



JOSIEL PEREIRA NASCIMENTO

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE
HÍBRIDOS DE MILHO TRANSGÊNICOS NA
SAFRINHA SUBTROPICAL**

LAVRAS - MG

2017

JOSIEL PEREIRA NASCIMENTO

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO
TRANSGÊNICOS NA SAFRINHA SUBTROPICAL**

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 obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. João Cândido de Souza

Orientador

LAVRAS - MG

2017

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

Nascimento, Josiel Pereira.

Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho
transgênicos na safrinha subtropical / Josiel Pereira Nascimento. –
2016.

69 p. : il.

Orientador: João Cândido de Souza.

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

Bibliografia.

1. Interação genótipos por ambientes. 2. Modelos mistos. 3.
GGE Biplot. 4. Segunda safra de milho. I. Universidade Federal de
Lavras. II. Título.

JOSIEL PEREIRA NASCIMENTO

**ESTUDOS DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS
MILHO TRANSGÊNICOS NA SAFRINHA SUBTROPICAL**

***ADAPTABILITY AND STABILITY OF TRANSGENIC CORN HYBRIDS IN
THE SUBTROPICAL INTERIM-HARVEST***

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 obtenção do título de Doutor.

APROVADO em 29 de novembro de 2016.

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes	UFLA
Prof. Dr. Wagner Pereira Reis	UFLA
Dr. Fernando Lisboa Guedes	EMBRAPA

Prof. Dr. João Cândido de Souza

Orientador

LAVRAS - MG

2017

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida e pela presença marcante em minha vida.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade concedida.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pelo apoio financeiro.

Ao melhorista Adilson Ricken Schuelter, por meio da COODETEC (Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola), pela oportunidade de trabalho, crescimento profissional e pela concessão dos dados utilizados para realização deste trabalho.

Ao Professor João Cândido de Souza pela confiança.

Aos professores do programa de pós-graduação, Magno, João Bosco, José Airton, Elaine, Flávia e Ângela, pelos ensinamentos e aconselhamento que muito me ajudaram.

Aos que fizeram o sonho se realizar, Kaio Olímpio Das Graças Dias, Matheus Mendes, Rafael P Diniz, Dr. Fernando Guedes, pela enorme ajuda em meu crescimento acadêmico e disponibilidade em todo tempo.

Aos pesquisadores da DuPont do Brasil S.A. – Divisão Pioneer Sementes, unidade de Toledo/PR, Darci, Almir, Eraldo, Paulo e Delmar pela amizade e ensinamentos fundamentais para o meu desenvolvimento.

Aos funcionários do DBI Dona Iron, Zélia, Rafa e Lilian pelas conversas e por sempre estarem a prontas a ajudar.

Aos amigos do programa de melhoramento de milho da UFLA.

Aos amigos do GEN pela amizade sincera, companhia em noites de estudos, finais de semana fazendo listas de exercícios, horas e horas lendo artigos... por se tornarem parte da minha família.

À minha querida mamãe, Lúcia de Fátima Nascimento (*in memoriam*), que Deus a tenha ao lado dEle, pela minha formação pessoal, exemplo e sabedoria.

Ao meu pai, Napoleão Pereira Nascimento que, com o suor do seu trabalho, junto com minha mãe, sempre me ajudou em tudo o que precisei.

À minha família, meus irmãos Josemar, Joel e Joarez, suas respectivas esposas, Keila, Sueli e Leti, meus sobrinhos, Karen, Karina, Patrick, Jonathan, Camilla e Eloiza, por possibilitarem a realização deste sonho.

RESUMO

O milho é cultivado em uma grande extensão territorial e, frequentemente, a manifestação do fenótipo é altamente influenciada pelo ambiente. Para obtenção de genótipos superiores, é necessária a instalação de Ensaios Múltiplos (MET). Por meio desses ensaios, é possível estudar a interação genótipos por ambiente (GA), visando selecionar genótipos, com ampla adaptabilidade e estabilidade de produção, de modo a atender à demanda dos produtores nas diferentes regiões. A abordagem de modelos mistos fornece estimativas mais acuradas e precisas, para auxiliar os melhoristas, na seleção dos melhores genótipos, especialmente, sob desbalanceamento e heterogeneidade de variâncias, situação comum em METs. Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a adaptabilidade e estabilidade da produção de grãos (kg ha^{-1}), em híbridos de milho transgênicos, para as condições de plantio safrinha subtropical, nos estados do Mato Grosso do Sul, Paraná e São Paulo. Foram conduzidos dois ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), utilizando híbridos com diferentes eventos transgênicos. O primeiro ensaio de VCU, PRO 2, contendo 20 híbridos simples pré-comerciais com tecnologia YieldGard VT PRO 2[®] e oito híbridos comerciais como testemunha. O segundo ensaio de VCU, HERCULEX (HX), contendo 24 híbridos pré-comerciais com tecnologia Herculex[®] e 11 híbridos comerciais como testemunha. No total, foram avaliados 47 ensaios, distribuídos em 24 cidades, no ano agrícola de 2013. Os híbridos dos dois VCUs foram avaliados sob o delineamento de blocos completos casualizados, com duas repetições. Foi detectada interação entre os híbridos e os diferentes ambientes pelo teste LRT ($\alpha=0.05$). Constatada a interação, procedeu-se à análise de adaptabilidade e estabilidade, utilizando o método GGE Biplot, para ampliar o entendimento da inter-relação entre os híbridos e ambientes. Foi verificado que alguns ambientes apresentam resultados semelhantes, sendo agrupados em mega-ambientes. O agrupamento variou quando comparado os VCUs. Os híbridos CD 384HX, 20A55HX e DKB 330PRO2 foram os híbridos com maior produção de grãos no VCU PRO 2. No VCU HX, os híbridos P 30F53H, DKB 390PRO e P 3161H se destacam com os melhores desempenhos. Estes híbridos combinam alta produção de grãos e alta estabilidade ao longo dos ambientes avaliados. Os ambientes A6 (Rio Brilhante/MS) e A19 (Santa Helena/PR) foram os que mais discriminaram os híbridos sendo fundamentais à condução de VCU para seleção de híbridos superiores.

Palavras-chave: Interação genótipos por ambientes. Modelos mistos. GGE Biplot. Milho segunda safra.

ABSTRACT

Corn is cultivated in a wide territorial extension and, generally, the manifestation of the phenotype is highly influenced by the environment. For obtaining superior genotypes it is necessary to install Multiple Trials (MET). By means of these trials, it is possible to study the genotype x environment interaction (GE), aiming at selecting genotypes with wide production adaptability and stability, in order to meet the demands of the producers in the many regions. The approach using mixed models provides more accurate and precise estimates for aiding the breeders in the selection of the best genotypes, especially under variance unbalance and heterogeneity, which is common in METs. This work was conducted with the objective of evaluating the adaptability and stability of grain production (kg ha^{-1}) in transgenic corn hybrids for the planting conditions of subtropical interim-harvest in the states of Mato Grosso do Sul (MS), Paraná (PR) and São Paulo (SP), Brazil. Two Value for Cultivation and Use (VCU) trials were conducted using hybrids with different transgenic events. The first VCU trial, PRO 2, consisted of 20 pre-commercial simple hybrids with YieldGard VT PRO2[®] technology and eight commercial hybrids as witness. The second VCU trial, HERCULEX (HX), consisted of 24 pre-commercial hybrids with Herculex[®] technology and 11 commercial hybrids as witness. In total, we evaluated 47 trials, distributed into 24 municipalities, in the agricultural year of 2013. The hybrids from both VCU were evaluated in a completely randomized blocks design, with two replicates. We detected interaction between the hybrids and the different environments by the LRT test ($\alpha = 0.05$). With the interaction verified, we proceeded to the analysis of adaptability and stability using the GGE Biplot method, to widen the understanding of the inter-relation between hybrids and environments. We verified that some of the environments presented similar results, being grouped into mega-environments. The grouping varied when comparing the VCUs. Hybrids CD 384HX, 20A55HX and DKB 330PRO2 presented the highest grain production in VCU PRO 2. In VCU HX, hybrids P 30F53H, DKB 390PRO and P 3161H were highlighted with the best performances. These hybrids combine high grain production and high stability in the environments evaluated. Environments A6 (Rio Brillhante/MS) and A19 (Santa Helena/PR) most discriminated the hybrids, being fundamental to conducting VCUs for the selection of superior hybrids.

Keywords: Genotype x Environment interaction. Mixed models. GGE Biplot. Second harvest corn.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Descrição dos híbridos utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso instalados na safrinha do ano agrícola 2013.	32
Tabela 2 - Descrição dos locais de plantio do VCU PRO2 (E1) e VCU HX (E2), designados de A1 a A24.....	33
Tabela 3 - Estimativa dos componentes da variância para produção de grãos (kg ha^{-1}) nos híbridos de milho avaliados nos ensaios VCU Pro2 e VCU HX.....	40
Tabela 4 - Produção de grãos média (kg ha^{-1}) dos híbridos em cada ambiente para os ensaios de VCU PRO2 e HX.....	42

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Distribuição espacial dos locais de plantio dos Ensaios VCU PRO2 e HX de avaliação de híbridos de milho pré-comerciais e comerciais nos estados do Paraná, Mato Grosso do Sul e São Paulo..... 35
- Figura 2 - GGE biplot para a produção de grãos média demonstrando a relação entre os híbridos de milho e os ambientes: VCU PRO2... 44
- Figura 3 - GGE biplot para a produção de grãos média demonstrando a relação entre os híbridos de milho e os ambientes: VCU HX. 45
- Figura 4 - GGE biplot “Discriminativos vs representativos”, utilizado para classificar ensaios com melhor capacidade de discriminar e representar os ambientes de avaliação para a produção de grãos no ensaio VCU PRO2. 46
- Figura 5 - GGE biplot “Discriminativos vs representativos”, utilizado para classificar ensaios com melhor capacidade de discriminar e representar os ambientes de avaliação para a produção de grãos no ensaio VCU HX. 47
- Figura 6 - GGE biplot “Quem venceu onde” para produção de grãos que mostra quais híbridos obtiveram melhor desempenho no ensaio VCU PRO2..... 49
- Figura 7 - GGE biplot “Quem venceu onde” para produção de grãos que mostra quais híbridos obtiveram melhor desempenho no ensaio VCU HX..... 50
- Figura 8 - GGE biplot “Média vs Estabilidade” para produção de grãos no ensaio VCU PRO2. 51
- Figura 9 - GGE biplot “Média vs Estabilidade” para produção de grãos no ensaio VCU HX. 52

- Figura 10 - GGE biplot que classifica os híbridos de acordo com um ideotipo para produção de grãos no ensaio VCU PRO2. 53
- Figura 11 - GGE biplot que classifica os híbridos de acordo com um ideotipo para produção de grãos no ensaio VCU HX. 54

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO	17
2.1	Milho safrinha e milho transgênico	17
2.2	Interação genótipos x ambientes	18
2.3	Estratificação Ambiental	22
2.4	Adaptabilidade e Estabilidade	24
2.5	Modelo linear misto	26
3	MATERIAL E MÉTODOS	31
3.1	Ensaio VCU PRO 2 e VCU HX	31
3.2	Experimentação agrônoma	35
3.3	Análise de dados	36
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
5	CONCLUSÕES	59
	REFERÊNCIAS	61
	ANEXO A – TABELAS	68

1 INTRODUÇÃO

O milho é um dos principais produtos agrícolas no mundo pela importância na alimentação humana e animal, além do uso na produção de combustível, entre outros. No Brasil, ele é cultivado em uma grande extensão territorial, desde os estados do Norte até os estados do Sul, visto que uma grande variação, nas condições ambientais, é observada. Essa variação é, ainda, mais acentuada, durante a safrinha - cultivo de sequeiro, com semeadura realizada nos meses de janeiro a abril, após a cultura do verão, geralmente, após soja precoce – que, no ano agrícola de 2014/2015, correspondeu a, aproximadamente, 64,5% da safra total, cuja produção foi de 84,3 milhões de toneladas.

Em virtude do sistema de produção peculiar na safrinha, tem sido observado dinamismo, nos programas de melhoramento genético de milho, visando à obtenção de novos genótipos superiores, que possuem dentre as características de interesse, adaptabilidade e estabilidade de produção, de modo a atender à demanda dos produtores nas diferentes regiões. As empresas produtoras de sementes, públicas ou privadas, conduzem os ensaios de avaliação de novos genótipos, em múltiplos ambientes, os chamados *multi environmental trials* (METs). A condução destes ensaios é necessária, pois o cultivo do milho, em variados ambientes, contribui para o desempenho diferenciado dos genótipos, ou seja, permite que a interação genótipos por ambientes (GA) se expresse de maneira diferente.

O estudo da interação GA é um dos campos de pesquisa que tem recebido grande atenção dos melhoristas e estatísticos, principalmente, nas condições brasileiras, em que ocorre maior heterogeneidade de condições ambientais, levando à maior ocorrência de interação. A interação GA não deve ser vista como um entrave para os programas de melhoramento. Deve, sim, ser estudada e aproveitada, para potencializar o desempenho dos genótipos, em determinadas condições ambientais. Dessa forma, o processo de recomendação

de cultivares ou híbridos se torna uma das etapas mais complexas de um programa de melhoramento, pois a recomendação de um determinado híbrido deve ser feita, para uma condição futura, que é difícil de ser prevista.

A tarefa do melhorista, nos programas de melhoramento de milho, é, então, identificar e selecionar as combinações híbridas mais adaptadas e estáveis e recomendá-las aos agricultores. Outra tarefa muito importante é identificar as regiões ou mega-ambientes que favorecem o desempenho de determinadas combinações híbridas. Dessa forma, a aplicação de metodologias, para o estudo da estratificação ambiental, é pertinente, pois visa realizar, de forma realista, a distinção destes mega-ambientes e a recomendação das melhores combinações híbridas para condições específicas.

Diversas metodologias têm sido propostas, para realização de estratificação ambiental e, também, para estudar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos. Propõem identificar genótipos mais estáveis e de comportamento previsível e, também, agrupar as estimativas da interação GA para formar grupos de ambientes similares. Algumas técnicas multivariadas têm se mostrado eficientes para realizar este tipo de estudo. Entre as diversas metodologias, pode-se destacar a proposta por Yan et al. (2000), que modificou a análise AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction analysis*), para dar origem ao método GGE (*Genotype main effect plus Genotype by Environment Interaction*) biplot, que permite a análise gráfica de dados de múltiplos ambientes. Na abordagem GGE biplot, utilizando modelos mistos, é possível obter valores genéticos maiores comparados a outras metodologias, por exemplo, que consideram modelos fixos.

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram avaliar o desempenho de híbridos de milho transgênicos, quanto à produção de grãos, na época de Safrinha Subtropical, verificando sua adaptabilidade e estabilidade,

assim como definir grupos de ensaios que componham o mesmo mega-ambiente de cultivo associando a abordagem de modelos mistos e a análise GGE biplot.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Milho safrinha e milho transgênico

O milho safrinha é caracterizado pelo cultivo em sequeiro, com semeadura realizada nos meses de janeiro a abril, após a cultura de verão, geralmente, após soja precoce. O termo safrinha teve origem nas baixas produtividades dos primeiros cultivos do cereal, no Estado do Paraná, na década de 1970, quando foram constatadas produtividades muito menores se comparadas às obtidas na safra de verão. Embora o termo safrinha seja pejorativo, não correspondendo ao excelente nível atual de produtividade de parte das lavouras e à sua importância no cenário nacional, está consagrado pelo uso e por caracterizar um sistema de produção peculiar (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2010).

Os estados, tradicionalmente, produtores de milho safrinha são PR, SP, GO, MT e MS. Por ser implantado ao final da época normal, o milho safrinha tem sua produtividade bastante afetada pelas limitações de água, radiação solar e temperatura em estádios avançados de desenvolvimento. Por se tratar de uma atividade de risco, por muitos anos, os produtores usavam um manejo de baixo custo, comprometendo a produtividade e a receita. No entanto, mais recentemente, passou-se a ter grandes áreas com manejo de alta tecnologia e cultivadas com milho, contendo tecnologias transgênicas com eventos (características de interesses agrônômicos introduzidas por meio de técnicas de transgenia) que conferem resistência a insetos e tolerância a herbicidas (CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA, 2012).

Os híbridos transgênicos com resistência a insetos foram desenvolvidos, para redução no uso de inseticidas ao controle de pragas, por meio da introdução de genes de *Bacillus thuringiensis*, modificando, geneticamente, as plantas de milho (ARMSTRONG et al., 1995). Já a tecnologia que confere tolerância à

herbicida traz como benefício a alta eficácia de controle de plantas daninhas pelo uso do herbicida glyphosate; a economia na compra de herbicidas (no ano de 1995, eram utilizados 11 herbicidas diferentes na cultura da soja, atualmente, na maioria das vezes, é utilizado apenas o glyphosate); além dos benefícios ambientais, como a quantidade reduzida de químicos aplicados no solo (GREEN et al., 2012).

Na cultura do milho, antes da utilização de híbridos que continham essas tecnologias, as perdas ocasionadas, em função da interferência imposta pelas pragas e plantas daninhas, eram da ordem de 13% e, em casos, nos quais não havia sido utilizado nenhum método de controle esta redução poderia chegar a 85% (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA, 2012). Quando se leva em consideração o fato da utilização generalizada de híbridos de milho transgênicos pelos produtores brasileiros, recomenda-se cautela, pois faltam informações concretas sobre a eficiência dessas tecnologias sob as condições edafoclimáticas no ambiente safrinha.

2.2 Interação genótipos x ambientes

O valor fenotípico de um indivíduo, para uma dada característica, é influenciado pelo genótipo (G), ou seja, pela constituição genética e pelo ambiente (A), que são as condições em que o indivíduo se desenvolve. As variações com relação à resposta dos genótipos aos estímulos ambientais podem ser divididas em dois tipos: previsível e imprevisível (BERNARDO, 2010). As condições gerais de clima e solo podem ser consideradas, na primeira classe, já as variáveis como quantidade e distribuição de chuvas e temperatura se enquadram na segunda classe.

Os programas de melhoramento de milho são conduzidos, em diversas regiões com condições climáticas muito variáveis, tanto para os fatores previsíveis quanto imprevisíveis. Sendo assim, as avaliações dos genótipos

devem ser realizadas, normalmente, em uma gama de ambientes, de forma que aquelas condições em que os genótipos foram avaliados representem situações futuras de cultivo (GAUCH; ZOBEL, 1988).

Nas etapas preliminares de um ciclo de melhoramento de plantas, como exemplo, as avaliações das progênies, nas primeiras gerações de endogamia (com avaliações, normalmente, em uma só localidade), o fenótipo (F), como produtividade de grãos, será o resultado da ação do genótipo (G) e do ambiente (A) e a equação para o valor fenotípico (F) é:

$$F = G + A$$

em que F é o valor fenotípico da progênie; G é o efeito do genótipo; e A é o efeito ambiental.

Quando os genótipos são avaliados em um número maior de ensaios, como exemplo, a avaliação dos híbridos em fases finais que precedem à recomendação como cultivar, um terceiro componente pode ser estimado, que consiste no componente da interação GA (RAMALHO et al., 2012), de acordo com a equação:

$$F = G + A + GA$$

Para estimar os componentes dessa interação, nas fases finais dos programas de melhoramento, é comum a avaliação das cultivares, em ensaios de VCU, repetidos em múltiplos locais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; RAMALHO et al., 2012). Nesse caso, a equação acima pode ser reescrita da seguinte maneira:

$$y_{ij} = \mu + g_i + l_j + la_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

em que: y_{ij} é a observação do fenótipo i no local j , μ é o efeito da constante; g_i é o efeito genotípico i ; l_j é o efeito de local j ; la_{ij} é o efeito da interação entre os genótipos i e os locais j , \bar{e}_{ij} é o erro experimental médio.

Essa interação GA é decorrente do comportamento não coincidente dos genótipos frente às condições ambientais distintas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Essa resposta relativa dos genótipos, em função do ambiente, pode ser classificada como interação simples ou complexa (ROBERTSON, 1959). A primeira não interfere na recomendação das cultivares, pois não altera a classificação dos genótipos. No caso da interação complexa, ocorrem mudanças na classificação dos genótipos, ou seja, o melhor genótipo em determinado ambiente pode não o ser em outro, bem como pode haver outros com adaptação mais ampla, porém nem sempre associados com alto potencial produtivo (RAMALHO et al., 2012). Bernardo (2002) afirma que caracteres controlados por vários genes (caracteres quantitativos), como adaptação ampla, estabilidade e potencial produtivo, por exemplo, frequentemente, apresentam significância do efeito de interação GA.

A explicação genética, para a interação GA, pode ser em virtude da expressão diferencial dos vários genes, responsáveis pelas características de interesse, entre os diferentes ambientes. A estimativa da correlação genética, nos ambientes dois a dois, possibilita comprovar esse fato (SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2001). Se a correlação for alta, indica que os genes que atuam nos dois ambientes são os mesmos. Se ela for baixa, indica que alguns genes atuam no ambiente 1 e outros no ambiente 2, contribuindo para a interação (FALCONER; MACKAY, 1996; RUMIN, 2005). Nesse sentido, Vencovsky e Barriga (1992), também, já haviam apontado a ausência da correlação entre o

desempenho dos genótipos, nos diferentes ambientes, como causa para as interações complexas, citadas anteriormente.

Desta forma, a interação GA pode tornar o trabalho dos melhoristas mais complexo, interferindo na seleção de genótipos superiores e nas recomendações de cultivo (CARGNELUTTI FILHO et al., 2007; CROSSA; CORNELIUS, 1997; DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Evidências da importância da interação GA são fartas na literatura (COOPER et al., 2014; HESLOT et al., 2014; JARQUÍN et al., 2014; KELLY et al., 2009; MALOSETTI; RIBAUT; VAN EEUWIJK, 2013; REVERTER; FORTES, 2013; SAE-LIM et al., 2014;).

Chaves (2001) e Duarte e Vencovsky (1999) comentam que, embora os melhoristas tendam a desenvolver uma atitude negativa contra a interação GA, deve ser lembrado que interações positivas, associadas com características previsíveis do ambiente, ou seja, aquelas que ocorrem de forma sistemática ou estão sob o controle do homem, oferecem a oportunidade de rendimentos mais elevados. Logo interação não é apenas um problema, mas também uma oportunidade a ser aproveitada. Adaptações específicas de genótipos a ambientes podem fazer a diferença entre uma boa e uma excelente variedade (GAUCH; ZOBEL, 1988). Mas, para que seja possível explorar estes efeitos positivos, é preciso dispor de métodos estatísticos capazes de captar esse tipo de informação (CRUZ; CARNEIRO, 2006) e ajudar na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados.

No sentido biométrico, segundo Garbuglio et al. (2007), duas abordagens são empregadas: a relativa aos métodos de estratificação ambiental, por meio da análise da interação GA; e a dos estudos de estabilidade e adaptabilidade de diferentes genótipos em que, segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), procuram-se particularizar as respostas de cada genótipo, diante das variações ambientais, para identificar aqueles de adaptabilidade ampla ou específica e, ainda, os de comportamento previsível. Porém, em trabalho de

Maranha (2005), fala-se, além das duas abordagens anteriores, de uma terceira relativa à identificação de cultivares específicas para cada ambiente. Entretanto os próprios autores revelam que, mesmo esta técnica sendo possível, torna-se quase inexecutável, pelo seu alto custo de implementação e, por isso não, será abordada na presente revisão.

2.3 Estratificação Ambiental

Como já foi comentado anteriormente, na avaliação de ensaios de VCU, para seleção e/ou recomendação comercial de cultivares, é comum que diferentes genótipos sejam superiores, em diferentes ambientes, caracterizando a chamada interação GA. A possibilidade de subdividir uma dada região em subregiões, relativamente homogêneas, do ponto de vista da interação GA, implica herdabilidades mais elevadas e, portanto progresso mais rápido dentro de um programa de melhoramento genético. Tais subregiões, referidas como "estratos ambientais", são áreas não necessariamente contínuas de uma região de cultivo que possibilitam uma classificação genotípica similar, independentemente das condições ambientais, dessa forma, está ligada à possibilidade de maximização da produção nessa área (GARBUGLIO et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2005).

Diversas metodologias foram propostas para estudos de estratificação de ambientes (ABOU-EL-FITTOUH; RAWLINGS; MILLER, 1969; CRUZ; REGAZZI, 2001; HORNER; FREY, 1957; LIN, 1982; MISEVIC; DUMANOVIC, 1989). No entanto essas metodologias possuem limitações que têm sido, frequentemente, relatadas na literatura (DUARTE; VENCOSKY, 1999; ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988). Para contornar essas ineficiências, Crossa (1990) sugere que a aplicação de métodos multivariados podem ser úteis por melhor explorar as informações contidas nos dados. Os trabalhos precursores dessas técnicas são atribuídos, conforme citações de Gauch e Zobel

(1988), especialmente, a Fisher e Mackenzie (1923), que demonstraram que a produtividade de diferentes variedades de batata, sob diferentes níveis de adubação, era mais bem explicada pelo produto do que pela soma desses dois efeitos. Aplicações de técnicas como AMMI vêm ganhando grande aplicabilidade. Na agricultura, o uso dessa técnica foi estimulado por Gauch Júnior (1985), Kempton (1984) e Zobel, Wright e Gauch (1988), na modelagem e busca por um melhor entendimento das interações GA.

Técnicas de análise multivariada como o método AMMI combinam, em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação GA (BERNARDO, 2010). Este método integra a análise de variância e a análise de componentes principais (ACP). O principal objetivo da análise AMMI é obter estimativas mais fidedignas do desempenho de um dado genótipo em um dado ambiente. Gauch e Zobel (1988) informam que esta análise pode ajudar, na realização da estratificação ambiental, com fins de recomendação regionalizada e seleção de locais de teste. Outro modelo proposto foi o GGE biplot (YAN et al., 2000), que considera o efeito principal do genótipo mais a interação GA. A principal diferença entre os modelos AMMI e GGE está associada à abordagem dos efeitos no modelo. O modelo GGE analisa, conjuntamente, os efeitos de genótipos e da interação GA, enquanto a análise AMMI separa o G e GA. Os resultados de ambas as análises podem ser interpretados, por meio de gráficos biplot, sendo, dessa forma, abordagens visuais descritivas para os padrões de interação genótipos por ambientes. Embora existam algumas diferenças conceituais entre as duas metodologias, alguns trabalhos têm mostrado forte coincidência nos resultados das duas metodologias (CAMARGO-BUITRAGO; INTIRE; GORDÓN-MENDONZA, 2011).

Na interpretação dos biplots, os dois eixos representam os valores para o primeiro e segundo componentes principais. Um importante pressuposto, para a

realização desta análise, é que os dois primeiros eixos expliquem a maior parte da variação por causa do componente da interação. Na interpretação dos biplots, a cultivar ideal deve ser aquela que associa um alto valor para o primeiro componente, pois está associado a um alto desempenho do genótipo aos estímulos ambientais, enquanto o segundo componente se associa mais à estabilidade daquele genótipo (YAN et al., 2001). Existem grandes vantagens em se utilizar a análise gráfica para interpretação dos resultados. Entre elas podem-se citar: permite uma abordagem visual descritiva dos padrões de interação genótipos por ambientes, o que é bastante útil por permitir explorar melhor as informações contidas nos dados (CROSSA, 1990), visualizar a adaptação específica de determinados genótipos, em determinados ambientes, permite a diferenciação de mega-ambientes distintos, assim como a identificação de ambientes ideais de cultivo, que são aqueles que mais discriminam os genótipos.

Quando são comparados os modelos AMMI e GGE, este último apresenta algumas vantagens que podem ser elencadas, como a maior explicação do método GGE com relação aos efeitos de G e GA, em relação ao AMMI e o fato dos dois eixos apresentarem a mesma escala, o que permite a comparação relativa dos genótipos e ambientes (YAN et al., 2007).

2.4 Adaptabilidade e Estabilidade

Embora os estudos de estratificação ambiental contribuam, para amenizar as interferências prejudiciais da interação GA e, conseqüentemente, melhorem a recomendação de cultivares, a maioria não fornece informação a respeito do comportamento dos genótipos. Neste sentido, os estudos de adaptabilidade e estabilidade são os mais utilizados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

O primeiro problema que se encontra, ao trabalhar com adaptabilidade e estabilidade, refere-se à gama de diferentes conceitos, dados por diversos autores, sobre os termos. Contudo, conforme Cruz e Carneiro (2006), para caracteres como produtividade de grãos, as definições mais atuais seriam as descritas por Verma, Chahal e Murty (1978). Estes autores definiram a adaptabilidade como a capacidade dos genótipos apresentarem rendimentos elevados e constantes, em ambientes desfavoráveis, com habilidade de responder à melhoria das condições ambientais. A estabilidade de comportamento de um genótipo estaria relacionada à previsibilidade de sua adaptabilidade, ou, em termos estatísticos, ao ajuste do genótipo ao modelo adotado.

Existe uma série de metodologias, para o estudo de adaptabilidade e estabilidade e, constantemente, surgem novas opções. De forma geral, os diversos métodos podem ser divididos nas seguintes categorias: métodos baseados em ANOVA; baseados em regressão linear e não linear; análise multivariada; e os métodos não paramétricos (CROSSA, 1990). Maiores detalhes sobre as metodologias podem ser encontrados em Cruz e Carneiro (2006), Cruz, Regazzi e Carneiro (2004), Lin, Binns e Lefkovitch (1986) e Ramalho et al. (2012).

Resende (2004) salienta que a abordagem dos modelos lineares mistos, para análise de ensaios instalados, em diversos ambientes, são adequados para a seleção de genótipos superiores, tendo como alvo a produtividade média ao longo de todos os ambientes. Esses modelos, diferente do método dos quadrados mínimos, não possui limitações, para lidar com dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais e heterogeneidade de variâncias entre os locais em que são conduzidos os ensaios. Alguns trabalhos foram conduzidos com o intuito de comparar modelos de estudo da interação GA. Malosetti, Ribaut e Van Eeuwijk (2013) concluíram que, para modelar a interação GA de forma mais realística, modelos lineares mistos, que permitam a

inclusão de heterogeneidade de variâncias genéticas e residuais nas predições, são os mais adequados.

2.5 Modelo linear misto

Quando em um mesmo modelo estatístico encontram-se efeitos fixos exceto à constante e efeitos aleatórios exceto ao erro, têm-se os chamados modelos mistos. Os modelos mistos foram propostos por Henderson, em 1949, com o intuito de prever valores genéticos de animais para produção de leite sob condições de desbalanceamento nos dados (MRODE, 1996; WHITE; HODGE, 1989).

O BLUP -*Best Linear Unbiased Predictor*- (Melhor preditor linear não tendencioso) significa melhor - pois minimiza a variância do erro de predição (maximiza a acurácia), preditor linear- função linear das observações, não tendencioso - $E[\text{BLUP}(g)] = E(g) = 0$, ou seja, a esperança tende a zero. A sigla BLUP é usada, quando os componentes de variâncias são conhecidos. Como, na prática, esses componentes, geralmente, são desconhecidos e, portanto, devem ser estimados, têm-se os EBLUP (*Empirical Best Linear Unbiased Predictor*).

A utilização do BLUP como método rotineiro de análise apenas tornou-se possível, com o avanço de recursos computacionais, como a exemplo de softwares estatísticos que traziam algoritmos especializados já implementados. Entretanto, no melhoramento vegetal, sua utilização tem sido mais restrita, pela falta de vivência com o método e o desconhecimento de suas inúmeras aplicações (BUENO FILHO, 1997; GAUCH JÚNIOR, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, 2008).

O modelo linear misto geral (HENDERSON et al., 1959), para aplicação em dados fenotípicos, pode ser descrito, matricialmente, da seguinte forma:

$$Y = X\beta + Z\alpha + e$$

Em que:

Y : Vetor de observações ou fenótipos, de dimensões $n \times 1$.

X : Matriz do modelo referente aos efeitos fixos β , de dimensões $n \times p$.

β : Vetor de efeitos fixos, de dimensões $p \times 1$.

Z : Matriz do modelo referente aos efeitos aleatórios α , de dimensões $n \times q$.

α : Vetor de efeitos aleatórios, de dimensões $q \times 1$, com $\alpha \sim N(0, G)$, sendo $G = A\sigma_g^2$.

e : Vetor de erros, de dimensões $n \times 1$ com $e \sim N(0, R)$, sendo $R = I\sigma_e^2$

Para o modelo acima, assume-se que os dados (Y) se ajustam à distribuição normal multivariada, ou seja, sendo $ZGZ' + R = V$.

A estimação dos efeitos fixos pode ser obtida pela seguinte expressão: $BLUE(\beta) = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}Y$. Já a predição dos efeitos aleatórios, que são a esperança condicional dos efeitos aleatórios dados às observações, pode ser obtida pela seguinte expressão: $BLUP(g) = GZ'V^{-1}(Y - X\hat{\beta})$. A grande dificuldade, para estimação e predição, é a inversão da matriz V , pois essa é da ordem dos dados. A primeira parte do estimador de BLUP é o fator de encolhimento ou shrinkage ($GZ'V^{-1}$) e a segunda é o ajuste para efeitos fixos ($Y - X\hat{\beta}$).

A estimação dos efeitos fixos (BLUE) do modelo e predição dos efeitos aleatórios (BLUP) foi descrito, em 1975, por Henderson, ficando conhecido como sistemas de equações de Henderson, conforme descrito a seguir.

$$\begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\alpha} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Y} \end{bmatrix}$$

Nesse sistema, não é preciso inverter uma matriz da ordem dos dados, a matriz, agora, é uma função de efeitos fixos e aleatórios. Nesse sistema, tem que se estimar as matrizes \mathbf{R} (matriz de variâncias e covariâncias dos erros) e $\mathbf{G} = \mathbf{A}\sigma_g^2$, sendo \mathbf{A} , a matriz de parentesco genético entre os tratamentos. O elemento a_{ij} dessa matriz corresponde ao parentesco genético aditivo, equivalente ao coeficiente de parentesco de Wright, que é igual a duas vezes o coeficiente de coancestria de Malecot (r_{ij}) (LYNCH; WALSH, 1998). O parentesco pode, também, ser determinado por meio do uso de marcadores moleculares (BERNARDO, 1994). Quando não se conhece o relacionamento genético entres os tratamentos, a matriz $\mathbf{A}=\mathbf{I}$ (matriz identidade), ou seja, considera-se ausência de parentesco entre os genótipos e os BLUPS dos genótipos são preditos somente com base em suas próprias performances.

Com a incorporação da informação de parentesco ao modelo, algumas vantagens podem ser apontadas, como a obtenção de predições mais acuradas e não viciadas. A estratégia de incorporação de informação de parentesco já foi comparada com modelos sem o uso desta informação (BROMLEY et al., 2000). Os autores concluíram que maiores ganhos com a seleção podem ser obtidos pelo fato do acréscimo do componente de variância relacionado a genótipos.

Tanto o *breeding value* como o valor genético aditivo são medidas, comumente usadas, para identificação de genitores para futuros cruzamentos (no caso de plantas de propagação vegetativa, como a exemplo de batata e cana-de-açúcar) e, para identificação de genótipos superiores no caso de plantas autógamas. Essas medidas podem ser obtidas, via modelos mistos, com a

incorporação da matriz de parentesco aditivo. Essas estimativas levam em consideração apenas a variância aditiva, que é a que realmente será passada para a descendência. Já o valor genotípico leva em consideração efeitos aditivos e não aditivos. Podem ser obtidos, quando, além da matriz de parentesco aditivo, é incorporada, também, a matriz de parentesco de dominância. A estimativa do valor genotípico é amplamente utilizada em culturas como eucalipto, batata, cana-de-açúcar, cujo objetivo é a seleção de genótipos superiores, que, após a identificação, serão propagados via clonagem (RESENDE; THOMPSON, 2004).

Os modelos lineares mistos podem, também, ser utilizados com o intuito de modelar de maneira mais realista os ensaios em múltiplos ambientes. Em comparação com os modelos fixos, que possuem todos os termos do modelo como fixos, exceto o resíduo, os modelos mistos consideram o efeito de genótipos como aleatório, pois, quando o número de genótipos é maior que 10, pode-se considerar que estes representam uma população (GAUCH JÚNIOR; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008).

No melhoramento de plantas, principalmente, no melhoramento de plantas anuais, poucos são os adeptos aos modelos mistos (GAUCH JÚNIOR; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008). Entretanto vale ressaltar que o uso de modelos mistos, no melhoramento de plantas, é superior ao método de quadrados mínimos, em muitas situações e trazem estimativas mais acuradas e precisas, para auxiliarem os melhoristas na seleção dos melhores genótipos.

A análise de grupos de ensaios ou de ensaios conduzidos, em múltiplos ambientes, tem sido, tradicionalmente, baseada em modelos simples. Os mesmos assumem homogeneidade de variância residual entre os ensaios, independência de erros dentro de ensaio, efeitos da interação genótipos por ambientes como um grupo de efeitos aleatórios independentes (RESENDE; THOMPSON, 2004) . A suposição referente à independência dos efeitos da interação genótipos por ambientes pode ser eliminada por meio do uso de modelos multiplicativos, como

AMMI e GGE biplot. Com o uso de modelos mistos, é possível lidar com dados desbalanceados, heterogeneidade de variâncias e incorporar parentesco entres os genótipos. Como dados de programas de melhoramento são naturalmente desbalanceados, em virtude do acréscimo e eliminação de genótipos, ao longo de anos, o uso de estratégias de análises de dados, via modelos mistos e inferência bayesiana, são essenciais para que os programas de melhoramento possam maximizar o ganho genético com a seleção de genótipos superiores.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Para atender aos objetivos propostos na presente pesquisa dois ensaios foram conduzidos; os híbridos, utilizados em cada ensaio, apresentaram diferenças, para os eventos transgênicos de resistência a insetos e tolerância à herbicida. Os ensaios fazem parte da rede de testes, para seleção e avanço de híbridos de milho, que estão em fase final do programa de melhoramento da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola (COODETEC), nos estados do Mato Grosso do Sul, Paraná e São Paulo.

3.1 Ensaios VCU PRO 2 e VCU HX

No primeiro ensaio, VCU PRO 2, 20 híbridos simples pré-comerciais (G1 a G20) com os eventos MON89034 & NK603 - YieldGard VT PRO 2[®] foram avaliados com mais oito híbridos comerciais utilizados como testemunhas (TABELA 1).

Os 20 híbridos YieldGard VT PRO 2[®] contêm a combinação de dois eventos, geneticamente modificados, desenvolvidos pela Monsanto. O milho, além de ser tolerante ao glifosato, também, controla, efetivamente, uma gama de pragas. A semente do milho YieldGard VT PRO 2 produz duas proteínas inseticidas de Bt (*Bacillus thuringiensis*) que propiciam eficiente controle da lagarta-do-cartucho (*Spodoptera frugiperda*), da lagarta-da-espiga (*Helicoverpa zea*) e de espécies dos gêneros *Ostrinia* (broca europeia do milho e broca asiática do milho) e *Diatraea* (broca-do-colmo).

As testemunhas foram compostas de três híbridos triplos, sendo dois deles CD 384HX e 20A55HX, contendo os eventos Herculex[®] (TC1507) e o híbrido 2B688HR, contendo os eventos Herculex[®] e Roundup Ready[®] e cinco híbridos simples, de modo que dois deles com o evento Herculex[®] (P 30F53H e CD 393HX), dois com eventos Herculex[®] e Roundup Ready[®] (DKB 330PRO2 AS 1551PRO2) e um híbrido com os eventos MON 89034 (CD 324PRO).

Tabela 1 - Descrição dos híbridos utilizados nos ensaios de valor de cultivo e uso instalados na safrinha do ano agrícola 2013.

VCU PRO2			VCU HX		
¹ Híbrido	² Tipo	³ Código	¹ Híbrido	² Tipo	³ Código
DKB 330PRO2	HS	1	DKB 330PRO2	HS	1
P 30F53H	HS	2	P 30F53H	HS	2
CD 324PRO	HS	3	CD 324PRO	HS	3
CD 384HX	HT	4	CD 384HX	HT	4
CD 393HX	HS	5	CD 393HX	HS	5
20A55HX	HT	6	AG 9010PRO	HS	29
2B688HR	HT	7	DKB 390PRO	HS	30
AS 1551PRO2	HS	8	P 30F35YH	HS	31
G1	HS	9	P 3161H	HS	32
G2	HS	10	P 3340H	HS	33
G3	HS	11	CD 316HX	HS	34
G4	HS	12	G21	HS	35
G5	HS	13	G22	HS	36
G6	HS	14	G23	HS	37
G7	HS	15	G24	HS	38
G8	HS	16	G25	HS	39
G9	HS	17	G26	HS	40
G10	HS	18	G27	HS	41
G11	HS	18	G28	HS	42
G12	HS	20	G29	HS	43
G13	HS	21	G30	HS	44
G14	HS	22	G31	HS	45
G15	HS	23	G32	HS	46
G16	HS	24	G33	HS	47
G17	HS	25	G34	HS	48
G18	HS	26	G35	HS	49
G19	HS	27	G36	HS	50
G20	HS	28	G37	HS	51
			G38	HS	52
			G39	HS	53
			G40	HS	54
			G41	HS	55
			G42	HS	56
			G43	HS	57
			G44	HS	58

Fonte: Autor.

¹G, híbridos pré-comerciais; ²HS, híbrido simples; HT, híbrido triplo;³Código, denominação dos híbridos para fins de análises estatísticas.

Tabela 2 - Descrição dos locais de plantio do VCU PRO2 (E1) e VCU HX (E2), designados de A1 a A24.

*Local	Coordenadas	Altitude (m)	E1	E2
Amambai/MS	23° 06' S, 55° 13' W	480	A1	A1
Caarapó/MS	22° 38' S, 54° 49' W	471	A2	A2
Dourados/MS	22° 13' S, 54° 48' W	430	A3	A3
Maracaju/MS	21° 36' S, 55° 10' W	384	A4	A4
Ponta Porã/MS	22° 32' S, 55° 43' W	655	A5	A5
Rio Brilhante/MS	21° 48' S, 54° 32' W	312	A6	-
Assis Chateaubriand/PR	24° 25' S, 53° 31' W	406	A7	A7
Cascavel/PR	24° 57' S, 53° 27' W	781	A8	A8
Cascavel/PR	24° 57' S, 53° 26' W	781	A9	A9
Goioerê/PR	24° 11' S, 53° 01' W	505	A10	A10
Londrina/PR	23° 18' S, 51° 09' W	585	A11	A11
Marechal C Rondon/PR	24° 33' S, 54° 03' W	410	A12	A12
Mariluz/PR	24° 00' S, 53° 08' W	453	A13	A13
Mariluz/PR	24° 00' S, 53° 07' W	453	A14	A14
Maripá/PR	24° 25' S, 53° 49' W	402	A15	A15
Mercedes/PR	24° 27' S, 54° 09' W	408	A16	A16
Nova Aurora/PR	24° 31' S, 53° 15' W	526	A17	A17
Palotina/PR	24° 17' S, 53° 50' W	333	A18	A18
Santa Helena/PR	24° 51' S, 54° 19' W	258	A19	A19
Sta Terezinha De Itaipu/PR	25° 21' S, 54° 29' W	218	A20	A20
São Pedro Do Iguaçu/PR	24° 56' S, 53° 51' W	555	A21	A21
Ubiratã/PR	24° 32' S, 52° 59' W	508	A22	A22
Cruzália/SP	22° 44' S, 50° 47' W	318	A23	A23
Maracá/SP	22° 36' S, 50° 40' W	535	A24	A24

Fonte: Autor.

*MS, Mato Grosso do Sul; PR, Paraná; SP, São Paulo.

No segundo ensaio, VCU HX, um total de 35 híbridos de milho foram avaliados, sendo 24 híbridos simples pré-comerciais (G21 a G44) e mais 11 híbridos comerciais utilizados como testemunhas (TABELA 1).

Os híbridos simples pré-comerciais contêm a tecnologia Herculex®. Essa tecnologia foi desenvolvida, por meio de uma colaboração técnica entre a Dow

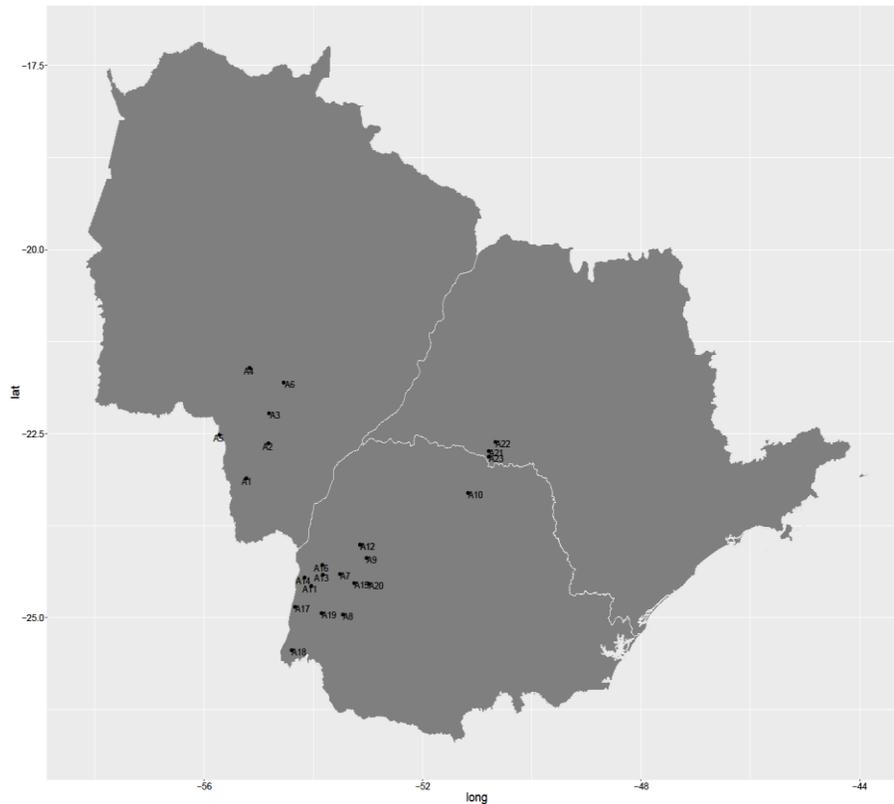
AgroSciences LLC e a Pioneer Hi-Bred International, Inc. Esses 35 híbridos contêm o gene cry1F que concede ao milho uma geração de plantas com características de proteção contra insetos-pragas. O gene cry1F expressa uma proteína cristal (Cry) com ação inseticida para controle de *Spodoptera frugiperda*, *Diatrea saccharalis* e *Helicoverpa zea*.

As testemunhas foram compostas por um híbrido triplo (CD 384HX) e dez híbridos simples, sendo um com o evento PRO2 (DKB 330PRO2), seis híbridos com tecnologia Herculex (P 30F53H, CD 393HX, P 30F35YH, P 3161H, P 3340H e CD 316HX) e três híbridos com tecnologia PRO (CD 324PRO, AG 9010PRO e DKB 390PRO).

Tanto os 28 híbridos do VCU PRO2 como os 35 híbridos do VCU HX foram avaliados sob o delineamento de blocos completos casualizados com duas repetições cada. As parcelas de cada VCU foram compostas por duas linhas com 4,2 metros de comprimento cada, com espaçamento entre linhas de 0,60 m e de 0,25 m entre plantas, de modo que o estande final foi de, aproximadamente, 66.667 plantas ha⁻¹.

A época de plantio foi na safrinha, na qual o período de plantio e colheita se estendeu de janeiro a agosto de 2013. O plantio foi realizado em 24 cidades compreendidas dentro dos limites terrestres dos estados do Paraná, Mato Grosso do Sul e São Paulo. À exceção da cidade de Rio Brilhante – Mato Grosso do Sul, 23 locais receberam os ensaios de avaliação do VCU HX (TABELA 2). A faixa de plantio foi estendida de 21° 36' S, 55° 10' W (Maracaju - MS) a 24° 57' S, 53° 27' W (Cascavel - PR). Nota-se que, no município de Cascavel - Paraná, foram utilizadas duas áreas de plantio dentro das mesmas coordenadas geográficas (Ambientes 8 e 9), o mesmo pode ser observado para a cidade de Mariluz – Paraná (Ambientes 13 e 14). Para melhor exemplificar a distância física entre os locais de plantio, fez-se uso da análise gráfica, conforme visto na Figura 1.

Figura 1 - Distribuição espacial dos locais de plantio dos Ensaios VCU PRO2 e HX de avaliação de híbridos de milho pré-comerciais e comerciais nos estados do Paraná, Mato Grosso do Sul e São Paulo.



Fonte: Autor

3.2 Experimentação agrônômica

No total, foram avaliados 47 ensaios distribuídos em 24 cidades no ano agrícola de 2013. Simultaneamente à semeadura, foi aplicado inseticida (carbofuran) e fertilizante (NPK) granulado. A adubação de base e de cobertura, o controle de plantas daninhas e pragas foram realizados conforme manejo de cada cooperado (proprietário da área em que o ensaio foi conduzido). Foi dada assistência técnica aos cooperados, para que os tratos culturais fossem

realizados, conforme recomendado para região e, no caso de necessidade, as medidas necessárias foram tomadas.

O caráter avaliado foi a produção de grãos, obtida pela massa de grãos oriunda de cada parcela (kg ha^{-1}), com valores corrigidos para 13% do teor de água (BRASIL, 2013).

3.3 Análise de dados

Após a obtenção dos dados, foram verificadas as pressuposições da análise de variância e realizadas as análises, para cada ambiente individualmente, de acordo com o modelo a seguir, por meio do software R (R CORE TEAM, 2009):

$$y = \mu\mathbf{1} + \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{t} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

Em que:

\mathbf{y} : vetor dos dados;

μ : constante;

$\boldsymbol{\beta}$: vetor dos efeitos aleatórios das repetições;

\mathbf{t} : vetor dos efeitos aleatórios dos híbridos, com $\mathbf{t} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \sigma_t^2 \mathbf{I}_t)$;

$\boldsymbol{\varepsilon}$: vetor dos efeitos aleatórios dos resíduos, com $\boldsymbol{\varepsilon} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \sigma_\varepsilon^2 \mathbf{I}_\varepsilon)$.

\mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência dos respectivos efeitos e $\mathbf{1}$ é o vetor de uns.

Em seguida, foi realizada a análise de variância conjunta, de acordo com o modelo a seguir, por meio do software R (R CORE TEAM, 2009):

$$y = \mu\mathbf{1} + \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{t} + \mathbf{Z}_2\mathbf{ts} + \mathbf{Z}_3\mathbf{r} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

Em que:

y: vetor dos dados;

μ : constante;

β vetor dos efeitos fixos dos ambientes;

t: vetor dos efeitos aleatórios dos híbridos, com $\mathbf{t} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \sigma_t^2 \mathbf{I}_t)$;

ts: vetor para efeitos aleatórios da interação híbridos por ambientes, com $\mathbf{ts} \sim \text{NVN}(\mathbf{0}, \sigma_{ts}^2 \mathbf{I}_{ts})$;

r: vetor dos efeitos aleatórios das repetições dentro dos ambientes, com $\mathbf{r} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \sigma_r^2 \mathbf{I}_r)$;

$\boldsymbol{\varepsilon}$: vetor dos efeitos aleatório dos resíduos, com $\boldsymbol{\varepsilon} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \mathbf{D}_\varepsilon)$.

\mathbf{D}_ε é uma matriz diagonal, em que cada ambiente tem um componente de variância do erro diferente e independente. \mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 , \mathbf{Z}_2 , e \mathbf{Z}_3 são matrizes de incidência, para os respectivos efeitos, e $\mathbf{1}$ é o vetor de uns.

Para verificar a significância dos efeitos principais de híbridos e da interação híbridos com os ambientes, foi utilizado o teste LRT (*Likelihood Ratio Test*), que apresenta distribuição qui-quadrado aproximada com 1 grau de liberdade:

$$LRT = -2 \times \log \left(\frac{L_R}{L_C} \right)$$

em que L_R é a verossimilhança do modelo reduzido, ou seja, sem o parâmetro a ser testado, e L_C é a verossimilhança do modelo completo.

Procedeu-se à análise de estabilidade, que permite quantificar a adaptabilidade e a estabilidade de produção de grãos. Esta avaliação foi realizada, utilizando o método GGE-Biplot, de acordo com o modelo proposto

por Yan et al. (2001), por meio do software R (R CORE TEAM, 2009), utilizando o pacote GGEBiplotGUI (FRUTOS; GALINDO; LEIVA, 2014), de acordo com o modelo a seguir:

$$G + GxE = \left[(t_i + ts_{is}) \right] = \sum_{s=1}^n \lambda_j \gamma_{ij} \delta_{sj} + \rho_{is}$$

Em que:

$G + GxE$: matriz dos efeitos dos genótipos somados aos efeitos das interações genótipos por ambientes;

λ_j : valor singular do j -ésimo componente principal;

γ_{ij} e δ_{sj} : autovalores do j -ésimo componente principal associado ao efeito genótipo i e ambiente s , respectivamente;

n : número dos componentes principais retidos do modelo;

ρ_{is} : ruído.

Com base nos escores, foram obtidos gráficos biplots, para melhorar o entendimento da inter-relação entre genótipos e ambientes, conforme Yan e Tinker (2006). Estes são construídos, a partir da decomposição das médias, apresentando qual o genótipo possui o melhor desempenho.

Neste trabalho os biplots foram construídos a partir dos dois primeiros componentes principais do efeito dos híbridos mais a interação (GxE) (PCA1 e PCA2). O ruído corresponde ao erro associado à estimativa da interação (GA) que são os componentes principais, que não foram considerados, para a interpretação dos resultados e construção dos gráficos

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A qualidade das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos está, diretamente, ligada à precisão experimental. Dentre as medidas de precisão, a acurácia seletiva tem sido utilizada para essa finalidade (RESENDE; DUARTE, 2007), sendo a estimativa dela obtida pela raiz quadrada da herdabilidade. Diante da estimativa da herdabilidade, em nível de média obtida na análise conjunta, considerando os dois ensaios de VCU (0,94), pode-se notar que os ensaios tiveram boa precisão, já que essa estimativa apresenta acurácia de 0,97, o que pode ser considerada de alta magnitude, de acordo com Resende e Duarte (2007). Para a avaliação dos ensaios de VCU, as estimativas da acurácia seletiva de alta magnitude nos permitem inferir que o fenótipo observado é um bom indicativo do genótipo, aumentando a assertividade, nas recomendações de híbridos, na época de plantio de milho safrinha.

Foi detectada diferença significativa entre os híbridos em todos os ambientes pelo teste LRT ($\alpha=0,05$) (TABELA 3). Isto indica a presença de variabilidade genética entre os híbridos, o que possibilita sucesso com a seleção. A interação híbridos por ambientes significativa demonstra que o comportamento dos híbridos não foi coincidente ao longo dos ambientes. Este fato ressalta a dificuldade, em se realizar a seleção, em etapas finais dos programas de melhoramento (GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008; MEYER, 2009), por outro lado, a interação significativa permite que o melhorista explore essa interação, para realizar a indicação dos melhores híbridos, para ambientes específicos.

Pode-se notar a presença de heterogeneidade de variâncias residuais nos diferentes ambientes (TABELA 3). As variâncias residuais variaram de 0,0306 (A22) até 0,3084 (A3) no VCU PRO2 e 0,0593 (A21) até 0,4736 (A5) no VCU HX. A razão entre a maior e menor variância residual foi de 10,08 e 7,9 para os

VCU PRO2 e HX, respectivamente, o que indica a necessidade de modelos que consideram heterogeneidade de variância residual (PIMENTEL-GOMES, 1985).

Tabela 3 - Estimativa dos componentes da variância para produção de grãos (kg ha⁻¹) nos híbridos de milho avaliados nos ensaios VCU Pro2 e VCU HX.

	Erro associado à	
	Estimativa	estimativa
Híbridos	0,3195	0,0633
Híbridos x Ambientes	0,1659	0,0181

Ambientes	VCU Pro2		VCU HX	
	Estimativa	Erro	Estimativa	Erro
A1	1,3773	0,2975	1,9509	0,3598
A2	0,4339	0,1051	0,8120	0,1731
A3	1,4575	0,3084	0,9644	0,1977
A4	0,8510	0,2038	0,6317	0,1262
A5	1,4403	0,3058	2,5387	0,4736
A6	1,0495	0,2486	--	--
A7	0,4785	0,1167	0,3967	0,0868
A8	0,3026	0,0717	0,4038	0,0869
A9	0,1947	0,0512	0,5097	0,1071
A10	0,3821	0,0943	0,5158	0,1159
A11	0,2342	0,0578	0,3425	0,0737
A12	0,3726	0,0886	0,6512	0,1421
A13	0,3867	0,0908	0,5330	0,1098
A14	0,5986	0,1339	0,5205	0,1071
A15	0,2039	0,0511	0,4106	0,0897
A16	0,3133	0,0745	0,3348	0,0713
A17	0,5995	0,1456	0,8354	0,1669
A18	0,3302	0,0827	0,4665	0,1018
A19	0,4008	0,0999	0,6962	0,1432
A20	0,1775	0,0463	0,4032	0,0904
A21	0,2259	0,0619	0,2705	0,0593
A22	0,1196	0,0306	0,4042	0,0949
A23	0,8368	0,1897	0,6567	0,1336
A24	1,0883	0,2356	0,8293	0,1623

Fonte: Dados do Autor (2016)

De acordo com o critério de escolha de modelo *Akaike information criterion* (AIC) (AKAIKE, 1974), o modelo com heterogeneidade apresentou AIC de 2.214,5, demonstrando que este modelo teve melhor ajuste, quando comparado ao modelo, assumindo homogeneidade de variância, que apresentou AIC de 2.514,38. O uso desses modelos é extremamente necessário frente ao melhoramento de plantas, em que genótipos, em fases finais, são avaliados em múltiplos ambientes e anos. Trabalhos recentes mostram as vantagens desses modelos em relação a modelos que consideram homogeneidade de variância residual (MALOSSETI; RIBAUT; VAN EEUWIJK, 2013; SMITH; CULLIS; THOMPSON, 2005). De acordo com Malosetti, Ribaut e Van Eeuwijk (2013), modelos mistos que acomodam heterogeneidade de variâncias, mesmo tendo a necessidade de se estimar um número maior de parâmetros, são mais adequados, pois apresentam menor AIC.

As médias de produção de grãos dos híbridos variaram de 3,0 a 7,9 kg ha⁻¹ no VCU Pro2 (TABELA 4) e 3,1 a 9,0 kg ha⁻¹ no VCU HX (TABELA 4). A diferença na média dos ambientes pode ser pelas diferenças, nas condições edafoclimáticas, que permitem uma expressão diferenciada do potencial genético de cada híbrido. Observa-se, também, que os ambientes A12 e A22 apresentaram as menores médias de produção de grãos. Para o ambiente A22, a menor produção pode ter sido ocasionada pelo estresse com a seca, em função da data de plantio tardia, de forma que todos os híbridos apresentaram baixas produtividades. O contrário foi observado para o ambiente A1, no qual houve a melhor média de produção de grãos dos híbridos avaliados tanto no ensaio VCU PRO2 como no ensaio VCU Herculex. Esse ensaio foi conduzido, em Amambaí, no estado do Mato Grosso do Sul, região conhecida pelo emprego de alta tecnologia na agricultura, o que pode ter contribuído para a alta produção.

Tabela 4 - Produção de grãos média (kg ha⁻¹) dos híbridos em cada ambiente para os ensaios de VCU PRO2 e HX.

Ambiente	Produção		Ambiente	Produção	
	PRO2	HX		PRO2	HX
A1	7,9	9,0	A13	5,7	6,3
A2	4,8	4,8	A14	6,4	7,0
A3	6,2	5,7	A15	7,2	7,4
A4	4,2	4,6	A16	4,2	4,1
A5	7,7	7,6	A17	5,4	5,6
A6	5,6	-	A18	7,0	7,5
A7	7,1	7,3	A19	4,4	4,6
A8	4,3	4,6	A20	4,3	4,6
A9	4,4	5,0	A21	4,2	4,1
A10	5,2	5,9	A22	3,0	3,1
A11	4,4	4,6	A23	4,6	4,1
A12	3,2	3,3	A24	4,5	4,4

Fonte: Dados do Autor (2016)

O desempenho dos híbridos, também, foi comparado, por meio dos gráficos GGE biplots, proposto por Yan et al. (2000). Nesses biplots são considerados juntos os efeitos principais de genótipos e os efeitos da interação GA. A técnica é realizada por análise de componentes principais (PCA), em que a base, para a realização, é a decomposição em valores singulares. Estes valores se resumem na variação contida em uma matriz n x m em poucos vetores. Assim, a maior parte da variação, contida no conjunto de dados, pode ser, facilmente, interpretada em um gráfico biplot (GAUCH, 2006).

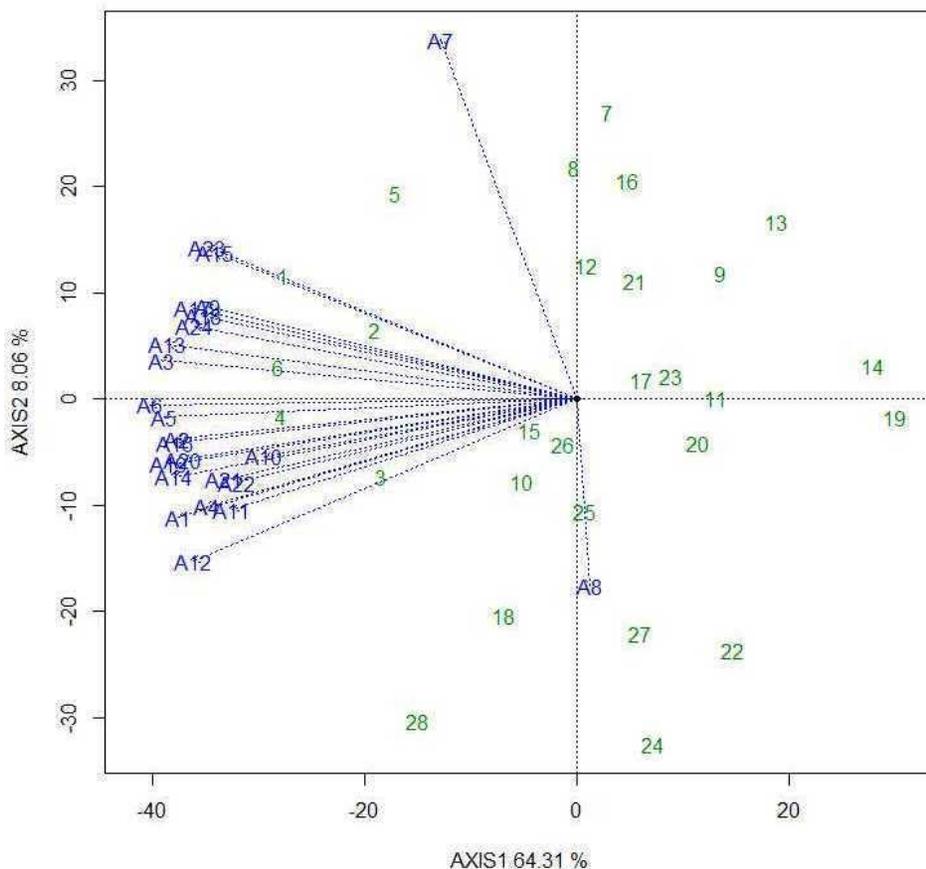
Na Figura 2 está representado o biplot entre os híbridos e os ambientes considerando a produção de grãos média. Os híbridos estão representados pela numeração de 1 a 28 no ensaio VCU PRO2 e de 29 a 58 no ensaio VCU HX, visto que as testemunhas 1 a 4 são comuns aos dois VCUs. A análise GGE biplot obteve uma boa eficiência para o VCU PRO2, explicando 72,37% da soma de quadrados de G + GxA. Para o VCU HX, a eficiência foi, ainda, melhor, explicando 84,15%. Os valores da explicação da G + GxA estão de acordo com

os encontrados por Balestre et al. (2008), ao avaliar genótipos de arroz, em ensaios finais de avaliação, com magnitude de 82,52%. Em outro estudo, Balestre et al. (2009), avaliando a adaptabilidade e estabilidade de híbridos duplos de milho tropical, observaram que os dois primeiros componentes principais capturaram 53,8% da variação $G + G \times A$, valor abaixo dos encontrados na presente pesquisa.

Em função das linhas traçadas entre a origem e os ambientes, é possível determinar a inter-relação entre ambientes e híbridos. Observou-se que houve inter-relação entre a maioria dos ambientes, ou seja, os ângulos formados entre os ambientes entre si foram, na maioria, menores que 90° (FIGURA 2). Analisando os resultados para o VCU PRO2 (FIGURA 2), o ambiente A7 apresentou inter-relação com ambientes A3, A5, A6, A9, A13, A15, A17, A18, A23 e A24. Da mesma forma, houve inter-relação do A8 com os ambientes A1, A2, A4, A7, A10, A11, A12, A14, A16, A19, A20, A21 e A22.

Na figura 2, ao contrário do VCU PRO2, o VCU HX apresentou inter-relação entre todos os ambientes avaliados. Vale a pena ressaltar, que mesmo os ensaios serem conduzidos em estados diferentes, com altitudes bastante distintas, segundo a análise do GGE biplot, os ambientes estão correlacionados. Verificou-se que os dois ensaios conduzidos, em Cascavel/PR, e os dois em Mariluz/PR, apresentaram ângulos maiores quando comparados aos ensaios mais distantes geograficamente. Estes resultados sugerem que a condução de ensaios, em mais de um local por município, pode tornar a recomendação mais consistente, desde que se utilizem datas de plantio distintas para cada ensaio.

Figura 2 - GGE biplot para a produção de grãos média demonstrando a relação entre os híbridos de milho e os ambientes: VCU PRO2.

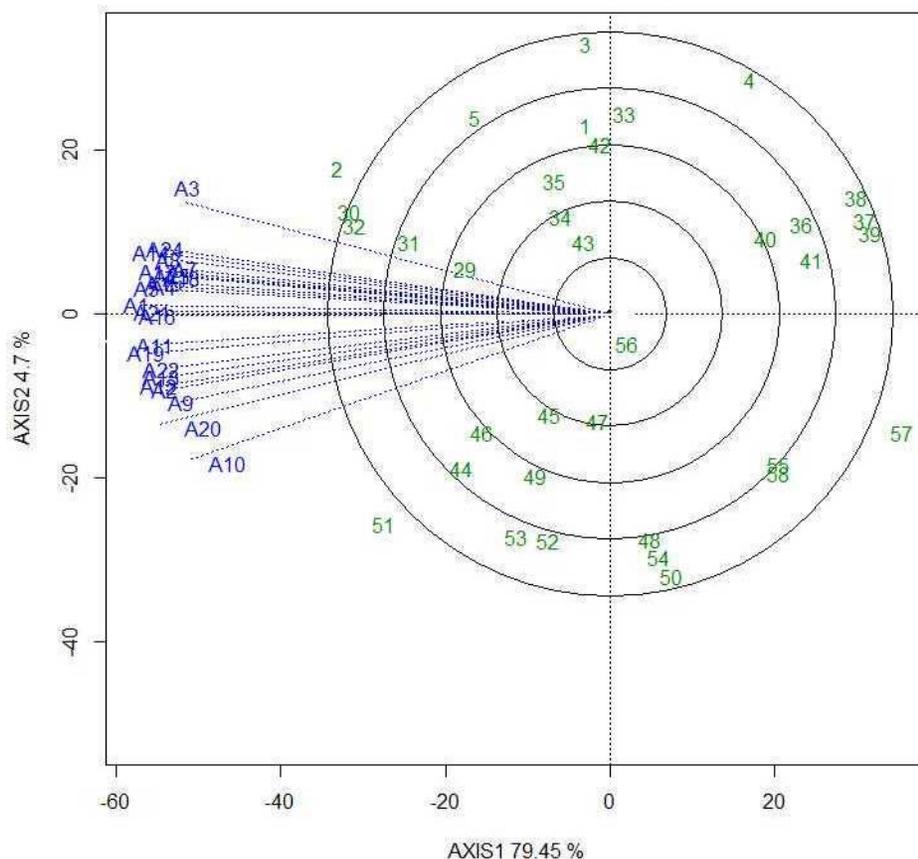


Fonte: Dados do Autor (2016)

Tendo em vista que se o ângulo entre um determinado híbrido e um ambiente for menor que 90° , o desempenho do híbrido neste é acima da média geral deste ambiente. Por outro lado, se o ângulo for maior que 90° , a performance é abaixo da média geral deste ambiente. O híbrido 4 (CD384 HX) apresentou desempenho superior à média geral, em todos os ambientes no ensaio VCU PRO2 (FIGURA 4), o que pode ser em razão de já ser comercializado e recomendado para plantio nos ambientes avaliados. Destaca-se, também, a

importância de utilizar híbridos superiores, em ensaios de VCU, para auxiliar a seleção de híbridos pré-comerciais de alto desempenho.

Figura 3 - GGE biplot para a produção de grãos média demonstrando a relação entre os híbridos de milho e os ambientes: VCU HX.

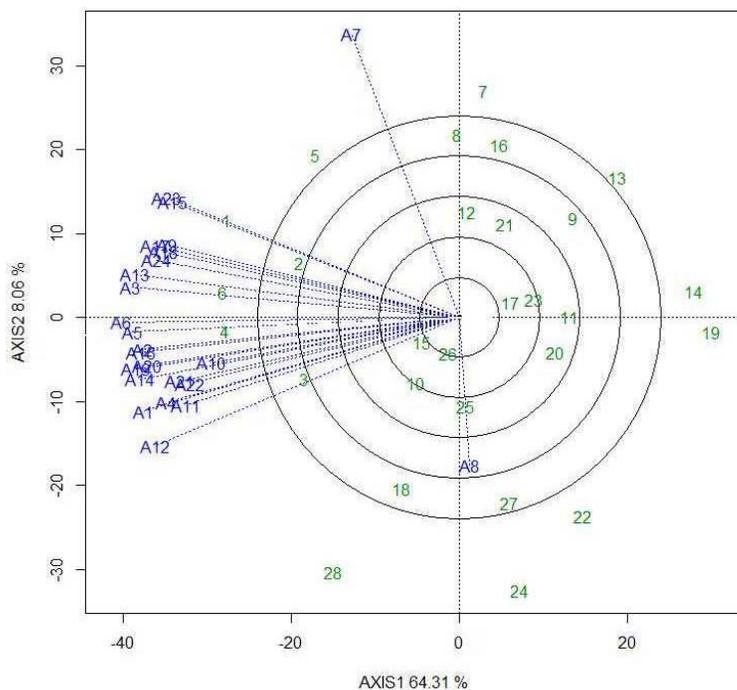


Fonte: Dados do Autor (2016)

Ambientes de testes ideais são aqueles que possuem maior poder de discriminar os genótipos e melhor representar os demais ambientes. O comprimento da linha que sai da origem até o ponto em que está localizado o ambiente representa o desvio padrão das médias dos híbridos e é utilizado para medir a discriminação do ambiente. Desta forma, o ambiente que mais

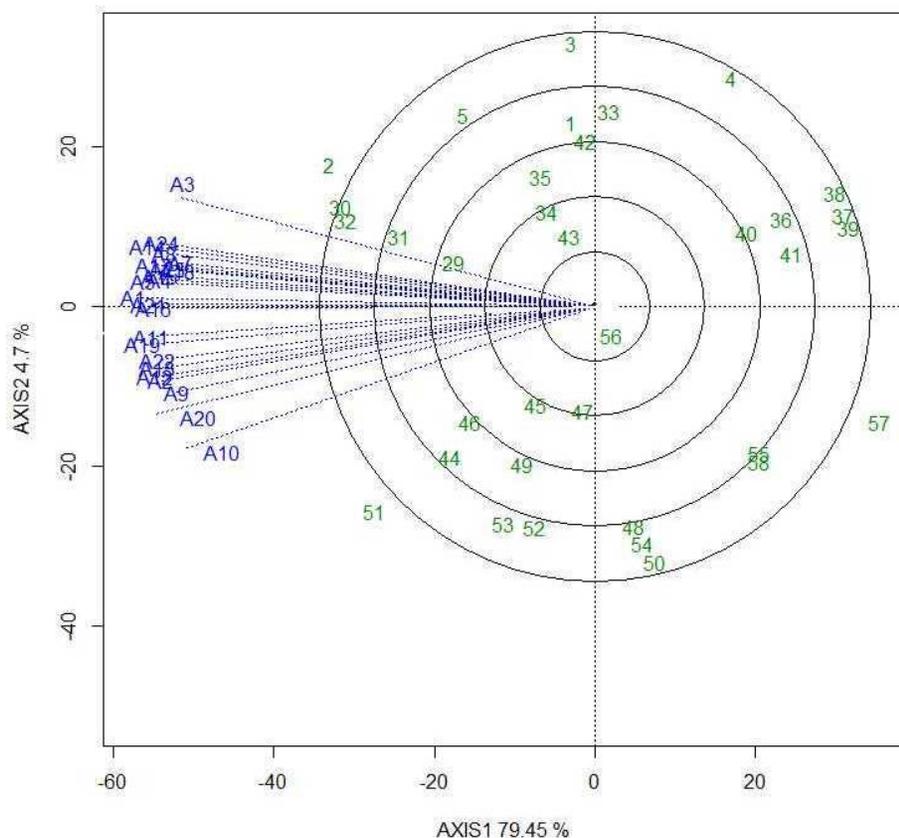
discriminou os híbridos, para a produção de grãos, foi A6 (Rio Brillhante/MS), no VCU PRO2 (FIGURA 4) e o A19 (Santa Helena/PR), no ensaio VCU HX (FIGURA 5), sendo os mais indicados para testar os híbridos. Por outro lado, o ambiente A8 e A10 (VCU PRO2) mostraram menor poder de discriminação dos híbridos avaliados. Já os ambientes mais representativos são aqueles que possuem menor ângulo com o eixo do ambiente médio. No presente trabalho, os ambientes A5 (VCU PRO2) e A10 (VCU HX) foram os mais representativos. De modo geral, esses dois ambientes A5 (VCU PRO2) e A10 (VCU HX) podem ser considerados os ambientes ideais por serem mais discriminativos e representativos.

Figura 4 - GGE biplot “Discriminativos vs representativos”, utilizado para classificar ensaios com melhor capacidade de discriminar e representar os ambientes de avaliação para a produção de grãos no ensaio VCU PRO2.



Fonte: Dados do Autor (2016)

Figura 5 - GGE biplot “Discriminativos vs representativos”, utilizado para classificar ensaios com melhor capacidade de discriminar e representar os ambientes de avaliação para a produção de grãos no ensaio VCU HX.



Fonte: Dados do Autor (2016)

Na Figura 5, observou-se o agrupamento dos diferentes ambientes com base no desempenho produtivo dos melhores híbridos formando os mega-ambientes. Constatou-se que os ensaios não permaneceram, no mesmo agrupamento, quando comparados os VCUs PRO2 (FIGURA 6) e VCU HX (FIGURA 7). No VCU PRO2, os vértices do polígono foram formados pelos híbridos 1, 7, 13, 19, 24, 26 e 4 dividindo os ensaios em cinco grupos, conforme representado pelas linhas vermelhas, que saíram da origem do biplot.

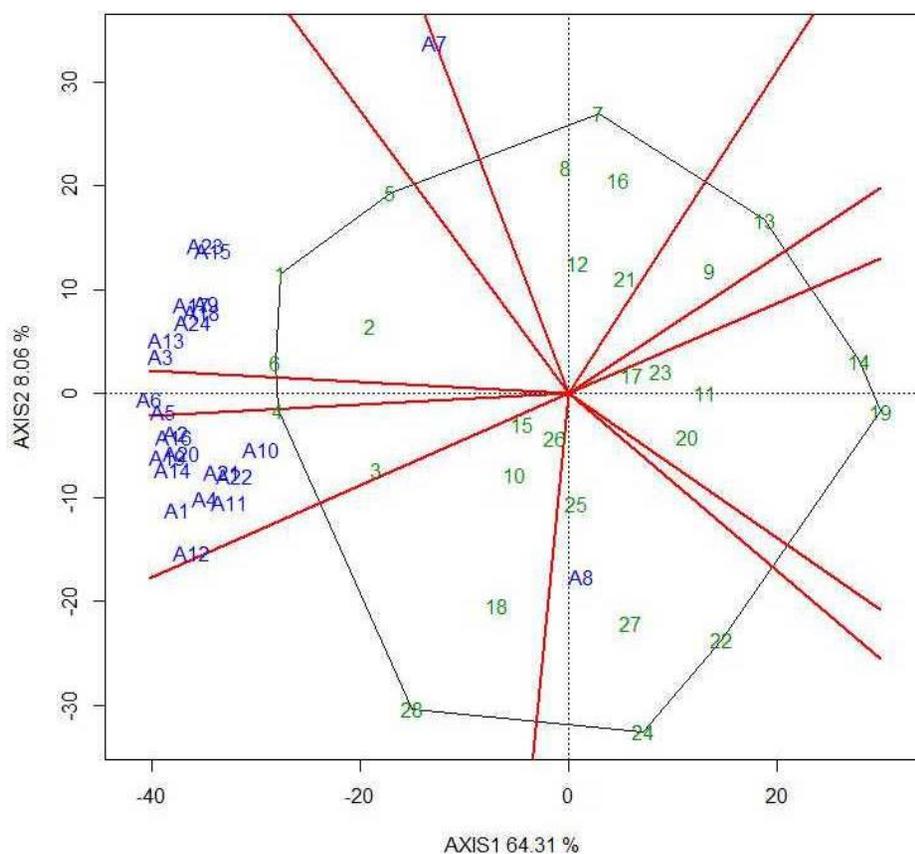
A divisão observada na FIGURA 4 foi realizada, de acordo com a variação do grupo de híbridos, em um determinado grupo de ambientes, de modo que a seguinte classificação dos grupos de ambientes foi formada: (I) A7 (Assis Chateaubriand); (II) A3, A9, A13, A15, A17, A18, A23 e A24 (Dourados/MS, Cascavel/PR, Mariluz/PR, Maripá/PR, Nova Aurora/PR, Palotina/PR, Cruzália/SP e Maracáí/SP); (III) A5 e A6 (Ponta Porã/MS e Rio Brilhante/MS); (IV) A1, A2, A4, A10, A11, A12, A14, A16, A19, A20, A21 e A22 (Amambai/MS, Caarapó/MS, Maracaju/MS, Goioerê/PR, Londrina/PR, Marechal Cândido Rondon/PR, Mariluz/PR, Mercedes/PR, Santa Helena/PR, Santa Terezinha de Itaipu/PR, São Pedro do Iguaçu/PR e Ubiratã/PR); (V) A8 (Cascavel/PR).

Os ambientes A7 e A8 são essenciais, para a condução dos ensaios de VCU PRO2, por representarem sozinhos uma região específica (FIGURA 6). Verifica-se que os ensaios de VCU devem ser conduzidos, no maior número de ambientes possível, de modo a propiciar maior acurácia na seleção e indicação para cultivo dos híbridos em fase final de avaliação.

Para o ensaio VCU HX, os 23 ambientes de avaliação foram divididos em dois grupos distintos (FIGURA 7). Os ambientes A3, A23, A13, A7, A14, A17, A16, A22, A24, A4, A20, A15, A1, A10, A18 e A5 (Dourados/MS, Cruzália/SP, Mariluz/PR, Assis Chateaubriand/PR, Nova Aurora/PR, Mercedes/PR, Ubiratã/PR, Maracáí/SP, Maracaju/MS, Santa Terezinha de Itaipu/PR, Maripá/PR, Amambai/MS, Goioerê/PR, Palotina/PR e Ponta Porã/MS) formam o agrupamento I. O agrupamento II é formado pelos ambientes A21, A12, A11, A2, A8, A19 e A9 (São Pedro do Iguaçu/PR, Marechal Cândido Rondon/PR, Londrina/PR, Caarapó/MS, Cascavel/PR, Santa Helena/PR). Os híbridos 2 (P30F53 H) e 28 (G37) apresentaram as melhores médias, para a produção de grãos nos agrupamentos I e II, respectivamente. Os híbridos 3, 4, 14, 34 e 27 são os vértices que não agruparam nenhum ambiente.

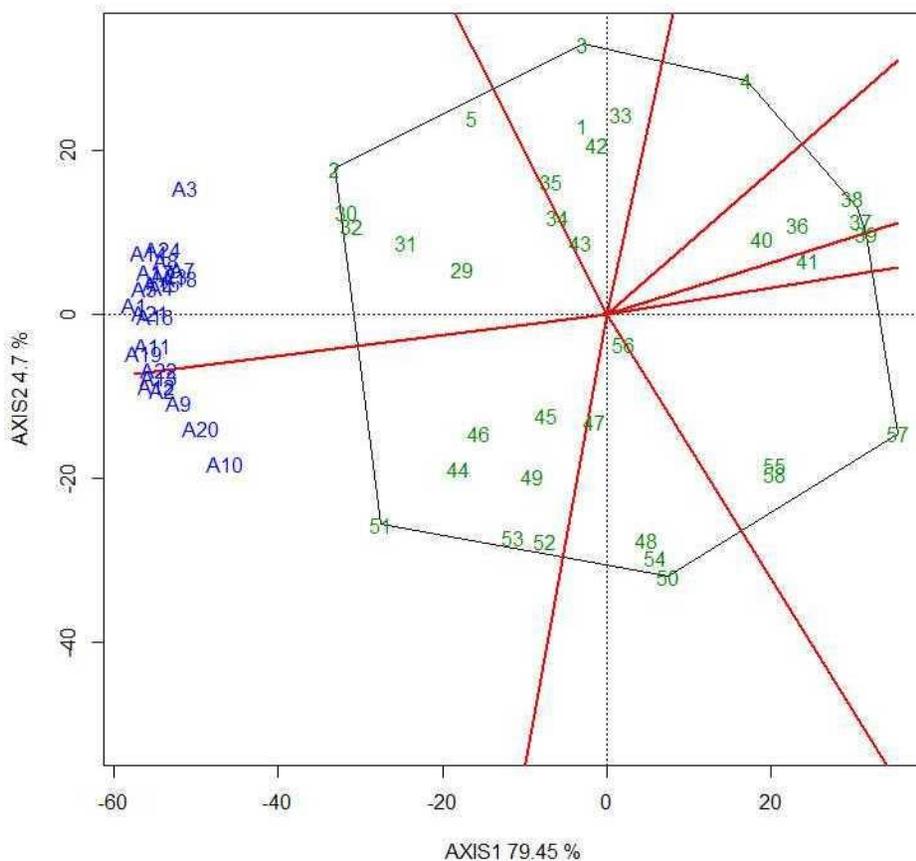
Pode-se observar que o híbrido 4 (CD 384 HX), com melhor desempenho no ensaio VCU PRO2, não apresentou consistência em seu desempenho, de modo que, no ensaio VCU HX, ele foi um dos híbridos que apresentou média baixa em um ou mais ambientes.

Figura 6 - GGE biplot “Quem venceu onde” para produção de grãos que mostra quais híbridos obtiveram melhor desempenho no ensaio VCU PRO2.



Fonte: Dados do Autor (2016)

Figura 7 - GGE biplot “Quem venceu onde” para produção de grãos que mostra quais híbridos obtiveram melhor desempenho no ensaio VCU HX.

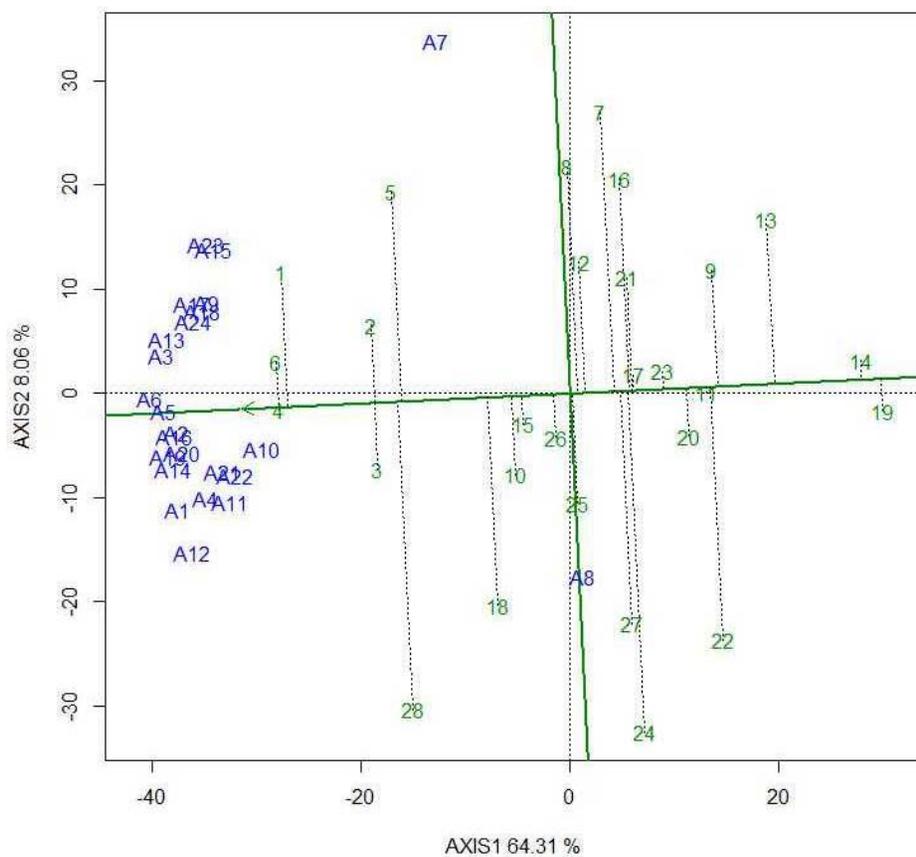


Fonte: Dados do Autor (2016)

Além de altas médias, para produção de grãos, é importante analisar a estabilidade do desempenho desses híbridos nos diferentes ambientes. O gráfico “média vs estabilidade” permite identificar os híbridos com essa característica (FIGURA 8). A linha com a seta que passa pela origem do gráfico é o eixo do ambiente médio, a seta indica o sentido de produções maiores. A linha perpendicular ao eixo do ambiente médio está relacionada à estabilidade do híbrido e quanto mais próximo o híbrido estiver desta linha maior sua

estabilidade. Na Figura 8, os híbridos do VCU PRO2, com produção de grãos acima da média, podem ser classificados seguindo a ordem: 4>6>1>2>3>5>28>18>10>15>26. Os híbridos 4 e 6 foram os mais produtivos, além disso, o híbrido 4 apresentou maior estabilidade quando comparado ao híbrido 6. O híbrido 11, também, apresentou maior estabilidade, porém a produção de grãos foi inferior à média. O híbrido que mais contribuiu para a interação foi o 24 que, além de instável, não apresentou um bom desempenho.

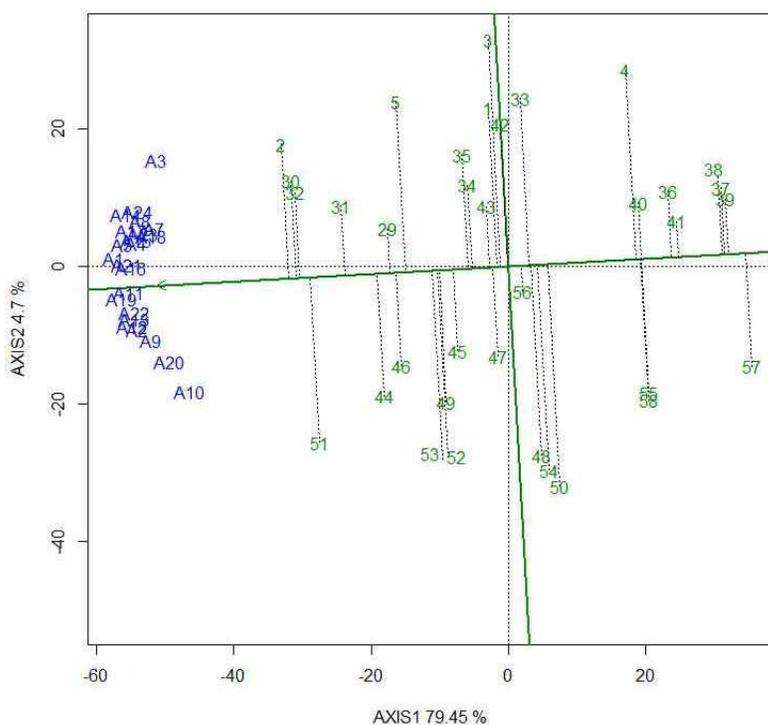
Figura 8 - GGE biplot “Média vs Estabilidade” para produção de grãos no ensaio VCU PRO2.



Fonte: Dados do Autor (2016)

A estabilidade, para os híbridos do VCU HX, pode ser observada na Figura 9. Os cinco híbridos com melhor produção de grãos (acima da média) podem ser classificados seguindo a ordem: 2>30>32>51>31. O híbrido 2 foi o mais produtivo, porém ele apresentou menor estabilidade, quando comparado ao híbrido 30 e 32, que, também, apresentaram produção acima da média (segundo e terceiro, respectivamente). Contudo os híbridos mais estáveis, para a produção de grãos, foram os 29, 56 e 41 com destaque para o híbrido 29, que, aliado à estabilidade, obteve uma produção de grãos acima da média. O híbrido que mais contribuiu para a interação foi o 3, que, mesmo com produção de grãos acima da média, não apresentou bom desempenho na maioria dos ambientes.

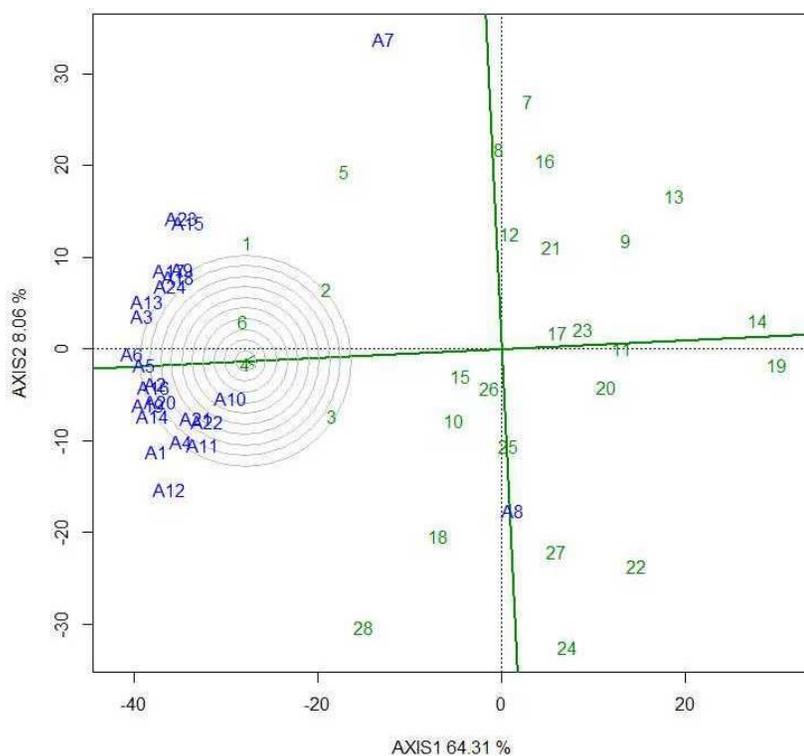
Figura 9 - GGE biplot “Média vs Estabilidade” para produção de grãos no ensaio VCU HX.



Fonte: Dados do Autor (2016)

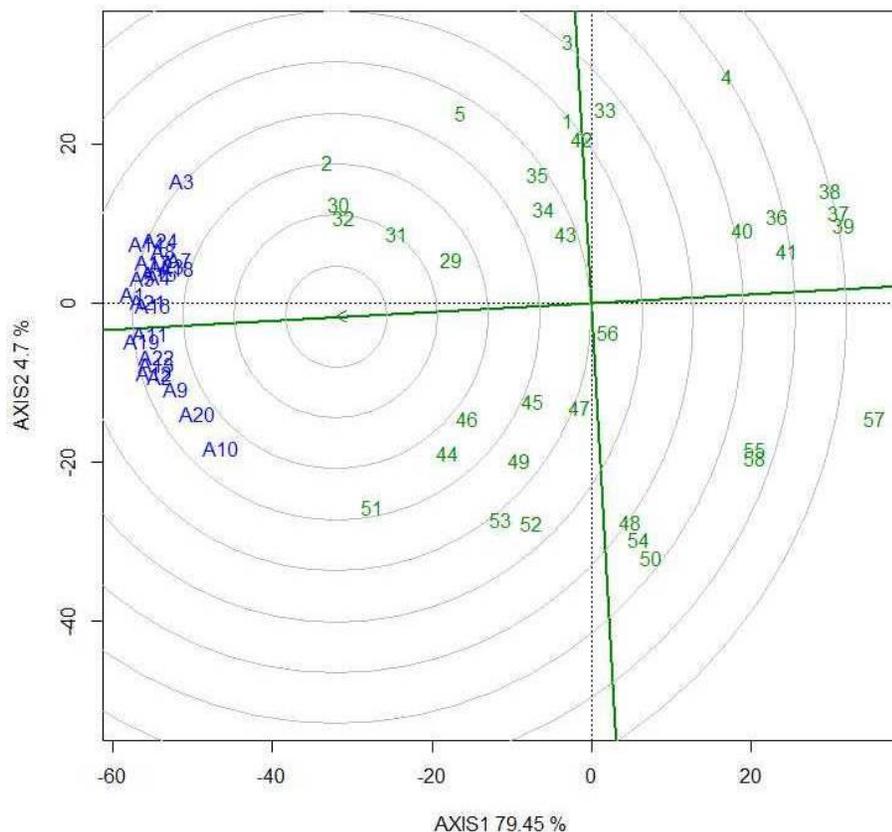
A Figura 10 mostra o ideotipo para produção de grãos, para os ensaios VCU PRO2 e HX e que está representado no centro dos círculos concêntricos. O conceito de ideotipo é utilizado, para descrever um híbrido que apresente características desejáveis, em um determinado ambiente, mas para o presente trabalho, o ideotipo seria o híbrido que apresenta alta produção de grãos e estabilidade. Desta forma, os híbridos mais próximos do centro do círculo são os mais próximos do ideal. O híbrido considerado o ideotipo, para o VCU PRO2, foi o 4, seguido dos híbridos 6, 2 e 3 (FIGURA 10). O híbrido considerado o ideotipo, para o ensaio VCU HX, foi o 32, seguido dos híbridos 30, 31 e 29 (FIGURA 11).

Figura 10 - GGE biplot que classifica os híbridos de acordo com um ideotipo para produção de grãos no ensaio VCU PRO2.



Fonte: Dados do Autor (2016)

Figura 11 - GGE biplot que classifica os híbridos de acordo com um ideotipo para produção de grãos no ensaio VCU HX.



Fonte: Dados do Autor (2016)

Conforme salientado anteriormente, o melhoramento genético tem papel preponderante no aumento da produção de grãos. Isto ocorre em virtude da sua importância, na seleção de genótipos ideais, que apresentem maior potencial produtivo, associados à alta estabilidade desta produção. Na interpretação do biplot, a maior produção de grãos pode ser associada com a maior distância da origem do biplot. A AXIS1 está relacionada com a adaptabilidade, quando a correlação com os BLUPs é igual 1 (maiores valores indicam maior adaptabilidade). Já a AXIS2 está relacionada com a estabilidade (genótipos com

menor score - valor absoluto - é o mais estável). Desse modo, os híbridos 4 e 6, no ensaio VCU PRO2 (FIGURA 10) e os híbridos 30 e 32, para o ensaio VCU HX (FIGURA 11), apresentam uma das maiores produções de grãos associado com maior estabilidade.

A utilização dos valores genéticos preditos dos indivíduos (BLUPs) tem sido cada vez mais empregada na experimentação agrícola. No que se refere aos estudos de adaptabilidade e estabilidade de genótipos, alguns trabalhos têm apontado uma melhor predição destes dois parâmetros (BALESTRE et al., 2008). No trabalho de Balestre et al. (2008), os autores tiveram como objetivos a avaliação e identificação de genótipos de arroz com maior estabilidade e adaptabilidade, por meio da utilização do método GGE Biplot, comparando a acurácia preditiva deste método, utilizando valores fenotípicos estimados e valores genotípicos preditos. Os autores concluíram que a utilização de modelos com efeitos aleatórios, para genótipos e para a interação genótipos x ambientes, tiveram maior potencial preditivo em condições de desbalanceamento.

No contexto da utilização de BLUPs, os resultados encontrados na presente pesquisa podem remeter com maior acurácia aos verdadeiros valores da adaptabilidade e estabilidade dos híbridos transgênicos. Outro fato importante a se destacar é que, na experimentação agrônômica em empresas privadas, o desbalanceamento é comum, na análise de dados, de modo que esses resultados podem favorecer o emprego do modelo GGE Biplot, na análise dos ensaios finais de avaliação e recomendação de híbridos para plantio. Os resultados encontrados na presente pesquisa evidenciam que o GGE Biplot associado a médias BLUPs podem ser utilizados, para a análise dos dados de ensaios de VCU, para identificar híbridos com maior produção de grãos, associados à maior adaptabilidade e estabilidade.

Foi observada uma grande similaridade dos ambientes de avaliação, que, de certa forma, não é uma boa opção de avaliação dos ensaios de VCU.

Observa-se que, nas fases finais de avaliação e recomendação de híbridos de milho, eles deveriam ser avaliados em um maior número de ambientes que representassem as condições reais que serão enfrentadas no campo. Desse modo, muitos recursos físicos, humanos e financeiros são dispensados para sua avaliação. Nesse sentido, a estratificação ambiental é uma análise que precisa ser realizada, visando reduzir o gasto nesse processo final de avaliação.

Na literatura existe uma vasta quantidade de artigos científicos que aprofundam a discussão sobre as vantagens da estratificação ambiental, todavia muitos deles referem-se a dados empíricos ou, então, relacionados à experimentação, em programas de melhoramento pequenos, sendo a informação útil, mas não muito aplicada ao cotidiano de grandes empresas. Um trabalho em exceção, com autoria de Oliveira et al. (2010), mostrou as vantagens da estratificação ambiental, ao analisar dados da produção de grãos de uma grande companhia. Os autores reportaram que, com a estratificação ambiental, o número de ambientes de avaliação poderia ser reduzido em 28%, o que poderia reduzir os custos com avaliação ou, então, levar ao estudo de adoção de novas áreas de avaliação, melhorando a eficiência do programa de melhoramento.

Por meio dos resultados obtidos na presente pesquisa, a tendência de redução do número de ambientes de avaliação de VCU foi observada. Desse modo, de 24 ambientes avaliados, pelo menos 5 (VCU PRO2) são indispensáveis para a discriminação eficiente dos híbridos de milho transgênicos com tecnologia PRO2. De modo análogo, para o VCU HX, dos 23 ambientes de avaliação, pelo menos 2 poderiam ser considerados, para a instalação dos ensaios finais de avaliação de híbridos pré-comerciais com tecnologia Herculex.

Para a cultura do milho, tem sido reportado que a interação genótipos x anos é mais intensa do que a interação genótipos por locais (FERREIRA et al., 2015). Por outro lado, de acordo com informações de melhoristas de milho de grandes empresas privadas (comunicação pessoal), a interação genótipos x

ambientes apresenta maior importância em relação à interação entre genótipos x anos.

5 CONCLUSÕES

A combinação entre a abordagem de modelos mistos e a análise GGE biplot é eficiente para realização de estratificação ambiental.

Houve diferença na estratificação ambiental quando utilizados dados dos VCU PRO2 e Herculex.

Os híbridos do VCU PRO2 foram agrupados em cinco estratos, diferentemente, do ensaio VCU Herculex que teve os híbridos agrupados em apenas dois estratos.

Os ambientes A6 e A19 foram os que mais discriminaram os híbridos sendo fundamentais para a avaliação.

Os híbridos 4 e 6 apresentaram melhores performances, combinando alta produção de grãos e alta estabilidade.

REFERÊNCIAS

ABOU-EL-FITTOUH, A. H.; RAWLINGS, J. O.; MILLER, P. A. Classification of environments to control genotype x environment with application to cotton. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 1, p. 135-140, 1969.

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, New York, v. 19, p. 716–723, 1974.

ARMSTRONG, C. L. et al. Field evaluation of European corn borer control in progeny of 173 transgenic corn events expressing an insecticidal protein from *Bacillus thuringiensis*. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 2, p. 550-557, June 1995.

BALESTRE, M. et al. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], v. 9, n. 3, p. 219-228, Jan. 2009.

_____. Comparison of similarity and dissimilarity genetic coefficients based on microsatellites markers. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 7, n. 4, p. 695-705, jul./ago. 2008.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002. 359 p.

_____. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 369 p.

_____. Prediction of maize single-cross performance using RFLPs and information from related hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 20-25, Apr. 1994.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasília: MAPA, 2013.

BROMLEY, C. M. et al. Estimation of genetic variance in corn from F1 performance with and without pedigree relationships among inbred lines. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 651-655, May 2000.

BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênes florestais**. 1997. 118 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade

de São Paulo, Piracicaba, 1997.

CAMARGO-BUITRAGO, I.; INTIRE, E. Q. M.; GORDÓN-MENDONZA, R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genótipos superiores de arroz em Panamá. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 9, p. 1601–1069, set. 2011.

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 571–578, 2007.

CAUWER, I. de; ORTIZ, R. Analysis of the genotype \times environment interaction in musa trials. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 34, n. 2, p. 177–188, Apr. 1998.

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.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB.
Acompanhamento da safra brasileira: grãos: nono levantamento. Brasília: Conab, 2010. 45 p.

CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA - CIB.
Informações Gerais. Portugal: CIB, 2012.

COOPER, M. et al. Predicting the future of plant breeding: complementing empirical evaluation with genetic prediction. **Crop and Pasture Science**, Victoria, v. 65, n. 4, p. 311–336, Apr. 2014.

CROSSA, J. Statistical analysis of multilocations trials. **Advances in Agronomy**, Newark, v. 44, p. 55-85, Nov. 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.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 2. ed. Viçosa: Editora da UFV. 2006. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora da UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora da UFV, 2004. 480 p.

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

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. **Sistema de produção: cultivo do milho**. Brasília: Embrapa, 2012.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman Scientific and Technical, 1996. 480 p.

FERREIRA, R. A. D. C. et al. Implications of the number of years assessment on recommendation of common bean cultivars. **Plant Breeding**, Berlin, v. 134, n. 5, p. 599–604, Oct. 2015.

FISHER, R. A.; MACKENZIE, W. A. The manurial response of different potato varieties. **Journal of agricultural Science**, Cambridge, v. 13, n. 32, p. 311–320, 1923.

FRUTOS, E.; GALINDO, M. P.; LEIVA, V. An interactive biplot implementation in R for modeling genotype-by-environment interaction. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, Berlin, v. 28, n. 7, p. 1629, Oct. 2014.

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

GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 4, p. 1488, July 2006.

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

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 1, p. 1–10, July 1988.

GAUCH JUNIOR, H. G. **Integrating additive and multiplicative models for analysis of yield trials with assessment of predictive success.** New York: Cornell University, 1985.

GAUCH JÚNIOR, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, n. 3, p. 866-889, May 2008.

GREEN, J. M. et al. The benefits of herbicide- resistant crops. **Pest Management Science**, West Sussex, v. 68, n. 10, p. 1323-1331, Oct. 2012

HENDERSON, C. R. et al. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Washington, v. 15, n. 2, p. 192–218, 1959.

HESLOT, N. et al. Integrating environmental covariates and crop modeling into the genomic selection framework to predict genotype by environment interactions. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 127, n. 2, p. 463–480, Feb. 2014.

JARQUÍN, D. et al. A reaction norm model for genomic selection using high-dimensional genomic and environmental data. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 127, n. 3, p. 595–607, Mar. 2014.

KELLY, A. M. et al. Estimation in a multiplicative mixed model involving a genetic relationship matrix. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 41, p. 33, Apr. 2009.

KEMPTON, R. A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 103, n. 1, p. 123–135, Aug. 1984.

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

LIN, C. S. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 62, n. 3, p. 277–280, Sept. 1982.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits.** Sunderland: Sinauer Associates, 1998. 980 p.

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J. M.; VAN EEUWIJK, F. A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, Lausanne, v. 4, p. 44, Mar. 2013.

MARANHA, F. G. C. B. **Estratificação ambiental para avaliação de genótipos de algodoeiro no estado de Mato Grosso**. 2005. 79 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype x environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 41, n. 1, p. 21, Jan. 2009.

MISEVIC, D. J.; DUMANOVIC, J. Examination of methods for choosing locations for preliminary maize yield testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 44, n. 1, p. 173–180, Nov. 1989.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. Wallingford: Cab International, 1996. 187 p.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, p. 7–11, 2004.

OLIVEIRA, G. V. de et al. Factor analysis in the environment stratification for the evaluation of common bean cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 5, n. 2, p. 166–173, jun. 2005.

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

PIMENTEL-GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 11. ed. São Paulo: Nobel, 1985. 466 p.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora da UFPA, 2012. 522 p.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2009. 409 p.

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

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p.

RESENDE, M. D. V. de; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, Marília, v. 22, n. 2, p. 31–52, jan. 2004.

REVERTER, A.; FORTES, M. R. S. **Genome-wide association studies and genomic prediction**. Totowa: Humana Press, 2013. 566 p.

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

RUMIN, G. C. R. **Análise da interação genótipos x ambientes assistida por marcadores moleculares em milho (*Zea mays L.*)**. 2005. 230 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

SAE-LIM, P. et al. Identifying environmental variables explaining genotype-by-environment interaction for body weight of rainbow trout (*Onchorynchus mykiss*): reaction norm and factor analytic models. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 46, n. 1431, p. 16, Feb. 2014.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches. **The Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 143, n. 6, p. 449–462, Dec. 2005.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, Washington, v. 57, n. 4, p. 1138–1147, Dec. 2001.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

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, Mar. 1978.

VON PINHO, R. G.; SILVA, H. D.; BALESTRE, M. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, Wageningen, v. 202, n. 3, p. 393–409, Apr. 2015.

WHITE, T.; HODGE, G. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 367 p.

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

_____. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643–655, Jan. 2007.

_____. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 3, p. 656–663, May 2001.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 86, n. 3, p. 623–645, 2006.

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

ANEXO A – TABELAS

Tabela 1 - Médias BLUPs dos híbridos de milho e das testemunhas para produtividade de grãos em 24 ambientes - VCU PRO2

Híbridos	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16	A17	A18	A19	A20	A21	A22	A23	A24
1	6.5	6.9	6.2	6.2	6.2	4.8	6.4	6.2	7.5	6.9	6.9	6.9	6.8	7.1	6.6	6.6	7.3	7.2	6.9	6.8	6.2	6.1	6.4	6.5
2	6.2	6.4	5.9	5.6	6.2	5.9	6.2	5.6	5.9	5.3	5.7	5.4	6.2	5.3	5.8	5.9	6.0	6.2	5.8	6.3	5.9	5.8	6.1	5.8
3	6.5	6.7	6.2	6.5	6.4	6.6	7.1	6.7	6.5	6.4	6.7	6.9	6.6	6.8	7.4	7.1	6.8	6.0	7.0	6.5	6.6	6.6	6.6	6.5
4	5.1	5.4	5.7	5.3	5.3	5.4	5.7	5.5	5.8	5.2	5.1	5.2	5.6	5.6	5.5	5.5	5.3	5.8	5.3	5.3	5.1	5.2	5.7	5.7
5	5.1	5.6	5.4	5.1	5.6	5.5	5.8	5.6	5.8	5.0	5.4	5.4	5.7	6.1	5.3	5.5	5.8	5.6	5.4	5.2	5.5	5.7	5.7	5.5
6	6.4	6.2	6.4	6.3	6.6	5.2	6.9	6.4	6.4	6.8	6.7	6.5	6.4	6.5	6.4	6.5	6.7	6.3	6.6	6.9	6.6	6.6	6.8	6.4
7	6.1	6.2	6.1	5.7	6.0	5.5	6.1	6.0	6.6	5.5	5.7	5.8	6.0	6.0	5.9	5.6	5.7	6.5	6.0	6.0	6.1	5.5	6.1	6.2
8	6.0	5.8	5.8	5.5	5.7	5.4	5.9	6.2	6.7	6.5	6.2	6.0	6.3	5.9	6.0	6.0	5.9	6.1	6.3	5.8	6.3	5.9	5.3	5.5
9	5.3	5.4	5.4	5.3	5.1	5.4	5.4	5.3	5.1	5.5	5.2	5.1	5.3	5.1	5.3	5.2	5.4	5.2	4.9	5.0	4.7	5.6	5.2	5.3
10	5.4	5.5	5.5	5.6	5.5	5.4	5.6	6.3	5.5	5.9	5.6	5.5	5.5	5.8	5.7	5.9	5.4	5.9	5.5	5.8	5.3	5.5	5.2	5.4
11	5.3	5.3	5.2	5.4	5.4	5.5	5.1	5.1	4.8	5.2	5.2	5.4	5.1	5.1	5.4	4.8	5.2	5.6	5.2	4.6	5.0	5.6	5.2	5.2
12	5.3	5.3	5.6	5.7	5.9	5.9	5.8	5.2	5.0	5.2	5.7	5.4	5.5	5.3	5.3	5.8	5.4	5.2	5.2	6.1	5.0	5.4	5.6	5.7
13	4.9	5.0	5.2	5.1	4.9	5.4	5.2	4.9	5.3	5.4	4.8	5.0	4.6	4.7	5.0	5.1	5.3	5.2	5.1	4.7	5.2	5.5	5.3	5.1
14	4.5	4.5	4.6	4.9	4.6	5.2	4.2	4.4	4.3	4.1	4.2	4.5	4.7	4.4	4.3	4.3	4.4	4.2	4.4	4.4	4.8	4.3	4.6	4.5
15	5.7	5.7	5.5	5.4	5.6	5.4	5.8	5.8	5.4	5.5	5.0	5.7	5.9	5.9	5.5	5.7	5.8	5.3	5.6	5.8	5.8	5.5	5.5	5.3
16	5.1	4.6	5.5	5.5	5.1	5.5	5.7	5.4	5.8	5.5	5.2	5.2	5.6	5.3	5.6	5.3	5.4	5.3	5.2	5.2	5.6	5.2	5.6	5.6
17	5.3	5.5	5.4	5.5	5.4	5.5	5.3	5.0	4.9	5.3	5.1	5.2	5.0	5.4	5.2	5.5	5.3	5.2	5.6	5.6	5.4	5.6	5.8	5.6
18	5.8	5.6	5.6	5.8	5.6	5.7	5.2	5.7	5.4	5.8	5.4	5.5	5.5	5.7	5.4	6.0	5.3	5.4	6.1	5.6	5.1	5.7	5.9	5.9
19	3.9	4.3	4.6	4.5	4.4	5.3	4.0	4.2	4.3	4.4	4.4	4.2	4.1	4.0	3.9	3.7	3.9	4.0	3.9	4.1	4.0	4.2	4.2	3.8
20	5.4	5.4	5.2	5.3	5.3	5.4	5.1	5.1	5.2	5.5	5.7	5.5	4.8	5.2	5.6	5.0	5.5	5.1	5.0	5.0	5.5	5.0	5.2	5.0
21	5.4	5.4	5.3	5.5	5.3	5.6	5.6	5.1	5.1	5.5	5.4	5.3	5.6	5.3	5.5	5.3	5.7	4.9	5.3	5.2	4.9	5.4	5.6	5.6
22	5.2	5.1	5.3	5.5	5.1	5.5	5.0	5.6	5.2	5.1	5.5	5.2	4.9	5.1	4.7	5.2	4.6	4.9	5.1	5.8	5.8	5.6	5.0	5.0
23	5.2	5.0	5.3	5.4	5.3	5.6	5.3	5.2	5.5	5.7	5.6	5.2	5.6	5.2	5.4	5.4	5.1	5.4	4.7	5.1	5.4	5.1	5.1	5.5
24	5.3	5.6	5.3	5.5	5.5	5.6	4.5	5.5	5.2	5.3	5.5	5.5	5.3	5.6	4.8	5.4	5.1	5.0	5.6	5.4	5.3	5.5	4.9	5.3
25	5.8	5.5	5.5	5.4	5.5	5.8	5.1	5.8	5.4	5.3	5.4	5.3	5.5	5.4	5.6	5.6	5.9	5.8	5.1	4.8	5.3	5.5	5.4	5.7
26	6.0	5.1	5.6	5.3	5.6	5.7	5.4	5.4	5.3	5.2	4.9	5.6	5.6	5.6	5.7	5.3	5.5	5.5	5.8	5.5	6.0	5.6	5.5	5.4
27	5.4	5.2	5.3	5.5	5.3	5.4	5.3	5.3	5.1	5.5	5.8	5.8	5.4	5.5	5.3	5.7	5.2	5.6	5.5	5.5	5.5	5.4	5.1	5.4
28	6.1	5.7	5.8	6.0	6.1	5.7	5.4	5.8	5.4	5.7	6.1	6.0	5.7	5.9	5.4	5.5	5.9	5.4	6.1	6.3	6.2	5.8	5.8	5.9

Tabela 2 - Médias BLUPs dos híbridos de milho e das testemunhas para produtividade de grãos em 23 ambientes - VCU HX.

Híbrido	A1	A2	A3	A4	A5	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16	A17	A18	A19	A20	A21	A22	A23	A24
1	6.6	6.7	6.6	6.6	6.5	6.6	6.5	6.6	7.0	6.8	6.6	5.8	6.8	6.4	6.3	6.8	6.2	6.9	6.5	6.1	6.1	6.4	6.6
2	5.9	5.6	6.2	6.0	6.1	5.8	5.9	6.0	5.7	5.8	5.9	5.9	6.1	5.7	5.7	5.8	5.8	6.0	6.0	6.5	5.8	5.7	5.8
3	6.4	6.6	6.4	6.3	6.4	6.6	6.2	6.2	6.4	6.5	6.3	6.4	6.6	7.4	6.7	6.5	6.1	6.7	6.2	6.4	5.8	7.0	6.7
4	5.4	5.1	5.5	5.2	5.5	5.7	5.6	5.7	5.0	5.5	5.5	5.3	5.7	5.7	5.5	6.2	5.4	5.5	5.2	5.5	5.6	5.9	5.7
5	5.7	5.8	5.8	5.7	5.6	4.9	5.6	5.6	5.6	6.1	5.7	5.7	5.5	5.7	5.8	5.5	5.5	5.6	5.6	6.1	5.6	5.9	6.0
29	5.6	5.6	5.4	6.0	5.3	5.7	5.7	5.5	5.5	5.6	6.1	5.6	5.6	5.4	6.0	5.4	5.8	5.6	5.9	5.8	5.7	5.4	5.7
30	5.7	5.9	5.7	5.8	5.7	5.6	5.5	5.6	5.1	5.5	5.7	5.8	5.5	5.9	5.5	6.0	5.6	5.4	5.4	5.6	5.4	6.1	5.7
31	5.3	4.6	5.4	4.9	5.4	5.3	4.7	5.1	5.1	4.9	4.9	5.0	5.2	5.3	5.3	5.4	5.6	5.3	4.9	5.0	5.3	5.2	5.1
32	5.9	6.2	5.7	5.9	5.8	6.4	5.7	6.2	6.4	6.1	5.4	6.0	6.5	5.8	5.8	6.2	5.7	6.4	6.3	5.9	6.0	5.8	5.4
33	6.5	6.6	6.5	6.4	6.5	6.3	6.4	6.1	6.7	6.7	6.3	6.9	7.2	6.8	7.0	6.4	7.4	7.0	6.4	6.7	5.8	6.3	6.4
34	6.1	6.1	5.8	5.9	5.9	6.1	6.2	6.2	6.2	6.7	6.3	6.4	6.2	6.0	6.3	6.2	5.9	6.2	6.0	5.8	5.8	6.2	6.3
35	5.9	6.0	5.9	5.5	6.1	6.2	5.5	5.6	5.5	5.6	5.5	5.8	5.6	6.2	5.8	5.4	5.5	5.6	5.5	5.6	5.6	5.5	5.8
36	5.0	4.8	5.2	4.9	5.2	4.6	5.1	5.0	4.8	4.8	5.2	5.0	4.7	5.4	5.0	5.0	4.9	4.9	4.7	5.2	4.9	4.9	4.8
37	4.5	4.7	4.8	4.7	4.5	4.7	4.3	4.5	4.4	4.0	4.4	4.5	4.4	4.1	4.5	4.3	4.2	4.2	4.1	4.4	4.9	4.4	4.2
38	4.5	4.3	4.8	4.6	4.7	4.7	4.6	4.5	4.3	4.6	4.3	4.2	4.8	4.1	4.4	4.3	4.3	4.4	4.5	4.3	4.9	4.4	4.7
39	4.1	4.5	4.6	4.4	4.7	4.3	4.9	4.5	3.9	4.1	4.3	4.4	4.5	4.2	4.4	4.2	4.2	4.3	4.1	4.7	5.0	4.2	4.5
40	5.2	4.9	5.2	5.1	5.3	5.5	5.4	4.7	4.8	5.4	5.0	4.9	5.0	5.2	5.1	5.1	5.4	5.3	5.0	5.2	5.2	5.1	5.2
41	4.7	4.7	5.0	4.7	4.9	4.8	5.4	4.8	4.7	5.0	4.6	5.0	4.9	4.6	4.7	5.0	5.2	4.8	4.7	4.7	5.2	5.2	4.8
42	5.8	5.6	5.8	5.8	5.6	5.8	6.1	5.4	5.1	5.6	5.4	5.5	5.6	5.6	5.2	5.6	5.8	5.3	5.5	5.7	5.4	5.7	6.0
43	5.6	5.3	5.8	5.7	5.7	6.0	5.9	5.6	5.8	5.5	5.4	5.7	5.7	5.6	5.4	5.6	5.9	5.4	5.5	5.6	5.6	5.8	5.5
44	5.8	6.0	5.7	5.7	5.7	5.6	6.1	6.0	6.0	6.1	6.5	6.2	5.9	5.8	6.0	5.9	6.0	6.1	6.5	5.8	6.0	6.1	5.7
45	5.9	6.0	5.5	5.8	5.6	5.6	5.5	5.5	6.0	5.6	6.2	5.7	5.8	5.6	5.5	5.7	6.0	5.9	5.9	5.8	5.5	5.7	5.7
46	5.9	6.3	5.6	5.8	5.8	5.9	5.7	5.5	5.8	5.7	6.0	6.2	5.9	5.7	5.8	5.6	6.2	5.8	6.8	6.0	6.1	5.8	6.0
47	5.4	5.4	5.5	5.7	5.6	6.1	5.6	5.8	6.4	5.8	5.8	5.5	5.6	5.9	5.8	5.5	5.4	5.6	5.4	5.3	5.4	5.7	5.5
48	5.3	5.5	5.2	5.5	5.3	5.8	5.4	5.7	6.1	5.6	5.8	5.5	5.3	5.6	5.3	5.2	5.2	5.8	5.9	5.5	5.4	5.7	5.3
49	5.8	5.7	5.4	5.7	5.8	5.7	5.9	6.6	5.7	5.5	6.1	5.4	5.5	6.1	6.1	5.6	5.9	6.1	6.1	5.9	5.5	5.9	5.7
50	5.3	5.9	5.3	5.7	5.4	5.3	5.0	5.7	6.1	5.3	5.5	6.0	5.1	5.4	5.3	5.2	5.6	5.3	5.1	5.4	5.6	5.5	5.3
51	6.3	6.2	5.9	6.2	6.1	6.0	6.1	6.2	6.6	6.1	6.6	6.3	6.4	5.9	6.7	6.6	5.8	6.3	6.5	6.3	6.2	6.2	6.4
52	5.8	5.9	5.5	5.9	5.7	5.6	5.5	5.6	5.9	5.9	6.1	5.8	5.6	5.7	5.7	5.8	5.7	5.9	6.3	5.9	5.8	5.6	5.7
53	5.8	5.7	5.6	5.6	5.7	5.8	5.7	6.0	5.8	5.9	5.9	6.1	5.3	5.9	6.0	5.6	5.8	5.8	6.0	6.0	5.8	5.3	5.7
54	5.6	5.9	5.5	5.7	5.2	5.1	5.2	5.8	5.5	5.8	5.4	5.5	5.4	5.1	5.2	5.6	5.3	5.4	5.7	5.2	5.7	5.7	5.3
55	5.0	5.2	5.2	5.1	5.0	5.4	5.4	5.3	5.5	5.0	4.7	5.2	5.2	5.0	4.9	5.3	5.0	5.1	4.8	4.8	5.0	4.9	5.0
56	5.8	5.1	5.8	5.5	5.6	5.3	5.7	5.2	5.5	5.3	5.3	5.4	5.8	5.4	5.9	5.8	5.8	5.3	5.5	5.7	5.5	5.5	5.8
57	4.0	4.0	4.3	4.0	4.1	4.0	4.4	4.1	3.7	3.9	3.9	3.8	3.8	4.2	3.7	3.9	3.8	3.6	3.7	4.1	4.8	4.1	4.1
58	5.1	5.0	5.3	5.3	5.3	4.8	5.1	5.3	4.7	5.0	4.9	5.4	4.9	5.1	4.9	5.2	5.3	4.6	5.3	4.9	5.2	4.8	5.4