Ed). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p. 57-89.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 53, n. 2, p. 89-91, Sept. 1978.

VIEGAS, G. P.; MIRANDA FILHO, J. B. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. v. 1, cap. 7, p. 275-340.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: W. de Gruyter, 1986. 406 p.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of group of experiments. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 28, n. 4, p. 556-580, Oct. 1938.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH JUNIOR, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, n. 3, p. 388-393, May 1988.

**SEGUNDA PARTE - ARTIGO**

ARTIGO: INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM DIFERENTES TIPOS DE HÍBRIDOS DE MILHO (Normas da Revista Científica Pesquisa Agropecuária Brasileira)



## **Interação genótipos x ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho**

Emiliano Fernandes Nassau Costa<sup>(1)</sup>, João Cândido de Souza<sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup> Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Campus Universitário, Caixa Postal 37, CEP 37200-000, Lavras, MG. e-mail: [emilianonassau@hotmail.com](mailto:emilianonassau@hotmail.com), [cansouza@dbi.ufla.br](mailto:cansouza@dbi.ufla.br).

Resumo – Este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar o desempenho, a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos originados de um mesmo conjunto de linhagens. Foram avaliados 64 tratamentos, sendo 10 híbridos simples, 30 híbridos triplos e 15 híbridos duplos e 9 híbridos comerciais, utilizados como testemunhas. O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo 8x8. Os experimentos foram avaliados em doze ambientes. O caráter avaliado foi a produtividade de espigas despalhadas ( $\text{kg/ha}^{-1}$ ) corrigida para 13% de umidade. Realizaram-se as análises individuais e conjunta de variância e, depois de verificada a presença da interação genótipos x ambientes, procedeu-se à análise de estabilidade por meio da estimativa da ecovalência e do método AMMI. Foi possível selecionar

híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos superiores dentro de cada classe. O híbrido simples com melhor desempenho foi 11,4% superior ao melhor híbrido triplo e 9,4% superior ao melhor híbrido duplo. Em média, não houve diferença entre a produtividade dos híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos, assim como os híbridos duplos foram os que menos contribuíram para a interação genótipos x ambientes, seguidos pelos híbridos triplos e híbridos simples. Foi possível selecionar tanto híbridos simples quanto híbridos triplos e híbridos duplos estáveis e produtivos.

Termos para indexação: *Zea mays*, adaptabilidade, estabilidade, AMMI, ecovalência

### **Genotype x environment interaction in different types of maize hybrids**

Abstract – The objective of this work was to compare the performance, the adaptability and stability of single-crosses, three-way-crosses and double-crosses hybrids originated from the same set of inbred lines. Sixty-four treatments were evaluated, which ten were single-crosses,

thirty were three-way-crosses, and fifteen were double-crosses. Nine commercial hybrids were used as checks. They were evaluated in an 8x8 triple lattice design in twelve environments. The trait under study was yield of husked ears ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) corrected to 13% moisture content. Individuals and joint analysis of variance were performed, and after verifying the presence of genotype x environment interaction the analysis of stability was proceeded by estimating the ecovalence and by the AMMI method. It was selected superior single cross hybrids, three-way crosses and double-cross hybrids within each class. The single-cross hybrid with the best performance was 11.4% superior to the best three-way cross and 9.4% superior to the best double-cross. On average, there was no difference between the yield of single-crosses, three-way crosses and double-crosses, and the double-crosses were the ones that contributed the least to the genotype x environment interaction, followed by three-way crosses and single-crosses. It was selected high yielding and stables single-crosses, three-way crosses and double-crosses.

Index terms: *Zea mays*, adaptability, stability, AMMI, ecovalence

## **Introdução**

A contribuição do melhoramento de plantas para a sociedade foi e continua sendo expressiva. Especialmente no caso do milho, a descoberta da heterose e a utilização de híbridos foram as principais causas do aumento em produtividade proporcionando um incremento da ordem de 60 kg/ha/ano (Vencovsky & Ramalho, 2000).

A exploração do vigor híbrido, inicialmente, só foi possível com o emprego dos híbridos duplos. Atualmente, no Brasil, tem se observado que os híbridos duplos vêm sendo gradativamente substituídos pelos híbridos triplos e simples (Rosinha, 2000). O aumento da comercialização de híbridos simples em detrimento dos duplos e triplos coloca o pequeno e médio produtor brasileiro em situação não muito favorável, uma vez que o preço desses híbridos chega a ultrapassar 15% do custo total de produção da lavoura de milho.

Apesar das mudanças que vêm ocorrendo na comercialização dos diferentes tipos de híbridos, a diferença de rendimento de grãos entre eles não é muito acentuada (Saleh et al., 2002). Sendo assim, a adoção de forma generalizada de um determinado tipo de híbrido deve ser tomada com cautela. Nem sempre os melhores híbridos são os mais estáveis, pois

diferem quanto ao grau de heterosigossidade e heterogeneidade, refletindo diretamente na contribuição da interação genótipos por ambientes (Becker & Leon, 1988).

Híbridos obtidos de diferentes linhagens foram comparados, concluindo-se que os híbridos simples são os que mais contribuem para a interação genótipos por ambientes, seguidos dos híbridos triplos e duplos (Torres, 1988; Ribeiro et al., 2000). Os trabalhos existentes comparam híbridos provenientes de diferentes linhagens, o que torna os resultados pouco informativos quando se deseja comparar com híbridos obtidos de outros conjuntos gênicos. Dessa forma, uma opção para avaliar a produção e a heterogeneidade genética na estabilidade é realizar a comparação de diferentes tipos de híbridos obtidos de um mesmo conjunto de linhagens.

Existem diversas metodologias destinadas à avaliação da interação genótipos x ambientes em que a escolha do método dependerá de fatores como os dados experimentais, especialmente do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada. Um dos métodos que são utilizados é o da ecovalência, que estima a contribuição de cada genótipo para a interação genótipos x ambientes.

Nos últimos anos, as técnicas multivariadas têm ganhado espaço neste tipo de estudo, em virtude da popularização dos computadores e de modernos pacotes estatísticos, que permitem que os complexos cálculos envolvendo álgebra de matrizes e modelos lineares sejam realizados em segundos. O método AMMI (additive main effects and multiplicative interaction analysis) é uma dessas técnicas multivariadas e considera modelos aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e multiplicativos para os efeitos da interação  $G \times A$  (Crossa; Gauch & Zobel, 1990).

Dessa forma, este trabalho foi realizado o objetivo de comparar o desempenho, a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos simples, triplos e duplos originados de um mesmo conjunto de linhagens de milho.

### **Material e Métodos**

Foram utilizadas cinco linhagens endogâmicas de milho provenientes do programa de melhoramento de milho do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (DBI/UFLA), as quais apresentam níveis de endogamia de, pelo menos, seis gerações de

autofecundações. As cinco linhagens foram selecionadas de forma aleatória.

No ano agrícola de 2005/2006, foram gerados todos os híbridos simples possíveis. No ano agrícola de 2006/2007, utilizando os híbridos simples já sintetizados, foram obtidos todos os híbridos triplos e duplos. Ao mesmo tempo, foram obtidos novamente os híbridos simples, bem como as sementes das linhagens. Essa etapa foi importante para que todas as sementes utilizadas nos ensaios de avaliação fossem da mesma idade. Dessa forma, foram sintetizados 10 híbridos simples, 30 híbridos triplos e 15 híbridos duplos. Todas as etapas foram realizadas na área experimental do DBI/UFLA.

Foram avaliados 64 tratamentos, correspondendo a 10 híbridos simples, 30 híbridos triplos e 15 híbridos duplos oriundos das mesmas linhagens e 9 testemunhas, das quais 3 eram híbridos simples (AG8060, P30F90 e DKB199), 3 híbridos triplos (AG5011, P30F87 e DKB350) e 3 híbridos duplos (AG1051, BRS2114 e DKB747) comerciais.

Os 64 tratamentos foram avaliados nos municípios de Lavras, Ribeirão Vermelho e Ijaci, todos no estado de Minas Gerais, tendo, no ano agrícola de 2007/2008, sido instalados em três densidades diferentes.

Os experimentos foram instalados nas densidades populacionais de 40.000, 60.000 e 80.000 plantas por hectare. No ano agrícola de 2008/2009, os experimentos foram avaliados nos três ambientes na densidade populacional de 60.000 plantas por hectare. Considerando a combinação local x densidade como um ambiente, os experimentos foram avaliados em 12 ambientes, sendo 9 ambientes no ano agrícola 2007/2008 e 3 ambientes no ano agrícola 2008/2009.

O delineamento experimental utilizado foi o látice triplo 8 x 8. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 3 m de comprimento, espaçadas 0,50 m entre linhas. No plantio semeou-se o dobro de sementes e, após o desbaste, permaneceram duas plantas por metro na densidade de 40 mil plantas/ha, 3 plantas por metro na densidade de 60 mil plantas/ha e 4 plantas por metro na densidade de 80 mil plantas/ha. O desbaste foi realizado quando as plantas apresentavam de quatro a cinco folhas abertas.

A característica avaliada foi produtividade de espigas despalhadas em g/parcela. Os dados foram corrigidos para a umidade padrão de 13% e, posteriormente, transformados para a unidade  $\text{kg/ha}^{-1}$ .



As análises de variâncias individuais e conjunta foram realizadas com o auxílio do programa computacional SAS versão 8.2, módulo SAS/STAT procedimento GLM. As médias de cada parcela foram corrigidas por covariância com o estande final. Após as análises individuais, foi realizada a análise de variância conjunta envolvendo os 12 ambientes de avaliação, em que o modelo foi considerado fixo. Para realizar esta análise, foram utilizadas as médias ajustadas de cada ambiente. No entanto, como essas médias foram obtidas com recuperação da informação do resíduo intrabloco, em cada uma delas foi necessário calcular o erro efetivo, em que as médias dos quadrados médios dos erros foram utilizadas para compor o erro efetivo médio da análise conjunta, conforme Cochran & Cox (1957). Na análise conjunta foram desdobradas as somas de quadrados de híbridos em híbridos experimentais, híbridos comerciais e seu contraste, e a interação destes com ambientes. Além disso, as somas de quadrados de híbridos experimentais foram desdobradas para cada um dos tipos de híbridos e o contraste entre os mesmos. Novamente, foi realizada as interações destes com ambientes. Para discriminar as médias de produtividade dos

diferentes tipos de híbridos foi aplicado o teste de agrupamento de média proposto por Scott & Knott (1974) à 5% de probabilidade.

Uma vez constatada a presença de interação GxA (teste F significativo), procedeu-se à análise de estabilidade, que permite mensurar a adaptação e a estabilidade produtiva de cada híbrido sob avaliação. Tal avaliação foi realizada utilizando o método da ecovalência descrito por Wricke & Weber (1986), que estima a contribuição de cada híbrido para a interação GxA e pelo método AMMI (Crossa; Gauch & Zobel, 1990), que considera os efeitos de genótipos e ambientes como aditivos e a interação GxA como multiplicativa, por meio de uma análise de componentes principais (ACP). A contribuição de cada variedade para a interação GxA foi obtida pela estimativa da ecovalência, expressa por:

$$W_i^2 = \sum (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2,$$

em que  $W_i^2$  é a ecovalência associada ao híbrido  $i$ ;  $Y_{ij}$  é a média fenotípica observada do híbrido  $i$  no ambiente  $j$ ;  $\bar{Y}_i$  é a média do híbrido  $i$ ;  $\bar{Y}_j$  é a média do ambiente  $j$  e  $\bar{Y}_{..}$  é a média geral.

Utilizando as médias ajustadas provenientes das análises individuais foi realizada a análise AMMI, considerando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + r_{ij} + \varepsilon_{ij},$$

em que  $Y_{ij}$  é a produtividade média do híbrido  $i$  no ambiente  $j$ ;  $\mu$  é a produtividade média geral;  $g_i$  é o efeito do híbrido  $i$ ;  $a_j$  é o efeito do ambiente  $j$ ;  $\lambda_k$  é o  $k$ -ésimo autovalor do eixo da (ACP);  $\gamma_{ik}$  é o autovetor do  $i$ -ésimo híbrido no eixo  $k$  da (ACP);  $\alpha_{jk}$  é o autovetor do  $j$ -ésimo ambiente no eixo  $k$  da (ACP);  $r_{ij}$  é o desvio da interação não explicada pelos componentes principais retidos (porção ruído);  $n$  é o número de eixos principais retidos para descrever o padrão da interação GxA e  $\varepsilon_{ij}$  é o erro experimental médio associado à observação.

Ambas as análises foram realizadas por meio do software Estabilidade, desenvolvido por Ferreira & Zambalde (1997).

Para a escolha do modelo AMMI, foi adotado um método preditivo por meio da validação cruzada, sendo utilizado o procedimento “leave-one-out”, proposto por Gabriel (2002). Foi aplicada a estatística PRESS para avaliar as discrepâncias entre os valores observados ( $y_{ij}$ ) e os valores preditos ( $\hat{y}_{ij}^m$ ), sendo:

$$PRESS_{-}(m) = \frac{1}{ge} \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^e (\hat{y}_{ij}^m - y_{ij})^2$$

Também foi realizada a correlação entre os valores observados e os valores preditos (PRECORR), para avaliar a acurácia das predições, sendo:

$$PRECORR_{(m)} = Corr(y_{ij}, y_{ij}^m | \forall i, j)$$

Após a escolha do modelo AMMI a ser utilizado os resultados foram representados na forma gráfica de um biplot.

## **Resultados e Discussão**

Nas análises de variância individuais do caráter produtividade de espiga despalhada, a relação entre o maior e o menor valor da variância do erro experimental foi de 2,74, o que demonstrou que as variâncias do erro experimental podem ser consideradas homogêneas, não havendo impedimento para a realização da análise conjunta.

Na análise de variância conjunta, foram detectadas diferenças significativas ( $P < 0,01$ ), para as fontes de variação “ambientes”, “híbridos” e para a interação “híbridos x ambientes”. A significância observada para os ambientes ocorreu devido à existência de diversidade de condições edafo-climáticas entre os 12 ambientes, efeitos de população e ao arranjo espacial das plantas (Tabela 1).

A significância da fonte de variação “híbridos” era esperada, uma vez que os híbridos foram sintetizados a partir de cinco linhagens de origens distintas e que as testemunhas foram compostas por híbridos comerciais de diferentes empresas, ou seja, com diferentes *backgrounds* genéticos. Após realizar o desdobramento da fonte de variação “híbridos”, verificou-se que as fontes de variação “híbridos experimentais”, “híbridos simples”, “híbridos triplos” e “híbridos duplos” foram significativas. Isso indica que os híbridos possuem produtividades diferentes entre si, ou seja, em média, os híbridos têm produtividades diferenciadas dentro de cada classe. Pode-se confirmar este fato observando as médias dos diferentes tipos de híbridos.

Os híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos mais bem classificados obtiveram produtividades médias de 9.274 kg/ha<sup>-1</sup> (HS7), 8.217 kg/ha<sup>-1</sup> (HT6) e 8.400 kg/ha<sup>-1</sup> (HD3) respectivamente, enquanto os híbridos com pior classificação obtiveram produtividades de 6.857 kg/ha<sup>-1</sup> (HS5), 6.400 kg/ha<sup>-1</sup> (HT30) e 7.184 kg/ha<sup>-1</sup> (HD12), respectivamente (Tabela 2). Isto representa uma variação de produtividade de 26%, 22,1% e 14,48% entre os híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos com maior e menor produtividade.

Tem-se constatado a substituição dos híbridos duplos pelos triplos e simples, e, hoje, os híbridos simples e triplos representam 78,74% das opções de sementes disponíveis aos produtores (Cruz & Pereira Filho, 2010). Dessa forma, é importante levar em consideração, no momento da recomendação da cultivar, se o maior potencial produtivo dos híbridos simples compensaria o maior custo das sementes. No presente trabalho verificou-se que o híbrido simples mais produtivo apresentou superioridade de 11,4% em relação ao híbrido triplo mais produtivo e de 9,4% em relação ao híbrido duplo mais produtivo, resultado este superior ao reportado por Machado et al. (2008) que observaram que o melhor híbrido simples foi 3,3% superior ao melhor híbrido duplo (Tabela 2).

Wricke & Weber (1986) consideraram em um trabalho teórico que, na ausência de epistasia e considerando uma população grande, a produtividade do melhor híbrido triplo e do melhor híbrido duplo pode ser predita por meio dos híbridos simples. Estes autores consideram que, se os valores genotípicos de híbridos simples seguem uma distribuição normal, a média dos diferentes tipos de híbridos pode ser predita. No exemplo apresentado pelos autores, o melhor híbrido simples é 1,5% mais produtivo que o melhor híbrido triplo e 3% mais produtivo que o melhor

híbrido duplo. Estes valores contrastam com os obtidos no presente trabalho.

A ausência de significância da fonte de variação “entre híbridos” indicou que, em média, tanto híbridos simples quanto híbridos triplos e híbridos duplos obtiveram produtividades semelhantes, como se pode verificar observando a média destes. Os híbridos simples apresentaram produtividade média de 7.645 kg/ha<sup>-1</sup>; os híbridos triplos, 7.621 kg/ha<sup>-1</sup> e os híbridos duplos, 7.671 kg/ha<sup>-1</sup>.

Após ser verificada a significância da interação “híbridos x ambientes”, condição esta *sine qua non* para a comparação da estabilidade entre os híbridos simples, híbridos duplos e híbridos triplos, realizou-se o desdobramento dessa interação e verificou-se que apenas a interação “híbridos duplos x ambientes” foi não significativa. Estes resultados indicam que os híbridos simples e híbridos triplos apresentaram um comportamento não coincidente nos 12 ambientes e que os híbridos duplos apresentaram um comportamento coincidente nos diferentes ambientes, ou seja, em média, os híbridos duplos apresentaram maior estabilidade que os híbridos simples e híbridos triplos. Este resultado é semelhante ao obtido por Machado et al. (2008), que

verificaram maior estabilidade dos híbridos duplos em relação aos híbridos simples.

Para o estudo da estabilidade dos híbridos, foi utilizada a metodologia descrita por Wricke & Weber (1986) e o método AMMI. Verificou-se, pelas estimativas de ecovalência ( $W_i$ ) obtidas dos 55 híbridos experimentais (Tabela 2), que os híbridos simples contribuíram, em média, com 2,07% para a interação genótipos x ambientes, os híbridos triplos com 1,84%, e os híbridos duplos com 1,52%. Essa diferença pode aparentar ser pequena, porém, corresponde a estimativas de  $W_i$  26,15% inferiores para os híbridos duplos e 10,77% inferiores para os híbridos triplos em relação às obtidas pelos híbridos simples. A diferença entre híbridos triplos e híbridos duplos foi da ordem de 17,23%. Quando observadas as menores contribuições individuais de cada tipo de híbrido para a interação genótipos x ambientes, notou-se que os híbridos simples que menos contribuíram foi o HS1, o híbrido triplo HT14 e o híbrido duplo HD11, todos com contribuição de 0,87%. Dessa forma, em média, os híbridos que mais contribuíram para a interação genótipos x ambientes foram os híbridos simples, seguidos dos híbridos triplos e híbridos duplos.



Por meio da análise AMMI, espera-se capturar grande parte do padrão estrutural da  $SQ_{G \times A}$  nos primeiros componentes. Em concordância com o modelo AMMI, a interação  $G \times A$  original pode ser decomposta em onze componentes (posto da matriz  $G \times A$ ), dos quais os três primeiros foram significativos ( $p < 0,01$ ). Segundo regra de Gollob, isto levaria à escolha do modelo AMMI3, em alusão ao fato de que seriam necessários três eixos principais para explicar a interação de forma significativa. Neste caso, seria possível a construção de três gráficos envolvendo os três componentes principais, combinados dois a dois.

Dias & Krzanowski (2003) compararam algumas metodologias de seleção do modelo AMMI e argumentam que testes baseados em distribuições  $F$ , geralmente, têm suposições questionáveis e que modelos de validação cruzada, como o “leave-one-out”, fazem o uso mais eficientes dos dados, provindo modelos mais parcimoniosos, devendo ser recomendados em geral.

O procedimento padrão para a validação cruzada é subdividir a matriz de interação em vários grupos, apagar um grupo por vez, avaliar os parâmetros de predição por meio dos dados restantes e predizer os dados apagados. Gabriel (2002) sugere que o número ótimo de componentes

principais é aquele em que as discrepâncias entre os valores observados ( $y_{ij}$ ) e entre os valores preditos ( $\hat{y}_{ij}^m$ ) sejam os menores e que possua a maior correlação entre os valores observados e preditos. Dessa forma, o modelo selecionado foi o AMMI1 (Tabela 3). Este modelo possui 147 graus de liberdade (11 para ambientes, mais 63 para híbridos, mais 73 para o CP1) e é uma vez e meia mais parcimonioso que o AMMI2, no sentido que o AMMI2 contém uma vez e meia mais graus de liberdade que o AMMI1. O primeiro componente da interação explorou 23,2% da interação tratamentos x locais em apenas 10,53% dos graus de liberdade da interação. Segundo Dias & Krzanowski (2003), os maiores componentes da interação são julgados, por avaliação preditiva, a serem apenas ruídos para a proposição de predição da produtividade e deveriam ser combinados ao resíduo.

A interpretação de um biplot AMMI1 quanto à interação G×A é feita observando-se a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes para o eixo da interação. Logo, os pontos situados na faixa horizontal em torno de zero em relação ao CP1 correspondem aos genótipos mais estáveis (Carbonell et al., 2004; Maia et al., 2006). Entre estes estão os híbridos HS2, HS5, HS9, HT3, HT4, HT5, HT9, HT25,

HT28, HT29, HD1, HD5, HD11 e HD13. Estes híbridos mostraram-se amplamente adaptados aos ambientes teste, entretanto, para fins de recomendação de cultivares, genótipos estáveis também devem apresentar altas produtividades, o que é feito por meio de suas médias (Figura 1).

Alvarez & Eyhérabide (1996) subdividem o biplot AMMI1 em quatro classificações para genótipos e ambientes, sendo: 1) com rendimentos médios elevados e de baixa interação  $G \times A$ ; 2) com baixo rendimento e estáveis; 3) com rendimentos elevados e maior interação  $G \times A$  e 4) com baixo rendimento e instáveis. Assim, destacam-se como estáveis e com produtividade média acima da média geral os híbridos HT28, HT25, HD13, HT3, HD5, HT29, HT4 e HT9, em ordem decrescente de produtividade.

O híbrido HS7 foi o que obteve maior produtividade (9274,49 kg/ha<sup>-1</sup>), porém, apresentou estabilidade intermediária, apresentando interação específica e positiva com os ambientes A6 e A8.

Deve-se ainda ressaltar que o híbrido simples mais produtivo (HS7) foi superior à média dos híbridos simples utilizados como testemunhas e os híbridos duplos HD3, HD2 e HD13 apresentaram desempenho superior à média dos híbridos duplos utilizados como

testemunha. Dentro desses híbridos duplos, o HD13 ainda se mostrou estável nos ambientes de avaliação. Dessa forma, estes híbridos se mostraram altamente promissores.

A escolha do tipo de híbrido a ser utilizado depende de uma série de fatores, como as condições sócio-econômicas de cada produtor e região. Souza Jr (2001) argumenta que, para um caráter complexo, como a produtividade de grãos, a variância fenotípica é muito afetada pelas variações ambientais e pelas interações  $G \times A$  e que, dessa forma, a variância fenotípica dos diferentes tipos de híbridos apresentarão valores muito próximos. Dessa forma, as respostas à seleção para os diferentes tipos de híbridos serão função das suas variâncias genéticas, sendo que, de uma mesma fonte, os híbridos simples serão superiores aos híbridos triplos, e estes, por sua vez, superiores aos híbridos duplos.

No presente trabalho, comparando-se híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos de milho, verificou-se que podem ser selecionados híbridos estáveis e produtivos, independente da estrutura genética. Foi possível selecionar um híbrido simples com estabilidade média e produtividade superior (HS7); já entre os híbridos triplos e híbridos duplos não houve diferença de produtividade entre os dois mais

produtivos, conforme teste de Scott & Knott (1974), a 5% de probabilidade. Desse modo, para os agricultores que utilizam altos níveis de tecnologia, objetivando máxima produtividade e uniformidade, a utilização de híbridos simples é justificável. Contudo, a utilização dos híbridos duplos pode ser vantajosa para condições de baixo investimento (Ribeiro et al., 2000).

### **Conclusões**

- 1) Em média, não houve diferença entre a produtividade dos híbridos simples, híbridos triplos e híbridos duplos.
- 2) Em média, os híbridos duplos foram os que menos contribuíram para a interação genótipos x ambientes, seguidos pelos híbridos triplos e híbridos simples.
- 3) Foi possível selecionar tanto híbridos simples quanto híbridos triplos e híbridos duplos estáveis e produtivos.

### **Agradecimentos**

Ao Conselho Nacional de Pesquisa Tecnológica (CNPq), pela bolsa concedida.

## Referências

ALVAREZ, M.P.; EYHÉRABIDE, G.H. Estabilidad del rendimiento de cultivares de híbridos comerciales de maíz en la área de la EEA Pergamino. **Rev. Tecnologia Agropec.** v. 1, p. 17-21, 1996

BECKER, H. C.; LÉON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v. 101, p.1-23, Apr. 1988.

CARBONELL, S.A.M.; AZEVEDO FILHO, J.A.; DIAS, L.A.S.; GARCIA, A.A.F.; MORAIS, L.K. Common bean cultivars and lines interaction with environments. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 169-177, mar. 2004.

COCHRAN, W. G.; COX, S. M. **Experimental Designs**. New York: Wiley International, 1957. 611p.

CROSSA, J.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 3, p. 493-500, May 1990.

CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO, I.A. **Milho – Cultivares para 2009/2010**. EMBRAPA CNPMS. Disponível em: < <http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php> > Acesso em: 14 jun. 2010.

DIAS, C.T.S.; KRZANOWSKI, W.J. Model selection and cross validation in additive main effect and multiplicative interaction models. **Crop Science**, v. 43, p. 865-873, 2003.

FERREIRA, D.F.; ZAMBALDE, A.L. Simplificação das análises de algumas técnicas especiais da experimentação agropecuária no Mapgem e softwares correlatos. In: Congresso da Sociedade Brasileira de Informática Aplicada a Agropecuária e Agroindústria, 1997, Belo Horizonte/MG, **Anais**. Agrosoft'97, 1997. v. 1. p. 54-60.

GABRIEL, K.R. Le biplot: outil d'exploration de données multidimensionnelles. **Journal de la Societe Francaise de Statistique**. v. 143, .n 3, p. 5-55, 2002.

MAIA, M.C.M.; VELLO, N.A.; ROCHA, M.M.; PINHEIRO, J.B.; SILVA JÚNIOR, N.F. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agronômicos através de método uni e multivariado. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 2, p. 215-226, jun. 2006.

MACHADO, J.C.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; LIMA, J.L. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos oriundo de um mesmo conjunto gênico. **Bragantia**, Campinas, .v. 67, n. 3, p. 627-631, 2008.

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

ROSINHA, R. O. **Estratégias Competitivas e reestruturação da indústria de sementes no Brasil: a análise do segmento do milho**. Belo Horizonte: UFMG/FACE/CEPEAD, 2000. 143P. Dissertação (Mestrado em Administração) – Universidade Federal de Minas Gerais.

SOUZA JR., C.L. de. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de & VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 159-199.

SALEH, G. B.; ABDULLAH, D.; ANUAR, A. R. Performance, heterosis and heritability in selected tropical maize single, double and three-way cross. **Journal of Agricultural Science**. Cambridge University Press. 138, p. 21-28, 2002.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Releigh, n.30, p.507-512, 1974.



TORRES, R. A. de A. **Estudo da estabilidade fenotípica de cultivares de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba: ESALQ, 1988. 133p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

VENCOVSKY, R; RAMALHO, M.A.P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: Paterniani, E. (ed). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: Embrapa comunicação para transferência de tecnologia, p. 57-89. 2000.

WRICKE, G.; WEBER, W.E. Quantitative genetics and selection in plant breeding. New York: W. de Gruyter, 1986. 406p.

**Tabela 1** – Resumo da análise de variância conjunta para o caráter peso de espiga despalhada ( $\text{kg/ha}^{-1}$ ), de 64 híbridos em 12 ambientes.

FV	GL	QM
Ambientes (A)	11	295153800,87 **
Híbridos (H)	63	15007721,60 **
Híbridos experimentais (HE)	54	8287024,10 **
HS	9	17864148,64 **
HD	14	5885104,77 **
HT	29	7015535,25 **
Entre HE	2	439987,39 ns
Híbridos comerciais (HC)	8	25992544,64 **
HE vs HC	1	290046802,18 **
HxA	693	3109655,10 **
Híbridos experimentais x A	594	2586652,72 **
HSxA	99	2965683,43 **
HDxA	154	2039157,75 ns
HTxA	319	2636506,79 **
Entre HExA	22	3990595,27 **
HCxA	88	4716656,89 **
(HExHC)xA	11	18495769,56 **
Erro médio	1190	1992864,97
CV%	18,13	
média	7785,64	
Média HS	7645,51	
Média HT	7621,08	
Média HD	7671,05	
Média híbridos comerciais	8680,83	
Média HS comerciais	9060,82	
Média HT comerciais	8894,54	
Média HD comerciais	8087,13	

ns, \*\* não significativo e significativo, a 1% de probabilidade, respectivamente.

**Tabela 2** – Média de produtividade, escore do CP 1 e estimativa de ecovalência (Wi%) dos 64 híbridos nos 12 ambientes.

Híbrido	Produção <sup>1</sup>	CP 1	Wi%	Híbrido	Produção	CP 1	Wi%
AG8060	9734 a	-26.91	-	HT9	7940 c	4.61	2.52
P30F87	9687 a	-25.60	-	HT13	7935 c	-9.05	1.44
HS7	9274 b	-9.67	1.90	HT26	7911 c	5.72	1.52
DKB747	9081 b	-10.46	-	HS3	7909 c	-5.97	1.64
DKB199	8980 b	-29.31	-	HS1	7867 c	6.56	0.87
DKB350	8761 b	-8.40	-	HT1	7817 d	-13.26	1.64
P30F90	8468 c	-26.86	-	HT19	7816 d	10.24	1.21
HD3	8400 c	19.70	2.34	HD6	7772 d	12.65	2.10
HD2	8318 c	-8.27	0.89	HS4	7731 d	-8.29	1.84
AG1051	8303 c	-27.00	-	HT15	7717 d	-4.88	1.62
AG5011	8235 c	-29.93	-	HT27	7717 d	18.17	2.58
HT6	8217 c	-7.62	0.90	HT12	7687 d	12.79	1.15
HT28	8198 c	-2.27	0.88	HT7	7641 d	-28.28	3.41
HT25	8151 c	-3.27	3.27	HD4	7616 d	0.58	1.34
HD13	8148 c	0.33	1.54	HT5	7610 d	3.96	1.35
HT3	8097 c	4.71	1.72	HD10	7585 d	14.44	1.15
HT11	8056 c	-17.81	3.75	HT20	7566 d	7.65	1.53
HD5	8053 c	-2.66	1.44	HT18	7566 d	13.60	1.03
HS6	8052 c	40.58	6.23	HS2	7555 d	-0.67	1.08
HT29	8022 c	3.79	3.07	HT22	7538 d	-5.93	3.60
HT2	7984 c	-14.77	1.48	HD1	7512 d	-1.21	1.87
HT4	7961 c	-0.68	1.39	HD14	7434 d	13.95	1.57
HD7	7946 c	8.77	1.29	HT8	7427 d	-5.44	1.77

<sup>1</sup>Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Tabela 2 continua na próxima página

**Tabela 2** – Continuação

Híbrido	Produção <sup>1</sup>	CP 1	Wi%	Híbrido	Produção	CP 1	Wi%
HD15	7379 d	19.05	2.42	HT16	7058 e	13.52	1.06
HT17	7359 d	-14.20	2.28	HT23	7033 e	8.04	2.19
HS8	7303 e	6.04	2.11	HS9	6971 e	2.36	1.31
HD9	7262 e	10.01	0.94	HS10	6935 e	18.99	1.47
HT21	7246 e	27.12	2.55	HT24	6918 e	3.33	2.11
HD11	7236 e	4.90	0.87	BRS2114	6877 e	-3.14	-
HT10	7236 e	-6.12	1.24	HS5	6857 e	-1.86	2.25
HD8	7219 e	5.63	1.54	HT14	6812 e	6.47	0.87
HD12	7184 e	17.92	1.63	HT30	6400 e	13.59	1.21

<sup>1</sup>Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

**Tabela 3** – Resumo da análise AMMI, porção da soma de quadrado da interação genótipo x ambiente explicada (%SQ (GxA)); discrepância entre os valores observados e preditos (PRESS\_m) e correlação entre os valores observados e os preditos (PRECORR\_m).

FV	GL	SQ	%SQ (GxA)	PRESS_m	PRECORR_m
Interação (GxA)	693	2154950906	100	-	-
CP 1	73	500141441.9	23,21	0.9768	0.8122
CP 2	71	315143909.2	37,83	0.9916	0.8090
CP 3	69	240112672	50.64	0.9925	0.8083
Resíduo	1190	2371509313	-	-	-

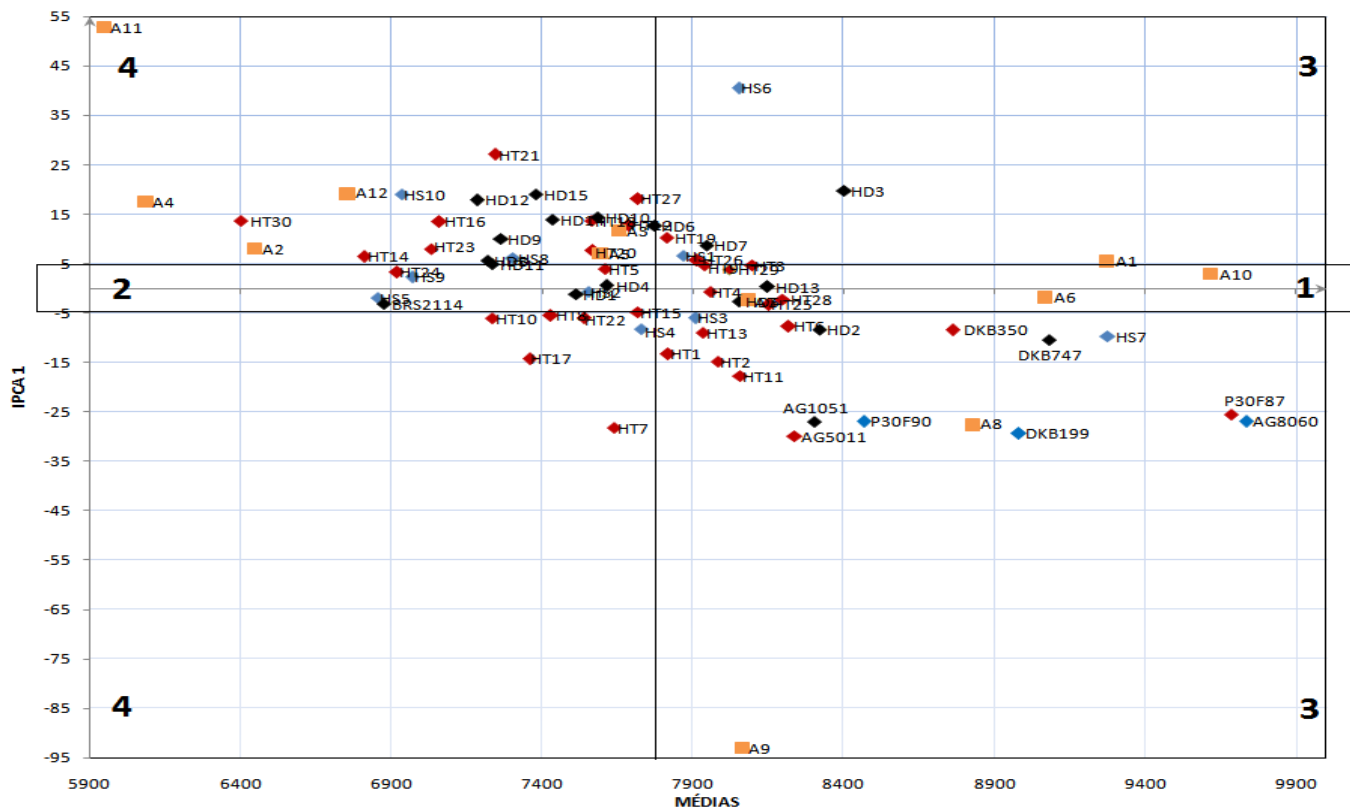


Figura 1 – Biplot da análise AMMI1 para produtividade de espigas despalhadas ( $\text{kg/ha}^{-1}$ ) em 64 híbridos, sendo híbridos simples (azul), híbridos triplos (vermelho) e híbridos duplos (preto) e 12 ambientes (laranja). Os números de 1 a 4 representam zonas de classificação de genótipos e ambientes.