



CICERO CORDEIRO PINHEIRO

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL EM MILHO POR MEIO DE
REDES DE SIMILARIDADE**

**LAVRAS - MG
2024**

CICERO CORDEIRO PINHEIRO

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL EM MILHO POR MEIO DE REDES DE
SIMILARIDADE**

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

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho
Orientador

**LAVRAS- MG
2024**

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

Pinheiro, Cicero Cordeiro.

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL EM MILHO POR MEIO
DE REDES DE SIMILARIDADE / Cicero Cordeiro Pinheiro. -
2024.

65 p. : il.

Orientador(a): Renzo Garcia Von Pinho.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2024.

Bibliografia.

1. Análise gráfica. 2. *Zea mays* L. 3. Mega-ambientes. I. Von
Pinho, Renzo Garcia. II. Título.

CICERO CORDEIRO PINHEIRO

**ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL EM MILHO POR MEIO DE REDES DE
SIMILARIDADE**

**ENVIRONMENTAL STRATIFICATION IN CORN THROUGH SIMILARITY
NETWORKS**

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

APROVADO em 27 de março de 2024.
Dr. Renzo Garcia Von Pinho – UFLA
Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves – UFLA
Dr. Silvério de Paiva Freitas Júnior – UFCA

Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho
Orientador

**LAVRAS- MG
2024**

AGRADECIMENTOS

Agradecer é reconhecer que não teria alcançado esse marco sozinho. Agradeço profundamente a todos os amigos, instituições e agências de fomento que contribuíram para essa conquista.

Agradeço a Deus por ter me fornecido toda a força e sabedoria necessárias ao longo dessa jornada.

À minha família: meus pais, Ivan Alves e Maria Jucilene, expresso minha profunda gratidão por seu constante apoio e pelos sábios conselhos que sempre me guiaram desde o início. Aos meus amados irmãos, Jucivânia, Felipe e Julyana, agradeço por todo o companheirismo e apoio inabalável.

Aos queridos amigos que tornaram minha jornada de mestrado mais leve: a Israel Felipe por sua dedicação e companheirismo, os quais me fizeram sentir verdadeiramente acolhido em Lavras. Sua presença calorosa foi importante nos momentos desafiadores. A Karla Carvalho, expresso minha gratidão pela sabedoria, animação e coragem que compartilhou comigo. Sua inspiração foi uma luz constante, motivando-nos a jamais desistir, mesmo diante das dificuldades. E a Ricardo Cardozo, meu sincero agradecimento pela sua expertise e animação, que trouxeram uma descontração tão necessária aos nossos dias.

Ao meu estimado amigo MSc. Nino Torquato, quero expressar minha sincera gratidão por sua inestimável contribuição, apoio e amizade ao longo desta jornada. Sua prontidão em oferecer ajuda sempre que necessário foi um verdadeiro alicerce para mim.

Agradeço ao Núcleo de Estudos de Genética e a todos os colegas do núcleo: Alex Naves, Ana Damasceno, Andreza Rafaely, Brena Kelly, Gabriela Ferraz, Henrique Ribeiro, Kátia de Andrade, Lenin Barros, Leonardo Oliveira, Lorena Queiróz, Mariana Andrade, Rafael Miranda. Por contribuírem com o crescimento do nosso programa.

Aos amigos que Lavras me proporcionou, em especial a Lucas de Aguiar, agradeço por compartilhar momentos memoráveis e por me apresentar às belezas de Minas Gerais. À Dra. Aline do Amaral Leite e ao Dr. Arnon Afonso de Souza Cardoso, que gentilmente me acolheram em Lavras durante o início do mestrado, expresso minha sincera gratidão.

Ao meu orientador, Dr. Renzo Garcia Von Pinho por todo aprendizado e orientações.

Ao meu amigo e membro da banca, Dr. Silvério de Paiva Freitas Júnior, expresso meu profundo apreço por seu apoio, incentivo e orientação durante toda a jornada acadêmica. Admiro não apenas suas habilidades profissionais, mas também sua generosidade e amizade sincera.

À Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves, membro da banca avaliadora, expresso minha gratidão por ser uma fonte inspiradora no campo do melhoramento de plantas. Suas aulas inspiradoras me aproximaram ainda mais dessa área.

Ao programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, representada pelo coordenador Dr. José Airton Rodrigues Nunes, agradeço por seu constante apoio e contribuição para o crescimento do programa. Aos demais professores do programa, meu sincero agradecimento por todo o conhecimento compartilhado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001. E à Universidade Federal de Lavras, pela formação sólida, gratuita e de excelência.

A todos que de alguma forma contribuíram e não foram mencionados, meu mais profundo agradecimento por tudo que fizeram e representaram em minha jornada acadêmica.

INDICADORES DE IMPACTO

A avaliação do desempenho de híbridos de milho em diferentes ambientes é crucial para entender seu comportamento e maximizar sua produtividade. Esta pesquisa visa caracterizar e quantificar os resultados dessa avaliação em um mega-ambiente da cultura do milho, buscando identificar áreas com desempenho semelhante para otimizar recursos financeiros e humanos, ao buscar a estratificação desse mega-ambiente. O estudo se enquadra na quinta área temática da Política Nacional de Extensão, "meio ambiente", pois busca entender o desempenho dos híbridos de milho em uma importante área produtora, contribuindo para a preservação dos ecossistemas ao evitar a expansão de áreas agrícolas. Além disso, conecta-se ao oitavo Objetivo de Desenvolvimento Sustentável da ONU, "trabalho decente e crescimento econômico", promovendo o crescimento econômico sustentável ao oferecer emprego produtivo para produtores e impulsionar o setor agrícola. Os grupos populacionais impactados são os produtores de milho do Centro-Oeste, Sul e Sudeste do Brasil, que são os maiores produtores de milho no país. O estudo beneficia diretamente esses produtores, bem como empresas de melhoramento genético e grandes empresas produtoras de milho. O caráter extensionista desta pesquisa é evidente, pois envolve parcerias com produtores, empresas e instituições do setor agrícola. O conhecimento gerado é compartilhado com a sociedade externa à UFLA, contribuindo para o desenvolvimento sustentável da região e fornecendo soluções para os desafios enfrentados pelos produtores de milho. A pesquisa sobre o desempenho de híbridos de milho em um mega-ambiente da cultura não só fornece entendimento para os produtores e empresas do setor agrícola, mas também contribui para a preservação do meio ambiente e o crescimento econômico regional. Ao alinhar-se com os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável da ONU, essa pesquisa demonstra o impacto positivo que a ciência pode ter na promoção de um futuro mais sustentável e próspero.

RESUMO

A complexidade das interações genótipos por ambientes impõe desafios à identificação de ambientes propícios ao desempenho consistente de híbridos de milho (*Zea mays* L.). Este aspecto é crucial para o sucesso dos programas de melhoramento, que dependem da capacidade de fornecer híbridos com rendimento otimizado em diversas condições ambientais. Nesse contexto, a hipótese central deste estudo sugere que híbridos de milho exibem variações significativas de desempenho em diferentes regiões, embora seja possível identificar padrões semelhantes. Esta identificação é de grande relevância, reduzindo a necessidade de extensos ensaios e otimizando investimentos e recursos humanos. Portanto, esta pesquisa objetiva identificar estratos ambientais usando a técnica GGE biplot integrada a redes de similaridade. Busca-se identificar regiões que proporcionem desempenho semelhante para os híbridos de milho, visando não apenas reduzir a necessidade de ensaios extensivos, mas também otimizar a alocação eficiente de recursos. A metodologia envolveu a avaliação de dados de produção de 759 híbridos em 114 experimentos conduzidos no Estado de Minas Gerais ao longo de três safras. Os experimentos foram realizados em delineamento de blocos casualizados e de blocos incompletos. A análise dos dados foi conduzida integrando a metodologia GGE biplot e redes de similaridade em cinco etapas distintas. Os resultados da análise de variância indicaram a existência de diferentes mega-ambientes na região estudada, destacando a importância da estratificação ambiental. O uso de redes de similaridade permitiu observar padrões ambientais. A estratificação ambiental, baseada na análise gráfica com a integração do GGE biplot e redes de similaridade, revelou-se eficaz na identificação de estratos ambientais. Essa abordagem proporcionou percepções valiosas sobre a diversidade ambiental e a formação de grupos homogêneos de ambientes, possibilitando uma tomada de decisão mais precisa na seleção de locais representativos para testes de híbridos. Ao considerar padrões de similaridade, a análise permitiu detectar estratos nos quais diferentes conjuntos de híbridos apresentam respostas semelhantes à produção. Essa abordagem destaca-se como uma ferramenta promissora para otimizar a alocação de recursos em programas de melhoramento de milho.

Palavras-chave: análise gráfica; *Zea mays* L.; mega-ambientes.

ABSTRACT

The complexity of genotype by environment interactions poses challenges to identifying environments conducive to consistent performance of maize hybrids (*Zea mays* L.). This aspect is crucial for the success of breeding programs, which rely on the ability to provide hybrids with optimized yields in diverse environmental conditions. In this context, the central hypothesis of this study suggests that maize hybrids exhibit significant performance variations in different regions, although it is possible to identify similar patterns. This identification is of great relevance, reducing the need for extensive trials and optimizing investments and human resources. Therefore, the research objective is to identify environmental strata using the GGE biplot technique integrated with similarity networks. The aim is to identify regions that provide similar performance for maize hybrids, aiming not only to reduce the need for extensive trials but also to optimize the efficient allocation of resources. The methodology involved evaluating production data from 759 hybrids in 114 experiments in the state of Minas Gerais over three harvests. A randomized block design and incomplete block design were used, integrating the GGE biplot methodology and similarity networks in five distinct steps. The results of the analysis of variance indicated the existence of different mega-environments in the studied region, highlighting the importance of environmental stratification. The use of similarity networks allowed observing environmental patterns. Environmental stratification, based on graphical analysis integrating the GGE biplot and similarity networks, proved effective in identifying environmental strata. This approach provided valuable insights into environmental diversity and the formation of homogeneous groups of environments, enabling more precise decision-making in selecting representative locations for hybrid testing. By considering similarity patterns, the analysis allowed detecting strata in which different sets of hybrids exhibit similar production responses. This approach stands out as a promising tool to optimize resource allocation in maize breeding programs.

Keywords: graphical analysis; *Zea mays* L.; mega-environments.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	Aspectos botânicos do milho.....	12
2.2	Panorama da produção de milho	13
2.3	Manejo agrônômico.....	14
2.4	Híbridos de milho	15
2.5	Interação genótipos por ambientes	16
2.6	Estratificação ambiental	17
2.6.1	Método GGE biplot	18
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1	Base de dados	20
3.2	Estratificação ambiental por meio da integração GGE biplot e redes de similaridade.....	23
3.2.1	1° ETAPA: Análise de variância.....	23
3.2.2	2° ETAPA: Gráficos GGE biplot	24
3.2.3	3° ETAPA: Matriz de coincidência.....	24
3.2.4	4° ETAPA: Redes de similaridade	25
3.2.5	5° ETAPA: Similaridade média entre os estratos formados	26
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
4.1	Análise GGE biplot	27
4.2	Redes de similaridade	27
5	CONCLUSÕES	36
	REFERÊNCIAS.....	37
	APÊNDICES	42

1 INTRODUÇÃO

A complexidade das interações genótipos por ambientes (GxA) dificulta a identificação de ambientes onde híbridos de milho (*Zea mays* L.) apresentam desempenho semelhante. Esse desempenho é crucial para o sucesso dos programas de melhoramento da cultura do milho, que está intrinsecamente ligado à capacidade de fornecer híbridos com desempenho superior, garantindo rendimentos otimizados em diversas condições ambientais (González-Barrios; Díaz-García; Gutiérrez, 2019; Yan, 2021).

Identificar áreas com desempenho semelhante é uma alternativa, que implica em reduzir o número de locais de teste, otimizando recursos financeiros e humanos (Yan, 2015). No entanto, as condições únicas de cada região demandam a testagem de híbridos em diversas localidades, ressaltando a necessidade de controle da variabilidade ambiental. Diante do contexto global de mudanças climáticas, que a redução prevista de 20 a 45% na produção de milho até 2100 (FAO, 2015), destacando a urgência de estratégias sustentáveis, e o melhoramento de plantas emerge como resposta essencial (Ansarifar; Ashavizadegan; Wang, 2020; Khaki; Khalilzadeh; Wang, 2020).

Com a crescente demanda por milho, a identificação de linhagens parentais de alto rendimento torna-se crucial para aprimorar a produtividade da cultura (Mukri *et al.*, 2022). No entanto, desafios na avaliação do desempenho dos híbridos, especialmente na interação GxA, que necessitam de mais pesquisas para capitalizar essa interação (Leon *et al.*, 2016).

Para realização desses estudos, são avaliadas diversas safras, milhares de híbridos em diferentes ensaios e diferentes conjuntos de genótipos, levando a conjuntos de dados incompletos. Obtendo dados desbalanceados, que dificulta a análise de dados plurianuais com consistência (Pereira *et al.*, 2022; Yan; Nilsen; Beattie, 2023).

A questão de métodos para lidar com dados desbalanceados se destaca, especialmente ao selecionar híbridos adaptados a mega-ambientes (Pereira *et al.*, 2022). Tendo em vista que a utilização de locais de teste que não sejam representativos do mega-ambiente é um desperdício de recursos e pode ser enganosa (Yan, 2015). Uma alternativa viável é utilização de subconjuntos balanceados de genótipos permitindo que dados plurianuais sejam avaliados (Yan, 2015).

Diante dos desafios enfrentados, a hipótese central deste estudo sugere que os híbridos de milho demonstrem variações significativas em seu desempenho quando cultivados em diferentes regiões, embora seja possível encontrar regiões que compartilhem padrões

semelhantes de desempenho. A identificação destas áreas similares possui implicações valiosas, uma vez que está associada à redução significativa tanto das redes de ensaios quanto dos investimentos financeiros e recursos humanos necessários para conduzir pesquisas extensivas.

Nesse contexto, o objetivo desta pesquisa é identificar estratos ambientais. Com o propósito de detectar regiões que proporcionem desempenho similar para híbridos de milho. Essa abordagem visa não apenas reduzir a necessidade de ensaios extensivos para a cultura, mas também otimizar a alocação eficiente de recursos, conferindo maior eficácia ao processo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos botânicos do milho

O milho é uma espécie de ciclo anual pertencente à ordem Poales, família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribu Maydeae, gênero *Zea*, espécie *Zea mays* L., (Silva *et al.*, 2021). É uma espécie alógama, e monoica, o que significa que cada planta possui flores separadas, com inflorescências femininas nas axilas das folhas (espigas) e inflorescências masculinas na extremidade superior (panículas) (EMBRAPA, 2017).

Além da monoecia, a alogamia é favorecida por um mecanismo denominado de protandria, que corresponde a maturação das anteras antes dos pistilos, fazendo com que a deiscência das anteras e à dispersão de grãos de pólen ocorra dois a três dias antes da emissão dos estilos-estigmas (Borém; Miranda, 2013; Lima, 2006).

O ciclo de desenvolvimento do milho inicia-se com a germinação e emergência da plântula, nutrida inicialmente pelas reservas da semente. Após o estabelecimento, a planta desenvolve a estrutura foliar com folhas alternadas a cada nó, diferenciando-se a partir do ponto de crescimento (EMBRAPA, 2017).

A mudança brusca no ponto de crescimento ocorre com a diferenciação do primórdio da inflorescência masculina (pendão), seguida pela inflorescência feminina (espiga) sete a dez dias depois, quando a planta tem de 11 a 12 folhas expandidas. O período da diferenciação do pendão até o florescimento dura de cinco a seis semanas, coincidindo com o surgimento das raízes braçais nos nós inferiores acima do solo (EMBRAPA, 2017).

Atingindo a fase reprodutiva, de 10 a 12 dias posteriores ao aparecimento do pendão, quando os estilos-estigmas estão visíveis, ocorrendo a polinização com os grãos de pólen entrando em contato com um dos estilos-estigmas (EMBRAPA, 2006). Na espiga pode haver a formação de 700 a 1000 óvulos, a partir da fecundação dos óvulos a planta levará, aproximadamente, 60 dias até a maturação fisiológica. Quando ocorre o máximo acúmulo de massa seca nos grãos (EMBRAPA, 2017).

Botanicamente, o grão é um fruto, denominado cariopse, em que o pericarpo está fundido com o tegumento da semente propriamente dito. Conforme características morfológicas o grão pode ser classificado como: dentado, duro, farináceo, pipoca e doce (EMBRAPA, 2017; EMBRAPA, 2006).

As espiguetas femininas soldam-se a um eixo comum em que várias ráquis estão reunidas formando o sabugo. Toda essa inflorescência é protegida por brácteas (palha) formando a espiga que através do pedúnculo conecta-se ao caule do tipo colmo. A planta atinge em média 2 metros, apresentando na sua extremidade superior a inflorescência masculina, com as espiguetas masculinas reunidas em espigas verticais terminais (Silva *et al.*, 2021; Zancanari, 2019).

2.2 Panorama da produção de milho

De acordo com os dados obtidos pelo *Agricultural Market Information System* (AMIS, 2023), a produção global na safra 2022/23, correspondente à safra 2021/22 no Brasil, atingiu a marca de 1,16 bilhão de toneladas. Os principais protagonistas desta produção foram os Estados Unidos da América (EUA), liderando com 348,75 milhões de toneladas, seguidos pela China, com 277,20 milhões de toneladas e do Brasil, com 113,13 milhões de toneladas (AMIS, 2023).

Essa produção se deu em uma área de 204,53 milhões de hectares. Liderado pela China com 43,05 milhões de hectares, seguido por EUA com 32,05 milhões de hectares e pelo Brasil, que deteve 21,58 milhões de hectares (AMIS, 2023).

A produtividade média global atingiu 5,69 toneladas por hectare. A Turquia liderou com uma produtividade excepcional de 13,26 toneladas por hectare, seguida por EUA, com 10,88 toneladas por hectare, e o Canadá, com 9,92 toneladas por hectare. O Brasil ocupou a 16ª posição, registrando uma produtividade de 5,24 toneladas por hectare (AMIS, 2024).

No Brasil, a produção de milho abrange duas safras distintas: a safra de verão, conhecida como "safra", com semeadura entre setembro e dezembro, predominantemente nas regiões sul e sudeste; e a safra de inverno, denominada "safrinha", com semeadura de janeiro a abril, sendo as regiões Centro-Oeste e Sul as principais produtoras. A partir da safra 2018/19, avanços tecnológicos e investimentos em sistemas de irrigação viabilizaram uma terceira safra de inverno nas regiões Nordeste e Norte, em que o plantio ocorre de abril a junho (CONAB, 2024; AEGRO, 2022).

Na safra de grãos 2022/23 de milho, a produção total do Brasil atingiu 131,892 milhões de toneladas, representando um aumento de 14,23% em relação à safra anterior. Com um incremento de 3,09% na área plantada, alcançando 22.269,2 hectares, e um aumento expressivo de 11,49% na produtividade nacional (CONAB, 2024).

Os destaques em produtividade foram observados em Santa Catarina (8.164 kg/ha), Mato Grosso (6.898 kg/ha) e Roraima (6.720 kg/ha), superando a média nacional de 5.923 kg/ha (CONAB, 2024).

Quanto à produção, está concentrada nas Regiões Sul, Centro-Oeste e Sudeste, respondendo por 87/10% da produção nacional na safra 2022/23. Mato Grosso desponta como o principal produtor, contribuindo com 38,9% da produção nacional, seguido pelo Paraná (14,0%), Mato Grosso do Sul (9,9%) e Goiás (9,6%) (CONAB, 2024).

2.3 Manejo agrônômico

Por se tratar de uma planta de origem tropical, o milho necessita durante a fase vegetativa adequada disponibilidade hídrica. É cultivado em regiões com precipitação variando de 300 a 5.000 mm anuais, com 600 mm a quantidade média de água consumida por uma lavoura de milho durante o seu ciclo. Os períodos de maiores exigências de água são nas fases de emergência, florescimento e formação do grão (EMBRAPA, 2006; Fancelli, 2015).

A temperatura do solo na ocasião da sementeira, deverá ser superior a 18° C, durante o período vegetativo a temperatura do ar deverá variar entre 25°C e 30°C. A radiação solar é um importante fator ambiental que afeta o crescimento da raiz, parte aérea e a produtividade de grãos, favorece os processos de fotossíntese, respiração, transpiração e evaporação (Fancelli, 2015; Guo *et al.*, 2020).

Trata-se de uma espécie com elevadas demandas nutricionais, requerendo cuidados no manejo das propriedades químicas e físicas do solo. Para recomendação correta de fertilização é imprescindível conhecer a finalidade de produção: milho verde, grãos ou silagem (Fancelli; Almeida, 2015).

De forma genérica deve-se distribuir em fundação de 30 a 50 kg/ha de nitrogênio, de 60 a 100 kg/ha de P₂O₅ e no máximo 50 kg/ha de potássio (K₂O) na forma de KCL; em cobertura fornecer de 70 a 180 kg/ha de nitrogênio por ocasião da emissão da terceira folha, além dos micronutrientes enxofre (S), zinco (Zn), boro (B) e molibdênio (Mo), a fim de aumentar a produtividade (Fancelli; Almeida, 2015).

2.4 Híbridos de milho

Os híbridos são resultantes do cruzamento entre indivíduos geneticamente contrastantes, visando à utilização prática da heterose. Heterose ou vigor híbrido é um termo cunhado no início do século XX por George H. Shull, em que se caracteriza pela superioridade da F_1 em relação à média dos parentais. A exploração da heterose possibilitou o desenvolvimento da indústria sementeira e responsáveis por impulsionar toda a cadeia do melhoramento do milho (Ramalho *et al.*, 2012; Von Pinho; Silva; De Oliveira; 2022).

Existem algumas hipóteses para explicar a base genética da heterose, são elas: hipótese da dominância, sobredominância e epistasia. A maioria delas datam do início do século XX, quando esse fenômeno foi descoberto. A mais aceita no meio científico é a hipótese da dominância, proposta por Andrew Bruce em 1910, que é a primeira explicação genética da heterose com base nas interações de dominância (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Birchler, 2010).

Essencialmente, a explicação de Bruce é a de que, em um híbrido obtido do cruzamento de duas linhagens, o número médio de *loci* de homozigotos recessivos é menor que o de cada uma das linhagens. Postulando a existência de uma correlação positiva entre alelos recessivos e efeitos deletérios. Apesar de questionada inicialmente, a hipótese da dominância é a que melhor explica a base genética da heterose, sendo comprovada por experimentos práticos (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Birchler, 2010).

A heterose revolucionou o melhoramento de plantas, em especial na cultura do milho, que desde que os híbridos começaram na década de 1930, teve seu rendimento elevado em mais de seis mil vezes. Apesar de sua importância as bases moleculares para esse fenômeno necessitam de maiores estudos para mais elucidações. (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Birchler, 2010; Von Pinho; Silva; De Oliveira; 2022).

Uma das primeiras explicações a nível molecular foi proposta por Angus Hepburn em 1991, em que se investigou a importância da metilação do DNA na expressão gênica e na heterose. O autor concluiu que a base nucleotídica citosina se encontra frequentemente metilada (5-metilcitosina) e que a metilação do DNA está negativamente correlacionada com a expressão gênica (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

Jeffrey Chen, relata que em híbridos e alopoliploides usando abordagens transcriptômica, proteômica, metabolômica, epigenômica e de biologia de sistemas forneceram novas percepções (Chen, 2013).

Perspectivas genômicas e epigenéticas emergentes sugerem que a heterose surge de interações alélicas entre genomas parentais, levando a uma programação alterada de genes que promovem o crescimento, tolerância ao estresse e aptidão dos híbridos. Por exemplo, modificações epigenéticas de genes reguladores chave em híbridos e alopoliploides podem alterar redes reguladoras complexas de fisiologia e metabolismo, modulando assim a biomassa e levando à heterose (Chen, 2013).

A heterose é um evento genético que proporciona ganhos expressivos, e vem sendo utilizada comercialmente a quase um século, mas ao que tudo indica ainda tem muito a ser estudado, em especial na sua complexidade molecular o que poderá catalisar os ganhos que já são muito expressivos em híbridos.

2.5 Interação genótipos por ambientes

As condições edafoclimáticas associadas ao cultivo tais como: distribuição pluviométrica, umidade relativa do ar, temperatura atmosférica e do solo, ataque de pragas e incidência de doenças entre outras que afetam o desenvolvimento das plantas, são coletivamente denominadas de ambiente. Ou seja, o ambiente é o conjunto de fatores que afetam o desenvolvimento das plantas que não são de origem genética (Borém; Miranda, 2013).

Para Zystro *et al.* (2021), o valor da seleção em ensaios de melhoramento convencionais de cultivares destinados a sistemas tradicionais depende da correlação entre os sistemas e da herdabilidade relativa de características-chave. A interação GxA é um fenômeno comum em ensaios de melhoramento de plantas. Assim, o teste em múltiplos ambientes para identificar genótipos estáveis é uma alta prioridade para sistemas tradicionais, no entanto, constitui-se uma das fases mais onerosa dos programas de melhoramento (Borém; Miranda, 2013; Zystro *et al.*, 2021).

A avaliação dos genótipos para a recomendação de cultivo em diferentes ambientes é uma das etapas mais importantes em programas de melhoramento. Devido à importância da interação GxA que influenciam as características de interesse, uma vez que os sistemas de produção não são idênticos, mesmo em uma mesma região edafoclimática, existem variações ambientais consideráveis, decorrente de diferenças climáticas e do tipo de solo (Simon *et al.*, 2020; Zystro *et al.*, 2021).

A interação GxA pode ser capitalizada utilizando cultivares específicas para cada ambiente ou utilizando cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade. Ou com a

estratificação de mega-ambientes com características ambientais semelhantes (Oliveira *et al.*, 2010).

Ao identificar genótipos adaptados a diferentes grupos de ambientes e a variação entre grupos é maior do que dentro do grupo, tem-se a formação de um mega-ambiente, o que torna possível realizar um zoneamento agrônômico e, também, realizar a seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambiente específicos e a mega-ambientes (Santos, 2017).

Mega-ambientes são sub-regiões nas áreas de cultivo, não necessariamente ligadas, com respostas genóticas semelhantes e melhores cultivares (Yan; Nilsen; Beattie, 2023). Hongyu *et al.* (2015) acrescenta que quando distintos genótipos se ajustam a diferentes conjuntos de ambientes e a variação entre esses conjuntos é mais pronunciada do que dentro de cada conjunto, ocorre a formação de um mega-ambiente. Ao contrário das zonas agroecológicas, que se baseiam em fatores ambientais gerais, os mega-ambientes são definidas pelo efeito principal genotípico e GxA, sendo específicas da cultura (Yan; Nilsen; Beattie, 2023).

As zonas agroecológicas são determinadas por latitude, altitude, solo, e terreno, afetando a distribuição sazonal da luz solar, temperatura e precipitação. Esses fatores, combinados com práticas agrícolas, influenciam os estresses bióticos e abióticos. A variação na produtividade entre ambientes é chamada de principal efeito ambiental, resultado da interação entre genótipos e ambientes, base para a definição de mega-ambientes (Yan; Nilsen; Beattie, 2023).

A classificação de zonas agroecológicas, concluída ao longo do século passado, é geralmente baseada em fatores climáticos. No entanto, para enfrentar os desafios das mudanças climáticas e otimizar a adaptação de culturas, é crucial atualizar essa classificação para mega-ambientes específicos de cada tipo de cultura e região, utilizando a análise de mega-ambientes (Yan; Nilsen; Beattie, 2023).

2.6 Estratificação ambiental

Ao subdividir regiões agrícolas heterogêneas em estratos homogêneos, formamos estratos ambientais, eliminando locais redundantes nos ensaios. Essa abordagem otimiza recursos e aumenta as chances de identificar genótipos robustos. Decisões mais precisas, adaptadas às condições específicas de cada estrato, promovem eficiência e sustentabilidade agrícola. Essa estratificação impulsiona avanços na produtividade, aprimorando a eficiência dos programas de melhoramento genético (Felipe; Duarte; Camarano, 2010; Rodrigues *et al.*, 2022).

Além disso, as análises de estratificação ambiental desempenham um papel fundamental na compreensão da complementaridade ou divergência das informações geradas em diferentes locais. Considerando que o rendimento da cultura é influenciado pela interação entre fatores genéticos e ambientais, estratégias como a estratificação ambiental são essenciais para atenuar os efeitos dessa interação (Eckardt *et al.*, 2022).

Em busca da otimização da rede de ensaios de híbridos de milho, Lepre (2019) destaca a importância de estabelecer ensaios em locais que representem a região alvo de melhoramento. Posicionar adequadamente os ensaios proporciona uma amostragem eficiente das diversas condições ambientais ao longo dos anos, resultando na seleção de genótipos superiores. No entanto, a escolha dos locais para avaliação final de híbridos de milho é reconhecida como um desafio complexo, exigindo uma abordagem que permita o uso eficiente dos recursos e a maximização das diferenças entre os híbridos (Hallauer; Russell; Lamkey, 1988).

2.6.1 Método GGE biplot

Gabriel (1971), introduziu o método biplot como uma ferramenta gráfica para representar de maneira visual os resultados de análise de componentes principais ou decomposição de valores singulares. Nessa abordagem, cada elemento de uma tabela de dupla entrada é representado pelo produto de vetores, utilizando o cosseno do ângulo entre esses vetores como indicador visual. Essa técnica oferece uma representação intuitiva e eficaz das relações entre os elementos da tabela, facilitando a interpretação de padrões e tendências subjacentes (Silva; Benin, 2013).

Uma metodologia que auxilia na estratificação ambiental baseada em dados plurianuais é a metodologia GGE biplot que foi mais amplamente difundida a partir do trabalho seminal "*GGEbiplot—A Windows Application for Graphical Analysis of Multienvironment Trial Data and Other Types of Two-Way Data*". Projetado para realizar análises gráficas de dados de ensaios multiambientais e outros tipos de dados de duas vias. A metodologia GGE biplot é utilizada para analisar a interação GxA em ensaios de cultivares de plantas (Yan, 2001).

GGE significa "Genótipos \times Ambientes" e refere-se à interação entre genótipos de plantas e ambientes de cultivo (Hassani *et al.*, 2018). É uma representação gráfica que leva em consideração o efeito principal de genótipo (G) + interação genótipo \times ambiente (GxA). Utilizando a decomposição de valores singulares (SVD) para analisar dados multiambientais. Ele representa visualmente as relações entre genótipos e ambientes, projetando as pontuações

do primeiro e do segundo componente principal (PC1 e PC2) em um gráfico bidimensional, por meio do seguinte estimador (Yan ,2001; Yan; Tinker, 2006):

$$Y_{ij} - \bar{Y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \xi_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : é o rendimento médio do genótipo i no ambiente j ;

\bar{Y}_j : é o rendimento médio de todos os genótipos no ambiente;

λ_1 e λ_2 : são os valores singulares para PC1 e PC2, respectivamente;

ξ_{i1} e ξ_{i2} : são os escores de PC1 e PC2, respectivamente, para o genótipo i ;

η_{j1} e η_{j2} : são os escores de PC1 e PC2, respectivamente, para o ambiente j ;

ξ_{ij} : é o resíduo do modelo associado ao genótipo i no ambiente j

A técnica de GGE biplot se destaca como uma ferramenta valiosa para explorar e interpretar dados de ensaios multiambientais no contexto do melhoramento de plantas. A aplicação ajuda os pesquisadores e melhoristas a identificarem padrões e tendências significativos nos dados, auxiliando na tomada de decisões informadas para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas a diferentes ambientes (Yan, 2001).

A metodologia GGE biplot, fornece uma abordagem de análise estatística eficaz para analisar os efeitos da interação GxA em ensaios, seus parâmetros gráficos estão diretamente associados aos da genética quantitativa tradicional (Luo *et al.*, 2015).

Outros métodos vêm sendo aplicados para aprimorar a estratificação ambiental. Destacam-se abordagens baseadas na análise fatorial, que propõem uma análise de fatores na matriz g+ga usando modelos mistos em multiambientais, integrando efeitos genéticos e ambientais. Além disso, medidas de dissimilaridade ambiental, considerando o quadrado da distância euclidiana média, visam capturar a interação entre ambientes. O modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI), semelhante ao GGE biplot, baseia-se na decomposição de valores singulares (Felipe; Duarte; Camarano, 2010; Fritsche-Neto *et al.*, 2010; Peixoto, 2013; Pinheiro; Pinho, 2023; Ribeiro, Almeida, 2011).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Base de dados

Foram realizados 114 experimentos em três safras, nos anos agrícolas de 2011/12, 2012/13 e 2013/14. Na safra 2011/12, os experimentos foram conduzidos utilizando delineamento em blocos casualizados (DBC) com três repetições, Na safra 2012/13, os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos incompletos (DBI), com três repetições. Na safra 2013/14, os experimentos foram conduzidos em DBI com duas repetições. As parcelas foram constituídas por quatro linhas de 5 m, com espaçamento entre linhas de 0,7 m.

Os experimentos foram conduzidos no Estado de Minas Gerais, nas cidades: Araguari, Boa Esperança, Capinópolis, Madre de Deus de Minas, Nazareno, Nova Ponte, Presidente Olegário, Tupaciguara, Uberaba (Figura 1).

Figura 1 – Mapa das localizações experimentais.

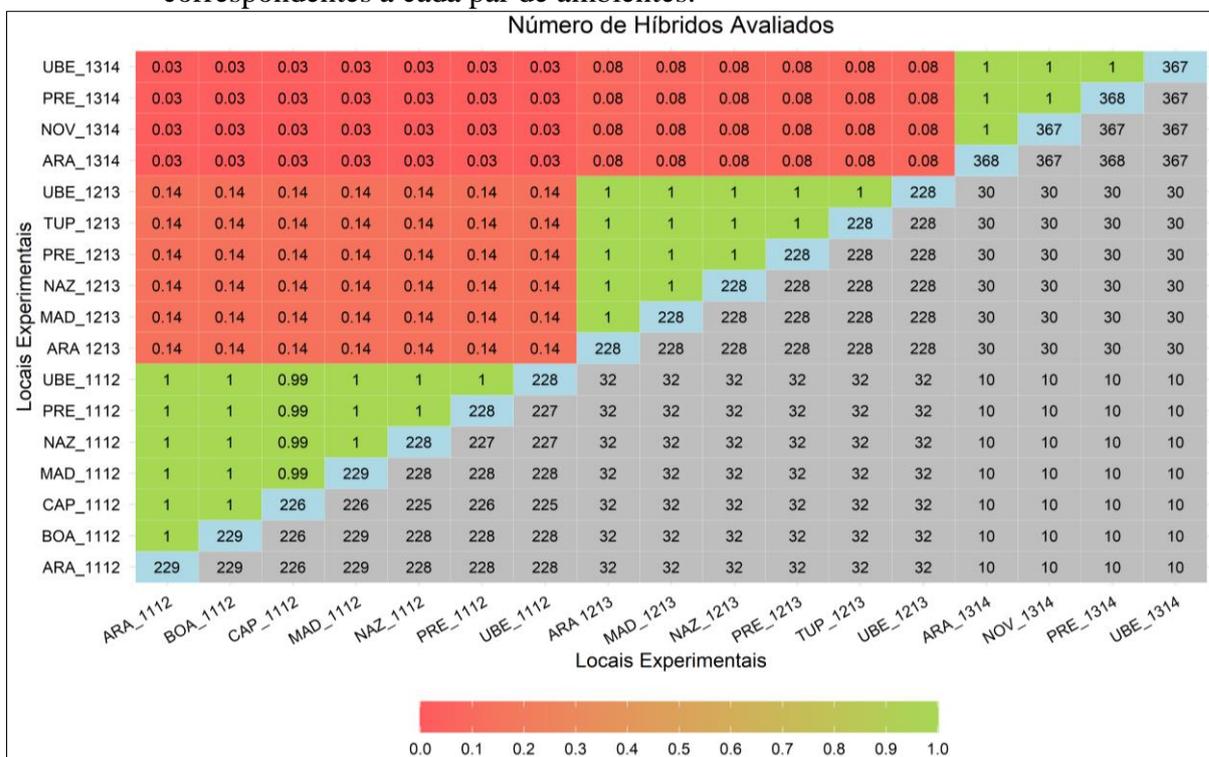


Fonte: Do autor (2024).

Foram avaliados dados compostos por informações de produtividade de grãos (toneladas por hectare) provenientes de 759 híbridos simples (HS). Esses dados foram gentilmente cedidos por uma empresa brasileira produtora de sementes. Os dados apresentavam alta semelhança entre os HS avaliados dentro de cada safra, com uma variação de 99% a 100%. Entre as safras, a variação foi registrada entre 3% e 14%.

Com experimentos conduzidos em nove cidades: Araguari (ARA), Boa Esperança (BOA), Capinópolis (CAP), Madre de Deus de Minas (MAD), Nazareno (NAZ), Nova Ponte (NOV), Presidente Olegário (PRE), Tupaciguara (TUP), Uberaba (UBE). E três safras 2011/12 (1112), 2012/13 (1213) e 2013/14 (1314). A sigla de cada ambiente é composta pela combinação das siglas da cidade e safra (Figura 2).

Figura 2 – Número de híbridos simples avaliados em cada ambiente durante cada safra, representados ao longo da diagonal principal em azul. Abaixo dessa diagonal, em cinza, são apresentados os números de híbridos simples comuns entre pares de ambientes. Acima da diagonal principal, destacam-se as proporções correspondentes a cada par de ambientes.



Fonte: Do autor (2024).

Ao longo das safras, foram conduzidos 21 experimentos agrícolas, sendo cada experimento caracterizado pela avaliação dos mesmos híbridos, garantindo consistência nas análises. Esses experimentos foram distribuídos em diferentes ambientes, abrangendo um número variado de ambientes. Sendo ambiente, considerado a combinação: safra + cidade +

experimento. Na safra 2011/12 foram conduzidos experimentos em: Araguari, Boa Esperança, Capinópolis, Madre de Deus de Minas, Nazareno, Presidente Olegário e Uberaba. Na safra 2012/13 em: Araguari, Madre de Deus de Minas, Nazareno, Presidente Olegário, Tupaciguara, Uberaba. E 2013/14: Araguari, Nova Ponte, Presidente Olegário, Uberaba. Cada um dos 21 experimentos foi avaliado em mais de um ambiente totalizando 114 ambientes (Tabela 1).

Tabela 1 – Descrição da localização dos experimentos em cada safra. Ambientes avaliados na safra definidos por “X” na célula correspondente.

Safra	EXP	Ambientes									Ambientes
		ARA	BOA	CAP	MAD	NAZ	NOV	PRE	TUP	UBE	
2011/12	1	X	X	X	X	X		X		X	7
2011/12	2	X	X	X	X	X		X		X	7
2011/12	3	X	X	X	X	X		X		X	7
2011/12	4	X	X	X	X	X		X		X	7
2011/12	5	X	X	X	X	X		X		X	7
2011/12	6	X	X	X	X	X		X		X	7
2012/13	7	X			X	X		X	X	X	6
2012/13	8	X			X	X		X	X	X	6
2012/13	9	X			X	X		X	X	X	6
2012/13	10	X			X	X		X	X	X	6
2012/13	11	X			X	X		X	X	X	6
2012/13	12	X			X	X		X	X	X	6
2013/14	13	X					X	X		X	4
2013/14	14	X					X	X		X	4
2013/14	15	X					X	X		X	4
2013/14	16	X					X	X		X	4
2013/14	17	X					X	X		X	4
2013/14	18	X					X	X		X	4
2013/14	19	X					X	X		X	4
2013/14	20	X					X	X		X	4
2013/14	21	X					X	X		X	4
Total		21	6	6	12	12	9	21	6	21	114

Fonte: Do autor (2024).

Nota: *Araguari (ARA), Boa Esperança (BOA), Capinópolis (CAP), Madre de Deus de Minas (MAD), Nazareno (NAZ), Nova Ponte (NOV), Presidente Olegário (PRE), Tupaciguara (TUP), Uberaba (UBE). Experimento (EXP).

Essa abordagem padronizada, com a utilização de híbridos consistentes e avaliações em diversas cidades, contribui significativamente para a representatividade e diversidade dos ambientes considerados na análise. Além disso, essa metodologia permite a conexão entre vários híbridos, mesmo aqueles que não foram avaliados em todas as cidades, enriquecendo ainda mais a abrangência da pesquisa.

3.2 Estratificação ambiental por meio da integração GGE biplot e redes de similaridade

A metodologia de análise foi estruturada em cinco etapas para fornecer uma abordagem abrangente e precisa. Metodologia semelhante foi proposta por Rodrigues *et al.* (2022) para estratificação de soja no Brasil. Entretanto, é importante ressaltar que, no contexto do estudo de híbridos de milho, a metodologia demanda aprofundamento por meio de estudos específicos.

3.2.1 1° ETAPA: Análise de variância

Inicialmente, realizou-se uma análise de variância individual para cada experimento. Para verificar possíveis significância do delineamento, seguida por análises de variância conjunta de cada experimento, para verificar-se a interação híbridos por ambientes. Utilizando um modelo de efeitos mistos:

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + H_i + A_j + HA_{ij} + e_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação do i-ésimo híbrido avaliado no k-ésimo bloco do j-ésimo ambiente;

μ : média geral dos experimentos;

B/A_{jk} : efeito do bloco k dentro do j-ésimo ambiente;

H_i : efeito do i-ésimo híbrido considerado como fixo;

A_j : efeito do j-ésimo ambiente considerado como aleatório;

HA_{ij} : efeito aleatório da interação entre o híbrido i e o ambiente j; e

e_{ijk} : erro aleatório associado a observação Y_{ijk} .

Os componentes da variância associados aos efeitos aleatórios foram obtidos por meio do teste da razão de verossimilhança (LTR) (*Likelihood Test Ratio*). As análises de variância conjuntas foram realizadas com o auxílio do pacote “metan” no *software* R (Olivoto; Lúcio, 2020).

3.2.2 2° ETAPA: Gráficos GGE biplot

Prosseguindo, o método GGE biplot foi aplicado. Para essa análise, os seguintes parâmetros foram utilizados: *Transform* = 0 (sem transformação); *Scaling* = 1 (dados escalonados pelo desvio padrão da média dos híbridos dentro dos ambientes, isso colocará todos os ambientes aproximadamente na mesma faixa de valores); *Centering* = 2 (centrado no ambiente, efeito principal de genótipo + interação genótipos × ambientes) e *singular values partition* (SVP) = 2 (Foco no ambiente; o valor singular é totalmente particionado nos autovetores do ambiente, também chamado de preservação da métrica da coluna (Olivoto; Lúcio, 2020; Rodrigues *et al.*, 2022; Yan; Tinker, 2006).

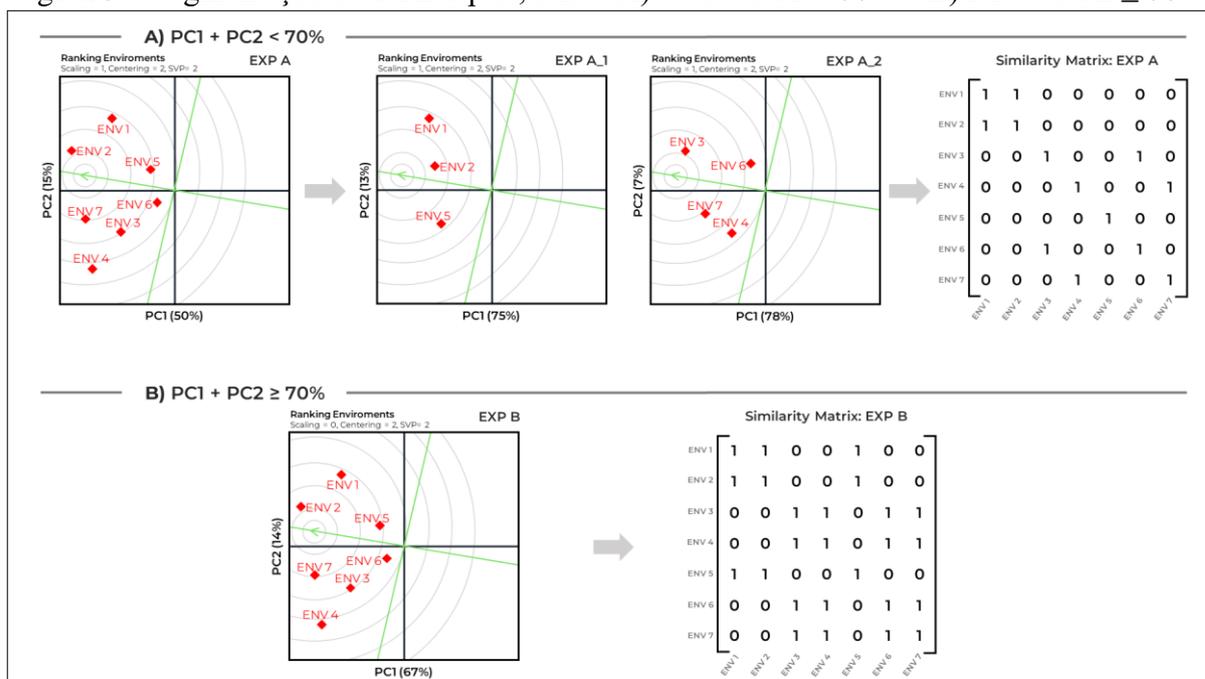
Foram considerados dois cenários: no primeiro, quando a soma dos dois primeiros componentes principais (PC1 + PC2) era inferior a 70%, conduziu-se uma estratificação com base na linha do ambiente médio, conforme recomendado por Rodrigues *et al.* (2022). Essa estratificação foi realizada até que PC1 + PC2 atingisse ou ultrapassasse 70%. No segundo cenário, quando o primeiro GGE biplot era suficiente para explicar 70%, este primeiro biplot foi considerado (Rodrigues *et al.*, 2022).

Os gráficos GGE biplot foram obtidos por meio do *software* R, com auxílio do pacote “metan” (Olivoto, Lúcio, 2020).

3.2.3 3° ETAPA: Matriz de coincidência

Na terceira etapa, foi gerada uma matriz de coincidência, na qual os ambientes presentes no mesmo estrato ambiental foram numerados com "1", enquanto aqueles de estratos diferentes receberam o valor "0". Essa matriz foi obtida para cada experimento conduzido em uma mesma safra. A partir dessas matrizes individuais, foi possível obter a matriz de coincidência da safra. Combinando essas matrizes, obteve-se as matrizes entre as safras (Figura 3).

Figura 3 – Segmentação de GGE biplot, sendo A) $PC1 + PC2 < 70\%$ e B) $PC1 + PC2 \geq 70\%$.



Fonte: Do autor (2024).

3.2.4 4º ETAPA: Redes de similaridade

A seguir, utilizou-se o algoritmo de Louvain para construir redes de similaridade: das safras individuais, combinando as safras e todas as safras.

Uma rede de similaridade é uma representação gráfica em que elementos individuais, representados como nós, são interconectados com base em seus níveis de semelhança. De tal forma que, cada linha que conecta um ambiente a outro possui um peso que indica a força de similaridade existente. À medida que o grau de relacionamento entre duas variáveis fica mais forte, as linhas que as conectam ficam mais espessas (Motta; Almeida; Lopes; 2008).

Para aplicar o método, o algoritmo busca maximizar a função de modularidade, que mede a qualidade da divisão da rede em comunidades. Isso é feito iterativamente, ajustando a alocação dos nós em diferentes comunidades para maximizar a modularidade global da rede. Em resumo, o método é aplicado identificando padrões de conexões na rede que indicam a presença de comunidades coesas de nós, e ajustando essas comunidades de forma a maximizar a modularidade da rede (Blondel *et al.*, 2008).

As redes de similaridade foram construídas por meio do *software* R, empregando a função "igraph" desenvolvida por Csardi e Nepusz (2006).

3.2.5 5° ETAPA: Similaridade média entre os estratos formados

Por fim, foi avaliado a similaridade média entre os estratos obtidos por meio do algoritmo de Louvain. A similaridade média auxilia na observação numérica das distancias obtidas. Em cada rede também foi obtido o coeficiente de modularidade.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos experimentos individuais conduzidos em DBI, 91,66% não apresentaram significância para o efeito de bloco dentro de repetição. Em virtude disso, optou-se por desconsiderar esse fator nas análises conjuntas, ou seja, os experimentos foram tratados como se estivessem em DBC.

No apêndice A são apresentados os resultados da análise conjunta. Os efeitos ambientais foram significativos ($P < 0,05$) em todos os experimentos avaliados, das interações híbridos por ambientes 90,47% foram significativas.

Esses resultados sugerem a existência de diferentes mega-ambientes dentro da região de estudo, ressaltando a importância da realização de uma estratificação ambiental. Essa observação fundamenta a viabilidade da aplicação da metodologia GGE biplot, destacando a necessidade de considerar a diversidade ambiental para uma estratificação mais precisa (Peixoto, 2013; Rodrigues, *et al.*, 2022, Silva *et al.*, 2018).

4.1 Análise GGE biplot

Ao final foram plotados 48 gráficos GGE biplot (apêndices de B a V). Dos 21 experimentos estudados, oito foram explicados pelo primeiro GGE biplot gerado, isto é, PC1 + PC2 foram superiores a 70%. Ao passo que outros doze tiveram que ser estratificados uma vez e um experimento passou por duas rodadas de estratificação para chegar ao limiar estabelecido de 70%.

Ao conduzir uma avaliação de híbridos de milho quanto à produtividade de grãos, Oyekunle *et al.* (2017) empregaram a abordagem GGE biplot, e verificaram que 59,8% de explicabilidade da variação para o primeiro GGE biplot obtido. Ao dividir os dados em dois estratos mais homogêneos, obtiveram dois GGE biplots, os quais explicaram 73,9% e 67,4% da variação total observada nos resultados. Evidenciando que o particionamento do primeiro GGE biplot em grupos homogêneos auxilia em uma maior compreensão dos dados.

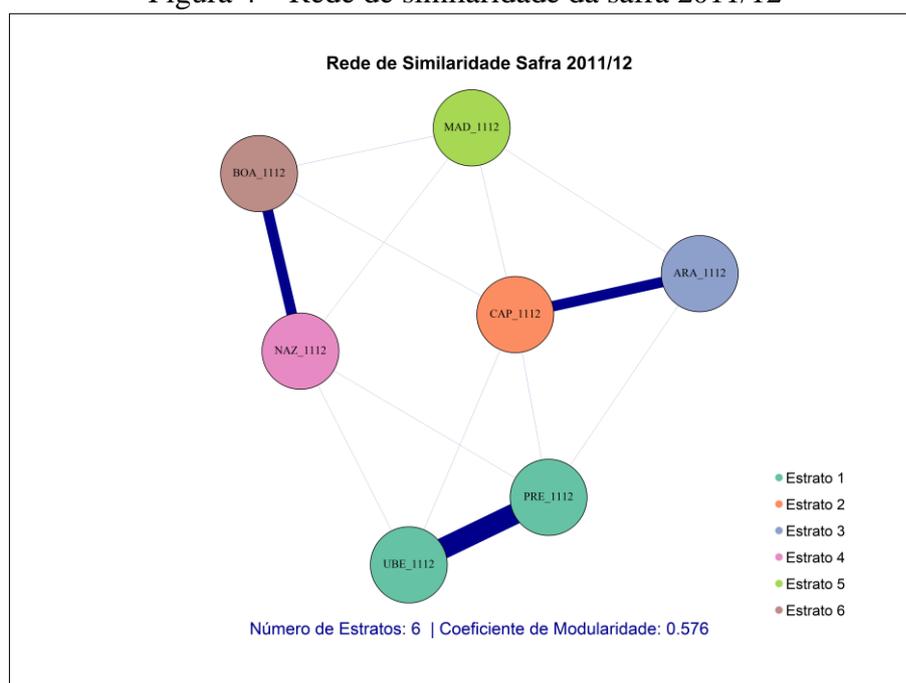
4.2 Redes de similaridade

As redes geradas a partir das matrizes de coincidência revelam visualmente os ambientes que têm maior semelhança, sendo que aquelas com maior similaridade estão mais

próximos uns dos outros. A conexão entre esses locais é representada por linhas, que quanto mais espessas, indicam níveis mais elevados de similaridade.

A primeira rede de similaridade, da safra 2011/12, foi formada por seis estratos. Foram considerado o mesmo estrato aqueles que são reunidos juntos por meio do algoritmo de Louvain. Os ambientes de Presidente Olegário e Uberaba foram os únicos ambientes agrupados no mesmo estrato. Os outros estratos foram formados por cidades individuais: Capinópolis, Nazareno, Itapeva, Araguari, Madre de Deus de Minas e Boa Esperança (Figura 4).

Figura 4 – Rede de similaridade da safra 2011/12



Fonte: Do autor (2024).

Nota: ARA_1112 (Araguari na safra 2011/12). BOA_1112 (Boa Esperança na safra 2011/12). CAP_1112 (Capinópolis na safra 2011/12). MAD_1112 (Madre de Deus de Minas na safra 2011/12). NAZ_1112 (Nazareno na safra 2011/12). PRE_1112 (Presidente Olegário na safra 2011/12). UBE_1112 (Uberaba na safra 2011/12).

A identificação de duas cidades em um mesmo estrato ambiental ou a semelhança entre estratos, mesmo que geograficamente distantes, pode ser explicada pela possibilidade de condições climáticas semelhantes, especialmente durante fases cruciais do ciclo de desenvolvimento do milho, como a semeadura e o florescimento (Ribeiro; Almeida, 2011). O próprio conceito de mega-ambiente pontua que áreas similares não são necessariamente contíguas (Yan; Nilsen; Beattie, 2023). Condições como amplitude térmica e disponibilidade hídrica durante essas fases críticas podem desempenhar um papel significativo na produtividade do milho (Ribeiro; Almeida, 2011).

A similaridade média entre o estrato 1 (Presidente Olegário e Uberaba) e os estratos 5 (Madre de Deus de Minas) e 6 (Boa Esperança), foi 0, isto é, dissimilaridade completa. Assim como ocorreu com o estrato 4 (Nazareno) quando combinado com os estratos 2 (Capinópolis) e 3 (Araguari). E pôr fim os estratos 3 e 6 também apresentaram dissimilaridade completa. Por outro lado, as maiores similaridades média foram observadas entre os estratos 2(Capinópolis) e 3 (Araguari); 4(Nazareno) e 6 (Boa Esperança) e evidentemente o ambiente 1 tem duas cidades no mesmo estrato (Presidente Olegário e Uberaba) (Tabela 2).

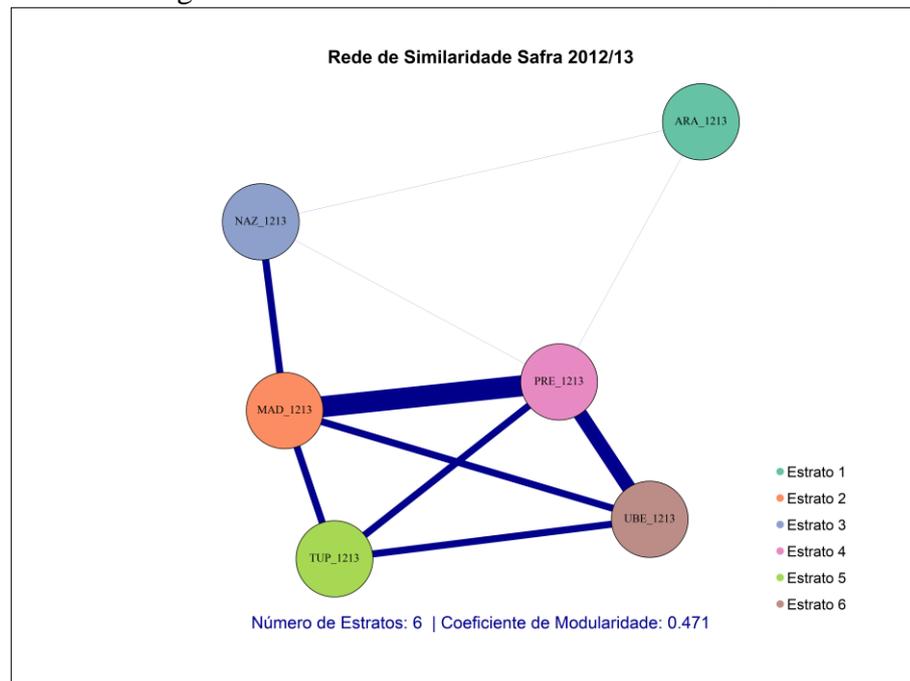
Tabela 2 – Similaridade média entre os estratos definidos pelo algoritmo de Louvain para safra 2011/12.

Safra	Estrato	Estrato					
		1	2	3	4	5	6
2011/12	1	1,000	0,167	0,083	0,167	0,000	0,000
	2	0,167	1,000	0,333	0,000	0,167	0,167
	3	0,083	0,333	1,000	0,000	0,167	0,000
	4	0,167	0,000	0,000	1,000	0,167	0,333
	5	0,000	0,167	0,167	0,167	1,000	0,167
	6	0,000	0,167	0,000	0,333	0,167	1,000

Fonte: Do autor (2024).

A rede de similaridade da safra 2012/13 houve a formação de seis estratos ambientais, isto é, cada cidade avaliada foi considerada um estrato, Araguari (estrato 1), Madre de Deus de Minas (estrato 2), Nazareno (estrato 3), Presidente Olegário (estrato 4), Tupaciguara (estrato 5) e Uberaba (estrato 6). Graficamente é observada dissimilaridade acentuada de Araguari dos demais ambientes avaliados dentro da safra (Figura 5).

Figura 5 – Rede de similaridade da safra 2012/13



Fonte: Do autor (2024).

Nota: ARA_1213 (Araguari na safra 2012/13). MAD_1213 (Madre de Deus de Minas na safra 2012/13). NAZ_1213 (Nazareno na safra 2012/13). PRE_1213 (Presidente Olegário na safra 2012/13). TUP_1213 (Tupaciguara na safra 2012/13). UBE_1213 (Uberaba na safra 2012/13).

Ao avaliar a similaridade média para safra 2012/13, Araguari apresenta dissimilaridade completa entre as cidades: Madre de Deus de Minas, Tupaciguara e Uberaba. A maior similaridade foi observada entre Madre de Deus de Minas e Presidente Olegário (Tabela 3).

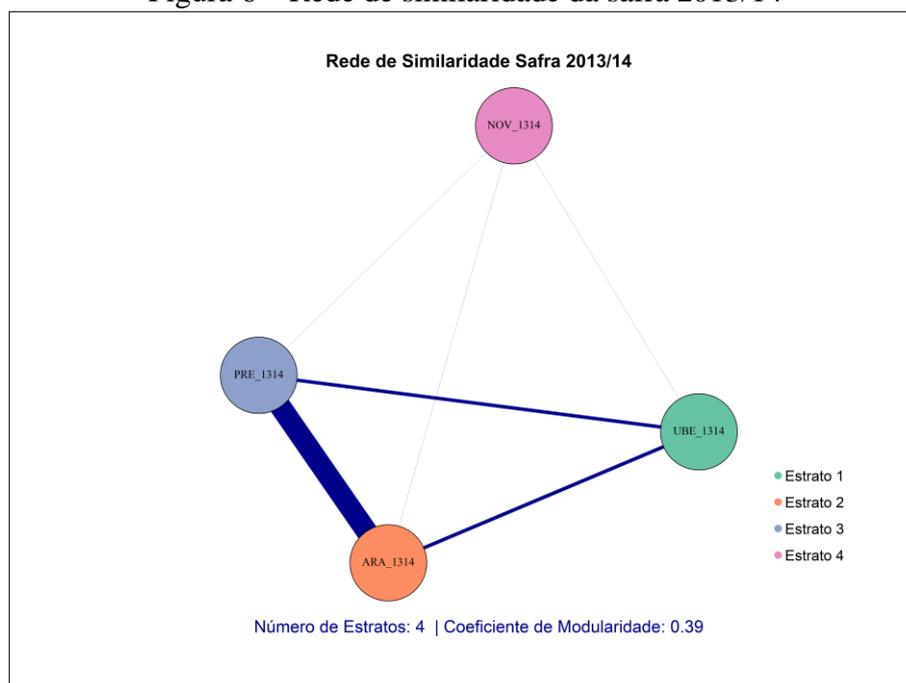
Tabela 3 – Similaridade média entre os estratos definidos pelo algoritmo de Louvain para safra 2012/13.

Safra	Estrato	Estrato					
		1	2	3	4	5	6
2012/13	1	1,000	0,000	0,167	0,167	0,000	0,000
	2	0,000	1,000	0,333	0,667	0,333	0,333
	3	0,167	0,333	1,000	0,167	0,000	0,000
	4	0,167	0,667	0,167	1,000	0,333	0,500
	5	0,000	0,333	0,000	0,333	1,000	0,333
	6	0,000	0,333	0,000	0,500	0,333	1,000

Fonte: Do autor (2024).

Para a safra 2013/14 os estratos ambientais foram iguais as cidades onde se conduziu os experimentos. Uberaba (estrato 1), Araguari (estrato 2), Presidente Olegário (estrato 3), Nova Ponte (estrato 4) (Figura 6).

Figura 6 – Rede de similaridade da safra 2013/14



Fonte: Do autor (2024).

Nota: ARA_1314 (Araguari na safra 2013/14). NOV_1314 (Nova Ponte na safra 2013/14). PRE_1314 (Presidente Olegário na safra 2013/14). UBE_1314 (Uberaba na safra 2013/14).

Nova Ponte apresenta maior dissimilaridade entre os demais locais de avaliação. Apresentando similaridade média dos demais ambientes de 0,222. E maior similaridade entre Araguari e Presidente Olegário (Tabela 4).

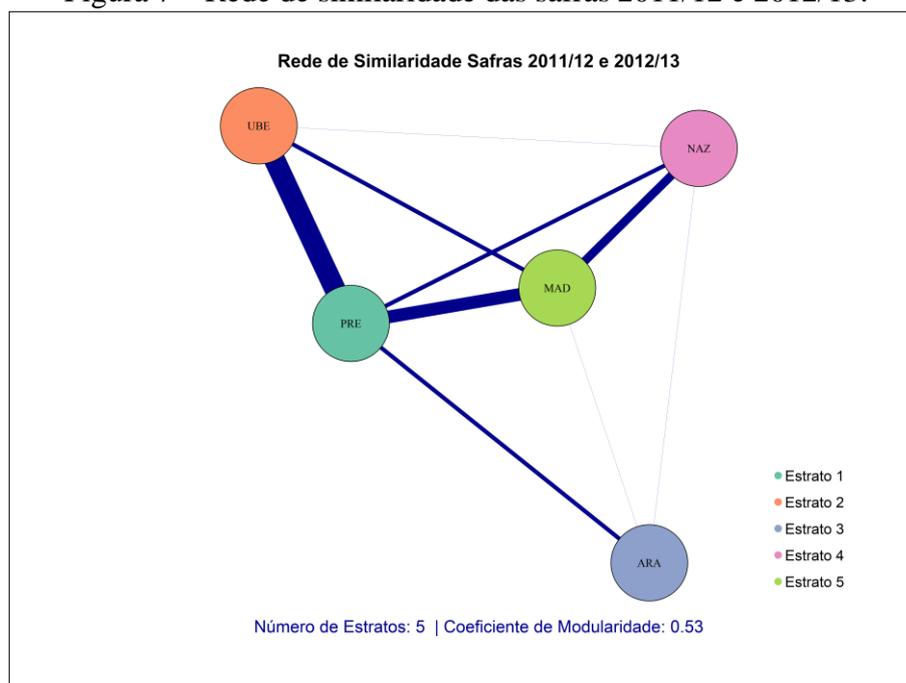
Tabela 4 – Similaridade média entre os estratos definidos pelo algoritmo de Louvain para safra 2013/14.

Safra	Estrato	Estrato			
		1	2	3	4
2013/14	1	1,000	0,333	0,333	0,222
	2	0,333	1,000	0,889	0,222
	3	0,333	0,889	1,000	0,222
	4	0,222	0,222	0,222	1,000

Fonte: Do autor (2024).

No que se trata das análises combinadas das safras, a primeira combinação 2011/12 e 2012/13, temos os estratos ambientais: Presidente Olegário (estrato 1), Uberaba (estrato 2), Araguari (estrato 3), Nazareno (estrato 4), Madre de Deus de Minas (estrato 5) (Figura 7).

Figura 7 – Rede de similaridade das safras 2011/12 e 2012/13.



Fonte: Do autor (2024).

Nota: Araguari (ARA). Madre de Deus de Minas (MAD). Nazareno (NAZ). Presidente Olegário (PRE). Uberaba (UBE).

Foi observada dissimilaridade completa entre Uberaba e Araguari, os demais estratos apresentaram algum nível de similaridade média, sendo Presidente Olegário e Uberaba com maior nível de similaridade média (Tabela 5).

Tabela 5 – Similaridade média entre os estratos definidos pelo algoritmo de Louvain para safras 2011/12 e 2012/13.

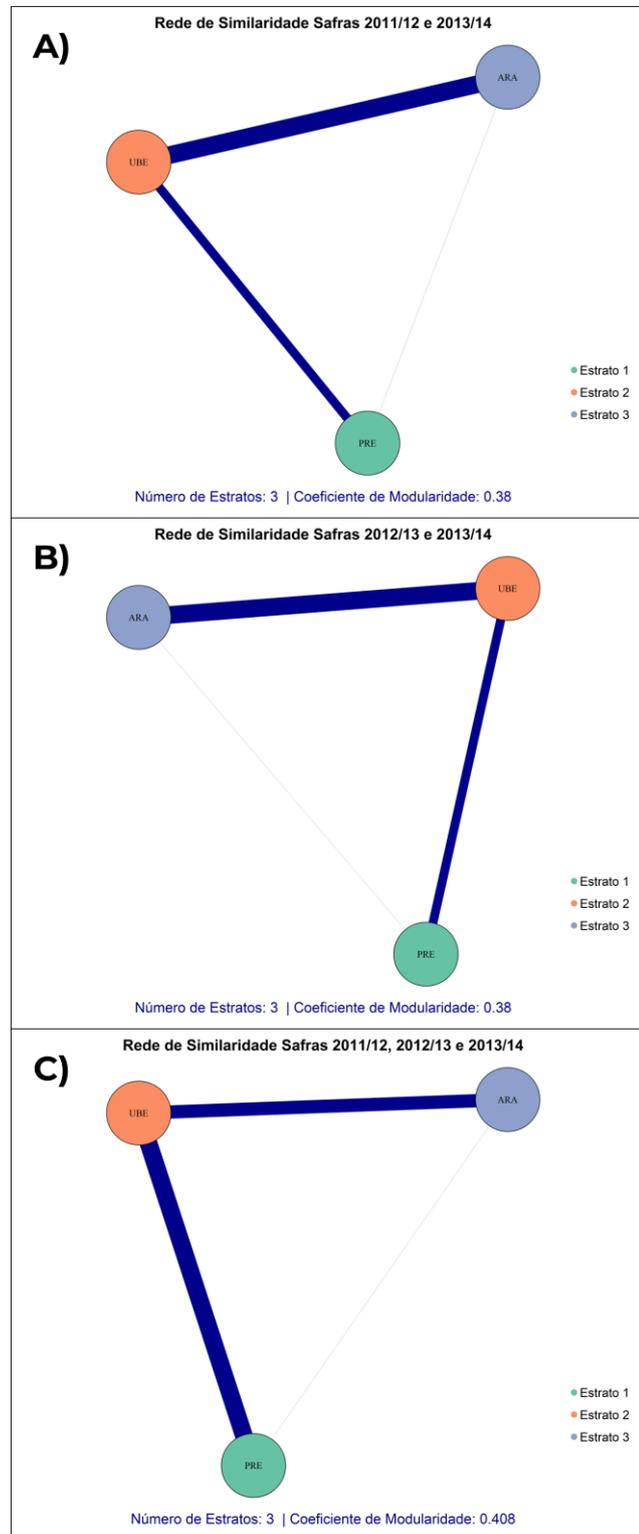
Safr	Estrato	Estrato				
		1	2	3	4	5
2011/12 e 2012/13	1	1,000	0,500	0,167	0,167	0,333
	2	0,500	1,000	0,000	0,083	0,167
	3	0,167	0,000	1,000	0,083	0,083
	4	0,167	0,083	0,083	1,000	0,250
	5	0,333	0,167	0,083	0,250	1,000

Fonte: Do autor (2024).

Para as análises combinadas das safras 2011/12 e 2013/14, 2012/13 e 2013/14 e todas as safras (2011/12, 2012/13 e 2013/14), experimentos foram conduzidos em três cidades: Araguari, Presidente Olegário e Uberaba. Para as três redes de similaridade o número de ambientes foi igual ao número de locais. Muito embora trate-se de um número limitado de ambientes, observou-se de maneira consistente que a similaridade entre eles segue um padrão

estável., Araguari e Presidente Olegário exibiram uma menor similaridade entre si quando comparados à sua similaridade com Uberaba (Figura 8).

Figura 8 – Rede de similaridade das safras: A) 2011/12 e 2013/14; B) 2012/13 e 2013/14; C) 2011/12, 2012/13 e 2013/14.



Fonte: Do autor (2024).

Nota: Araguari (ARA). Presidente Olegário (PRE). Uberaba (UBE).

Tal padrão é confirmado ao avaliar a similaridade média, Uberaba (Estrato 2) apresentando similaridade média entre as outras duas cidades. Presidente Olegário (Estrato 1) e Araguari (Estrato 3) apresentam menores níveis de similaridade (Tabela 6).

Tabela 6 – Similaridade média entre os estratos definidos pelo algoritmo de Louvain para safras 2011/12 e 2012/13; 2012/13 e 2013/14; 201/12, 2012/13 e 2013/14.

Safras	Estrato	Estrato		
		1	2	3
2011/12 e 2013/14	1	1,000	0,400	0,267
	2	0,400	1,000	0,533
	3	0,267	0,533	1,000
2012/13 e 2013/14	1	1,000	0,400	0,267
	2	0,400	1,000	0,533
	3	0,267	0,533	1,000
201/12, 2012/13 e 2013/14	1	1,000	0,429	0,238
	2	0,429	1,000	0,381
	3	0,238	0,381	1,000

Fonte: Do autor (2024).

No contexto que busque reduzir o número de locais experimentais, com base nas informações obtidas das safras: 2011/12 e 2013/14; 2012/13 e 2013/14; 201/12, 2012/13 e 2013/14, Uberaba pode ser representativa para Araguari e Presidente Olegário, em face da similaridade que Uberaba apresenta entre eles.

Todavia, é importante salientar que, de maneira geral, as maiores similaridades médias em todas as redes de similaridade foram observadas em conjunto com Presidente Olegário, sugerindo que esta cidade desempenha um papel crucial nos ensaios nesta região. Portanto, a condução de experimentos em Presidente Olegário é de grande importância para a compreensão e representatividade dos resultados na área de estudo.

De fato, a seleção criteriosa de locais para avaliação de híbridos de milho representa um desafio complexo para os melhoristas, exigindo uma abordagem cuidadosa para otimizar recursos e maximizar as diferenças entre os híbridos (Hallauer; Russell; Lamkey, 1988; Lepre, 2019).

A determinação de mega-ambientes é influenciada pelos dados disponíveis, e embora seja viável desenvolver um cultivar de sucesso em diferentes mega-ambientes, a classificação robusta indica maior probabilidade de sucesso em um único mega-ambientes (Yan, 2015). A eliminação de ambientes semelhantes no futuro é uma possibilidade (Silva *et al.*, 2021).

A aplicação do método GGE biplot oferece uma análise ambiental eficiente, identificando condições favoráveis e desfavoráveis, além de determinar o número ideal de ambientes para testes em cada região recomendada. Essa abordagem é crucial para o planejamento eficiente de programas de melhoramento (Silva *et al.*, 2021).

A estratificação ambiental emerge como uma estratégia direcionada para otimizar recursos em programas de melhoramento genético. Ao concentrar esforços em ambientes específicos, aumenta-se a precisão das recomendações para híbridos adaptados e estáveis nessas condições, permitindo a inclusão de novos ambientes previamente não explorados (Peixoto, 2013; Rodrigues *et al.*, 2022).

Lepre (2019), destaca a importância dos programas de melhoramento genético de milho no Brasil, estabeleçam ensaios em locais que representem a região alvo de melhoramento. A correta disposição desses ensaios assegura uma amostragem adequada das diversas condições ambientais observadas ao longo dos anos, o que resulta na seleção de genótipos superiores.

No que se refere ao coeficiente de modularidade observado nas redes de similaridade, que é uma medida que avalia a qualidade da divisão de uma rede em comunidades distintas, nas redes obtidas variou de 0,38 a 0,530. Ele mede a densidade de conexões dentro das comunidades em comparação com as conexões entre as comunidades. Em essência, a modularidade quantifica o quão bem uma rede está dividida em comunidades ou módulos, com valores mais altos indicando uma estrutura de comunidade mais clara e distinta (Blondel *et al.*, 2008; Motta; Almeida; Lopes; 2008).

Ao adotar a integração GGE biplot e redes de similaridade, é possível fazer inferência sobre áreas com base nas similaridades obtidas. Silva *et al.* (2020), apontam que redes de similaridade mostram um aumento na eficácia de seleção de genótipos, auxiliando no processo de tomada de decisão.

5 CONCLUSÕES

1. A estratificação ambiental baseada na análise gráfica com a integração entre o GGE biplot e redes de similaridade ambiental, revelou-se uma abordagem eficaz para a identificação de estratos ambientais.
2. Permite a detecção de estratos onde mesmo como diferentes conjuntos de híbridos de milho os padrões ambientais se mantêm.
3. Possibilita uma tomada de decisão mais precisa em relação à seleção de locais representativos para testes de híbridos.

REFERÊNCIAS

- AEGRO. **Safra de milho no Brasil: veja as previsões para 2022/23, 2022**. Disponível em: <https://blog.aegro.com.br/safra-de-milho-2022/>. Acesso em: 10 fev.
- AMIS – Agricultural Market Information System. **Download the full market database dataset**. Disponível em: <https://www.amis-outlook.org/>. Acesso em: 28 dez. 2023.
- ANSARIFAR, J.; ASHAVIZADEGAN, F.; WANG, L. Performance prediction of crosses in plant breeding through genotype by environment interactions. **Scientific Reports**, 2020. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-68343-1>. Acesso em: 01 fev. 2024.
- BIRCHLER, J. A.; YAO, H. CHUDALAYANDI, S.; VAIMAN, D.; VEITIA, R. A. Heterosis. **The Plant Cell**, v. 22, n. 7, pag. 2105-2112, 2010.
- BLONDEL, V. D. GUILLAUME, J. LAMBIOTTE, R. LEFEBVRE, ETIENNE. Rápido Fast unfolding of communities in large networks. **Statistical Mechanics Magazine: Theory and Experiment**, v. 10, p. P10008, 2008. Disponível em: https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1742-5468/2008/10/P10008/meta?casa_token=OMkTOT8soXIAAAAA:xm_AK6u9B1yJEaWHiYXj07ltnbb76977tA5HhGFUuyOoYJlOdZITTL-OYD7FIEvUmjZkL22dg2O-MqrqQBAIdUfbppYW. Acesso em: 17 jan. 2024.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8.Ed. São Paulo: Oficina de texto, 2021.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6.Ed. Viçosa – MG: Editora UFV, 2013.
- CHEN, Z. J. Genomic and epigenetic insights into the molecular bases of heterosis. **Nature Reviews Genetics**, v. 14, n. 7, p. 471-482, 2013. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nrg3503>. Acesso em: 14 fev. 2024.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, 2024. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras/itemlist/category/910-Milho>. Acesso em: 10 fev. 2024.
- CSARDI, G.; NEPUSZ, T. The igraph software package for complex network research. **Complex syst**, 2006. Disponível em: <https://igraph.org>. Acesso em: 13 fev. 2024.
- ECKARDT, M.; CARDOSO, I. R. M.; SILVA, N. A. DA; ABREU, Y. V. DE. AFFÉRI, F, S.; PELUZIO, J. M. Adaptability, stability and environmental stratification of genetically and nongenetically modified corn in the Cerrado. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 26, p. 75-81, 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbeaa/a/93kRC9wmrW6vrPKS83Kb6yR/>. Acesso em: 10 fev. 2024.
- EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Fisiologia da Produção de Milho**. Circular técnica, 76. Sete Lagoas, MG: Embrapa, 2006. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/490408/1/Circ76.pdf>. Acesso em: 28 dez. 2023.
- EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Indicações técnicas para o cultivo de milho e de sorgo no Rio Grande do Sul**: safras 2017/2018 e 2018/2019 / LXII

Reunião Técnica Anual da Pesquisa do Milho; XLV Reunião Técnica Anual da Pesquisa do Sorgo, Sertão, RS, 17 – Brasília, DF: Embrapa, 2017. 209 p. Disponível em: <https://www.agricultura.rs.gov.br/upload/arquivos/202003/12103455-livro-indicacoes-tecnicas-milho-sorgo-2017-18-e-18-2019.pdf>. Acesso em 16 dez. 2023.

FANCELLI, A. L. Cultivo racional e sustentável requer maior conhecimento sobre planta do milho. *In*: MASSOLA JÚNIOR, N. S. (ed.). **Visão agrícola: milho**; Brasil amplia cultivo para atender demanda crescente. Piracicaba – SP: ESALQ, 2015. p. 20-23.

FANCELLI, A. L.; ALMEIDA, R. E. M. Programa racional para fertilizantes deve considerar fatores que afetam cultivo. *In*: MASSOLA JÚNIOR, N. S. (ed.). **Visão agrícola: milho**; Brasil amplia cultivo para atender demanda crescente. Piracicaba – SP: ESALQ, 2015. p. 20-23.

FELIPE, C. R. DE P.; DUARTE, J. B.; CAMARANO, L. F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no Estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 2, p. 186-199, 2010. Disponível em: <https://revistas.ufg.br/pat/article/view/6158/6890>. Acesso em: 12 fev. 2024.

FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, H. N. D. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype× environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, v. 40, p. 1043-1048, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/pqG4pZg4ZDBwSMTtpsrfz4G/?lang=en#>. Acesso em: 19 fev. 2024.

GONZÁLEZ-BARRIOS, P.; DÍAZ-GARCÍA, L.; GUTIÉRREZ, L. Mega-environmental design: Using genotype× environment interaction to optimize resources for cultivar testing. **Crop Science**, v. 59, n. 5, p. 1899-1915, 2019. Disponível em: <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2018.11.0692>. Acesso em 13 fev. 2024.

GUO, X.; YANG, Y.; LIU, H.G; LIU, G.; LIU, W.; WANG, Y.; ZHAO, R.; MING, B.; XIE, R.; WANG, K.; HOU, P.; XIAO, C.; LI, S. Effects of solar radiation on root and shoot growth of maize and the quantitative relationship between them. **Crop Science**, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/csc2.20416>. Acesso em: 11 fev. 2024.

HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A.; LAMKEY, K. R. **Corn Breeding**, v. 18, p. 463-564, 1988.

HONGYU, K.; SILVA, F. DE L.; OLIVEIRA, A. C. S. DE; SARTI, D. A.; ARAÚJO, L. B. DE; DIAS, C. T. DOS S. Comparação entre os modelos AMMI e GGE biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 33, n. 2, p. 139-155, 2015. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Kuang-Hongyu-2/publication/289952730_COMPARACAO_ENTRE_OS_MODELOS_AMMI_E_GGE_BILOT_PARA_OS_DADOS_DE_ENSAIOS_MULTI-AMBIENTAIS/links/56939b4008aee91f69a83c27/COMPARACAO-ENTRE-OS-MODELOS-AMMI-E-GGE-BILOT-PARA-OS-DADOS-DE-ENSAIOS-MULTI-AMBIENTAIS.pdf. Acesso em: 12 fev. 2024.

KHAKI, S.; KHALILZADEH, Z.; WANG, L. Predicting yield performance of parents in plant breeding: A neural collaborative filtering approach. **PLoS ONE**, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233382>.

LEON, N. DE; JANNINK, J.; EDWARDS, J. W.; KAEPLER, S. M. Introduction to a special issue on genotype by environment interaction. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2081-2089, 2016.

Disponível em:
<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2016.07.0002in>. acesso em: 7 fev. 2024.

LEPRE, A. L. **Estratificação de ambientes visando otimização da rede de ensaios de híbridos de milho para primeira e segunda safras**. 2019. Tese (doutorado em Genética e melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2019.

LIMA, L. L. **Controle genético do florescimento em milho**. 2006. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, 2006.

LUO, L.; PAN, Y.B.; QUE, Y.; ZHANG, H.; GRISHAM, M. P.; XU, L. Biplot evaluation of test environments and identification of mega-environment for sugarcane cultivars in China. **Scientific reports**, v. 5, n. 1, p. 15505, 2015. Disponível em:
<https://www.nature.com/articles/srep15505>. Acesso em: 10 fev. 2024.

MOTTA, R. C.; ALMEIDA, L. J.; LOPES, A. DE A. Redes probabilísticas baseadas em similaridade na exploração de comunidades. In: **I Workshop on Web and Text Intelligence (WTI 2008)**. 2008. p. 11. Disponível em:
https://sites.icmc.usp.br/alneu/papers2007_2009/WTI2008_artigo1.pdf. Acesso em 12 fev. 2024.

MUKRI, G.; PATIL, M. S.; MOTAGI, B. N.; BHAT, J. S.; SINGH, C.; JEEVAN KUMAR, S. P.; GADAG, R. N.; GUPTA, N. C.; SIMAL-GANDARA, J. Genetic variability, combining ability and molecular diversity-based parental line selection for heterosis breeding in field corn (*Zea mays* L.). **Molecular Biology Reports**, v. 49, n. 6, p. 4517–4524, 2022. Disponível em:
<https://link.springer.com/article/10.1007/s11033-022-07295-3>. Acesso me: 02 fev. 2024.

OLIVEIRA, R. L. DE; VON PINHO; R. G.; BALESTRE; M. FERREIRA, D. V. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 247-253, 2010. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/cbab/a/gxhjZCjVCPTLhL3X7B75B4B/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 14 jan. 2024.

OLIVOTO, T; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020. Disponível em:
<https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/2041-210X.13384>. Acesso em: 22 jan. 2024.

OYEKUNLE, M.; HARUNA, A.; BADU-APRAKU, B.; USMAN, É.; MANI, H.; ADO, S.G.; OLAOYE, G.; OBENG-ANTWI, K.; ABDULMALIK, R. O.; AHMED H. O. Assessment of early-maturing maize hybrids and testing sites using GGE biplot analysis. **Crop Science**, v. 57, n. 6, p. 2942-2950, 2017. Disponível em:
<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2016.12.1014>. Acesso em: 20 fev. 2024.

PEIXOTO, L. S. **Proposta de análise de fatores na matriz G+GA via modelos mistos em multiambientes**. 2013. Tese (doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.

PEREIRA, F. de C.; RAMALHO, M. A. P.; DE RESENDE JUNIOR, M. F. R.; PINHO, R. G. VON. Mega-environment analysis of maize breeding data from Brazil. **Scientia Agricola**, v. 79, n. 2, 2022. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sa/a/j86BtCkyfZmC8wkJWNJzvst/>. Acesso em: 20 nov. 2023.

- PINHEIRO, C. C.; PINHO, R. G. V. Estabilidade de híbridos de milho quanto à produtividade durante safra e safrinha no sul do Brasil por meio do modelo AMMI. In: Anais do 12º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. **Anais[...]** Caxambu (MG), 2023. Disponível em: <https://www.even3.com.br/anais/12cbmp/664395/>. Acesso em: 12 fev. 2024.
- RAMALHO, M. A. P., SANTOS, J. B. D., PINTO, C. A. B. P., SOUZA, E. A. D., GONÇALVES, F. M. A., & SOUZA, J. C. D. Genética na Agropecuária. 5. Ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.
- RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. DE. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 46, p. 875-883, 2011. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/n3PLDsWQ4hpgD94Gvh68rJD/>. Acesso em: 10 de fev. 2024.
- RODRIGUES, F. C.; SILVA, F. C. S.; CARNEIRO, P. C. S.; PETERNELLI, L. A.; BHERING, L. L. SILVA, F. L. DA. Environmental stratification in trials of unbalanced multiyear soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) via the integration of GGE Biplot graphs and networks of environmental similarity. **Eufítica**, v. 218, n. 6, p. 71, 2022. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-022-02994-1#Sec5>. Acesso em: 20 nov. 2023.
- SANTOS, E. G. D. Dos. **USO DE MODELOS MISTOS E GGE BILOT NA SELEÇÃO DE MEGA-AMBIENTES E DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**. 2017. Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, SP, 2017. Disponível em: <http://www.iac.sp.gov.br/areadoinstitutoposgraduacao/repositorio/storage/pb1096013.pdf>.
- SILVA, D. F. DA; GARCIA, P. H. DE M.; SANTOS, G. C. DE L.; FARIAS, I. M. S. C. DE; PÁDUA, G. V. G. DE; PEREIRA, P. H. B.; SILVA, F. E. DA; BATISTA, R. F.; NETO, S. G.; CABRAL, A. M. D. Características morfológicas, melhoramento genético e densidade de plantio das culturas do sorgo e do milho: uma revisão. **Research, Society and Development**, v. 10, n.3, 2021. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i3.13172>. Acesso em 20 fev. 2024.
- SILVA, G. N.; SILVA JÚNIOR, A. C. DA; SANT'ANNA, I. DE C.; NASCIMENTO, M.; COARES, P. C. Similarity networks for the classification of rice genotypes as to adaptability and stability. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 55, 2020. Disponível em: <https://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/26673/14588>. Acesso em: 10 fev. 2024.
- SILVA, K. J. DA; TEODORO, P. E.; SILVA, M. J. DA; TEODORO, L. P. R.; CARDOSO, M. J. GODINHO, V. DE P. C.; MOTA, J. H. SIMON, G. A.; TARDIN, F. D.; SILVA, A. R. DA; GUEDES, F. L.; MENEZES, C. B. DE. Identificação de mega-ambientes para sorgo granífero no Brasil usando metodologia GGE biplot. **Revista Agronomia**, v. 113, n. 4, p. 3019-3030, 2021. Disponível em: <https://access-onlinelibrary-wiley.ez26.periodicos.capes.gov.br/doi/full/10.1002/agj2.20707>. Acesso em: 10 fev. 2024.
- SILVA, R. R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, v. 42, p. 1404-1412, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/XnGqCDkFTxLDGLRwnwwJ7dv/?lang=pt&format=html>. Acesso em: 23 fev. 2023.
- SIMON, G. A.; SCAPIM, A. C.; MORAES, R. N. O.; GOMES, L. R. DA; KUKI, M. C. Genotype-environment interaction on baby corn production. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 41, n. 2, p. 383-394, 2020. Disponível em:

https://www.oasisbr.ibict.br/vufind/Record/UEL-11_4cf2013c8284ae7be18fa4b0d2d7df58. Acesso em: 12 jan. 2024.

VON PINHO, R. G.; SILVA, E. V. V.; OLIVEIRA, T. L. DE. Challenges of maize breeding under tropical conditions of Brazil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 21, 2022. Disponível em: <https://rbms.abms.org.br/index.php/ojs/article/view/1258>. Acesso em: 22 dez. 2023.

YAN, W. GGEbiplot—A Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy journal**, v. 93, n. 5, p. 1111-1118, 2001. Disponível em: https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2134/agronj2001.9351111x?casa_token=HQZUK4Bc9GcAAAAA:gHTFpPYu4EJxF4cA9OYdV8O0BX-OWLZPyV0QctUbuRElzS4Rq3S9QbBSQFkzPFQXqth7wb0dFMT8Dqw. Acesso em: 12 fev. 2024.

YAN, W. Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multiyear data. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 113-122, 2015. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2014.03.0203>. Acesso em: 20 nov. 2023.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. **Canadian journal of plant science**, v. 86, n. 3, p. 623-645, 2006. Disponível em: <https://cdnsiencepub.com/doi/abs/10.4141/P05-169>. Acesso em: 28 jan. 2024.

YAN, Weikai. A systematic narration of some key concepts and procedures in plant breeding. **Frontiers in plant science**, v. 12, p. 724517, 2021. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2021.724517/full>. Acesso em: 13 fev. 2024.

YAN, Weikai; NILSEN, Kirby T.; BEATTIE, Aaron. Mega-environment analysis and breeding for specific adaptation. **Crop Science**, v. 63, n. 2, p. 480-494, 2023. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/csc2.20895>. Acesso em 12 fev. 2024.

ZANCANARI, N. S. **Anatomia e morfologia de plantas de milho com diferentes números de alelos transgênicos**. 2019. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Jaboticabal, 2019.

ZYSTRO, J.; PETERS, T. E.; MILLER, K. M.; TRACY, W. F. Inbred and hybrid sweet corn genotype performance in diverse organic environments. **Crop Science**, v. 61, n. 4, p. 2280-2293, 2021. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/csc2.20457>. Acesso em: 12 fev. 2024.

APÊNDICES

APÊNDICE A – Resumo da análise de variância conjunta para componentes de variância (VAR) dos efeitos aleatórios, e teste de significância χ^2 .

(continua)

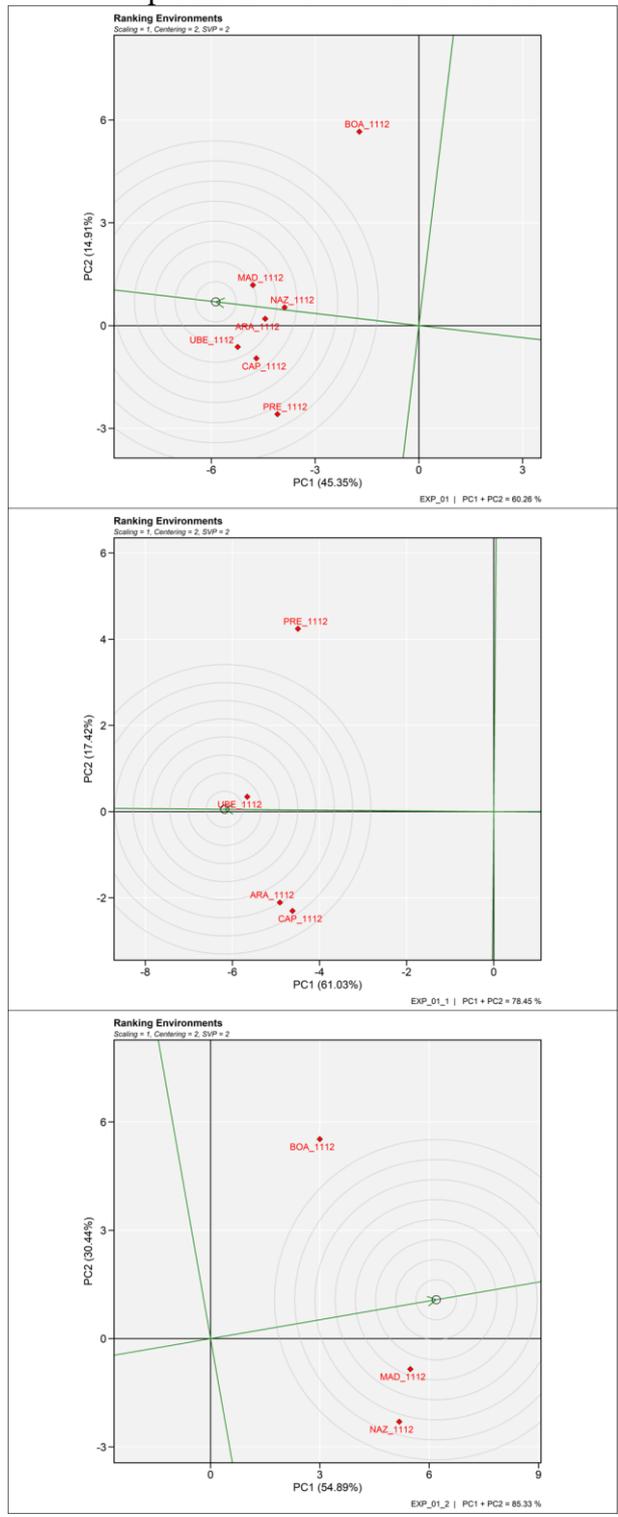
Safra	EXP	Efeito aleatório	VAR	VAR (%)	LRT (χ^2)
2011/12	1	AMB	0,760	22,80	18,394***
		HIB:AMB	1,730	52,00	230,002***
		REP:AMB	0,009	0,27	0,695 ^{NS}
		ERRO	0,828	24,90	-
2011/12	2	AMB	1,090	32,40	29,449***
		HIB:AMB	1,770	52,70	315,711***
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	0,500	14,90	-
2011/12	3	AMB	1,040	31,30	29,502***
		HIB:AMB	1,710	51,60	283,540***
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	0,565	17,10	-
2011/12	4	AMB	1,230	34,20	27,250***
		HIB:AMB	1,940	54,00	374,880**
		REP:AMB	0,003	0,08	0,270 ^{NS}
		ERRO	0,422	11,70	-
2011/12	5	AMB	0,803	27,30	31,010***
		HIB:AMB	1,740	59,00	354,040***
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	0,402	13,70	-
2011/12	6	AMB	1,280	39,60	50,920***
		HIB:AMB	1,420	43,80	619,580***
		REP:AMB	0,008	0,25	3,08 ^{NS}
		ERRO	0,527	16,30	-
2012/13	7	AMB	1,060	19,70	24,016***
		HIB:AMB	1,010	18,80	49,280***
		REP:AMB	0,018	0,33	0,382 ^{NS}
		ERRO	3,280	61,20	-
2012/13	8	AMB	0,932	19,10	22,179***
		HIB:AMB	0,558	11,40	22,115***
		REP:AMB	0,021	0,44	0,529 ^{NS}
		ERRO	3,370	69,00	-
2012/13	9	AMB	0,881	16,10	13,188***
		HIB:AMB	0,525	9,58	6,431*
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	4,070	74,30	-
2012/13	10	AMB	0,915	16,00	10,410**
		HIB:AMB	0,625	10,90	6,592*
		REP:AMB	0,004	0,07	0,007 ^{NS}
		ERRO	4,170	73,00	-
2012/13	11	AMB	1,610	26,90	37,409***
		HIB:AMB	1,010	16,80	48,308***
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	3,380	56,30	-
2012/13	12	AMB	1,040	16,80	9,729**
		HIB:AMB	0,708	11,40	8,313**
		REP:AMB	0,027	0,44	0,247 ^{NS}
		ERRO	4,430	71,30	-

		(conclusão)			
2013/14	13	AMB	2,940	32,80	12,213***
		HIB:AMB	0,855	9,53	3,276 ^{NS}
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	5,180	57,70	-
2013/14	14	AMB	2,010	29,50	11,265***
		HIB:AMB	1,120	16,40	10,098**
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	3,680	54,10	-
2013/14	15	AMB	1,870	26,10	13,250***
		HIB:AMB	1,340	18,70	11,868***
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	3,960	55,20	-
2013/14	16	AMB	2,830	33,00	13,909***
		HIB:AMB	1,730	20,10	17,066***
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	4,040	46,90	-
2013/14	17	AMB	3,550	35,20	13,902***
		HIB:AMB	1,360	13,50	7,962**
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	5,190	51,30	-
2013/14	18	AMB	2,120	25,70	10,859***
		HIB:AMB	1,090	13,20	5,660*
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	5,050	61,10	-
2013/15	19	AMB	0,784	13,50	7,832**
		HIB:AMB	0,818	14,10	4,843*
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	4,190	72,40	-
2013/14	20	AMB	1,670	23,70	11,591***
		HIB:AMB	0,722	10,30	3,274 ^{NS}
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	4,640	66,00	-
2013/14	21	AMB	3,880	39,30	13,511***
		HIB:AMB	1,340	13,60	9,399**
		REP:AMB	0,000	0,00	0,000 ^{NS}
		ERRO	4,660	47,10	-

Fonte: Do autor (2024).

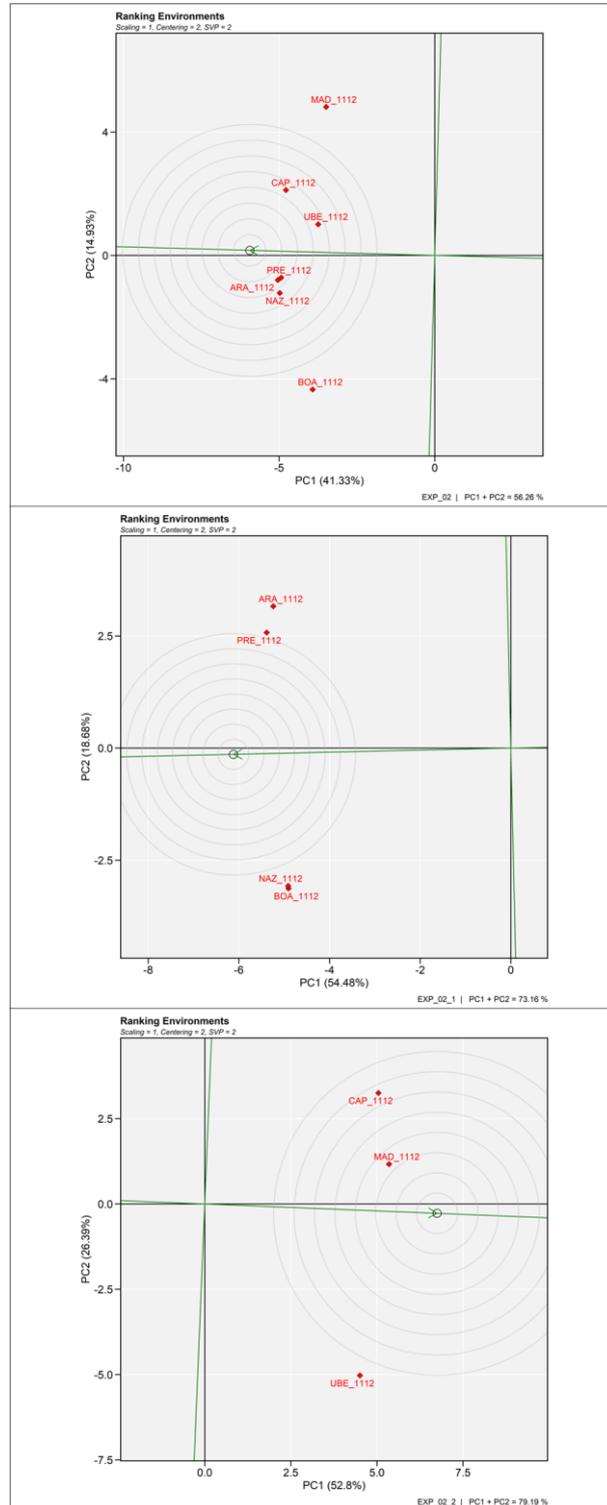
Nota: Códigos das significâncias do teste χ^2 dos efeitos aleatórios ***0,001; **0,01; *0,05; ^{NS} >0,05. AMB: ambiente; HIB: híbrido; REP: repetição.

APÊNDICE B – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 01 da safra 2011/12.



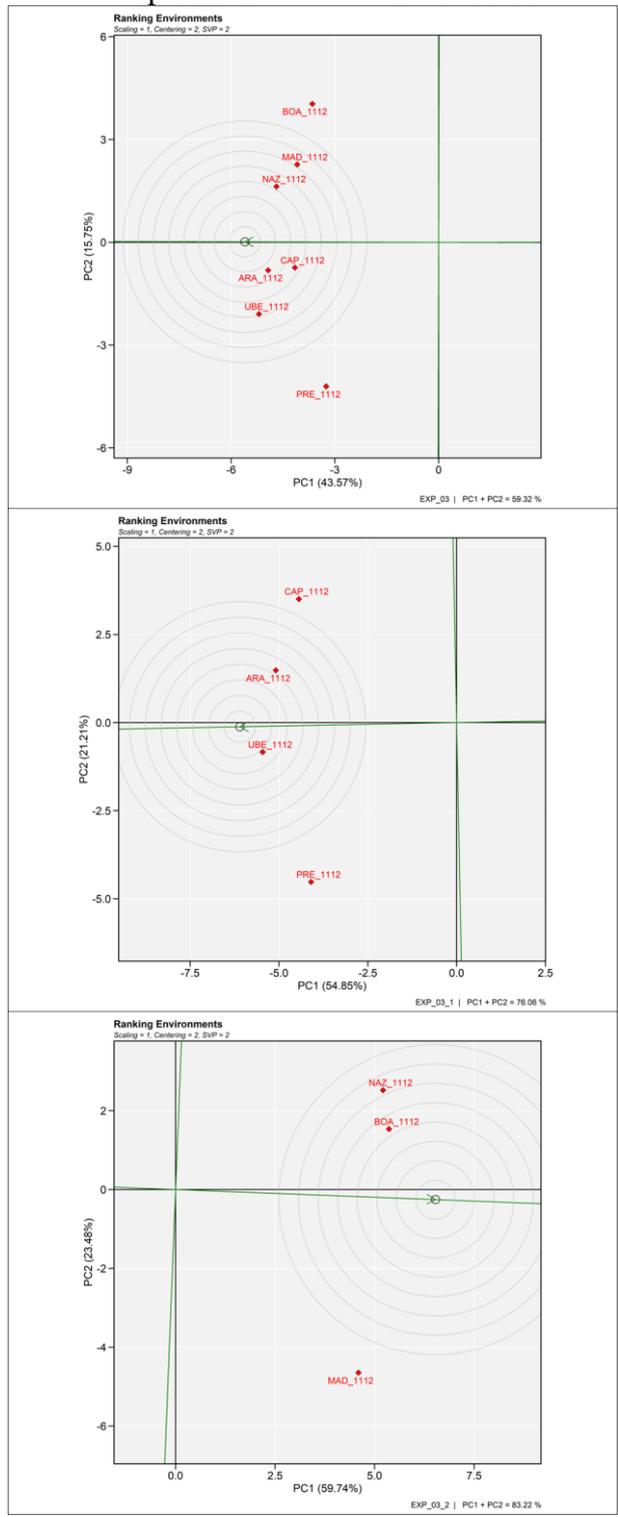
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE C – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 02 da safra 2011/12.



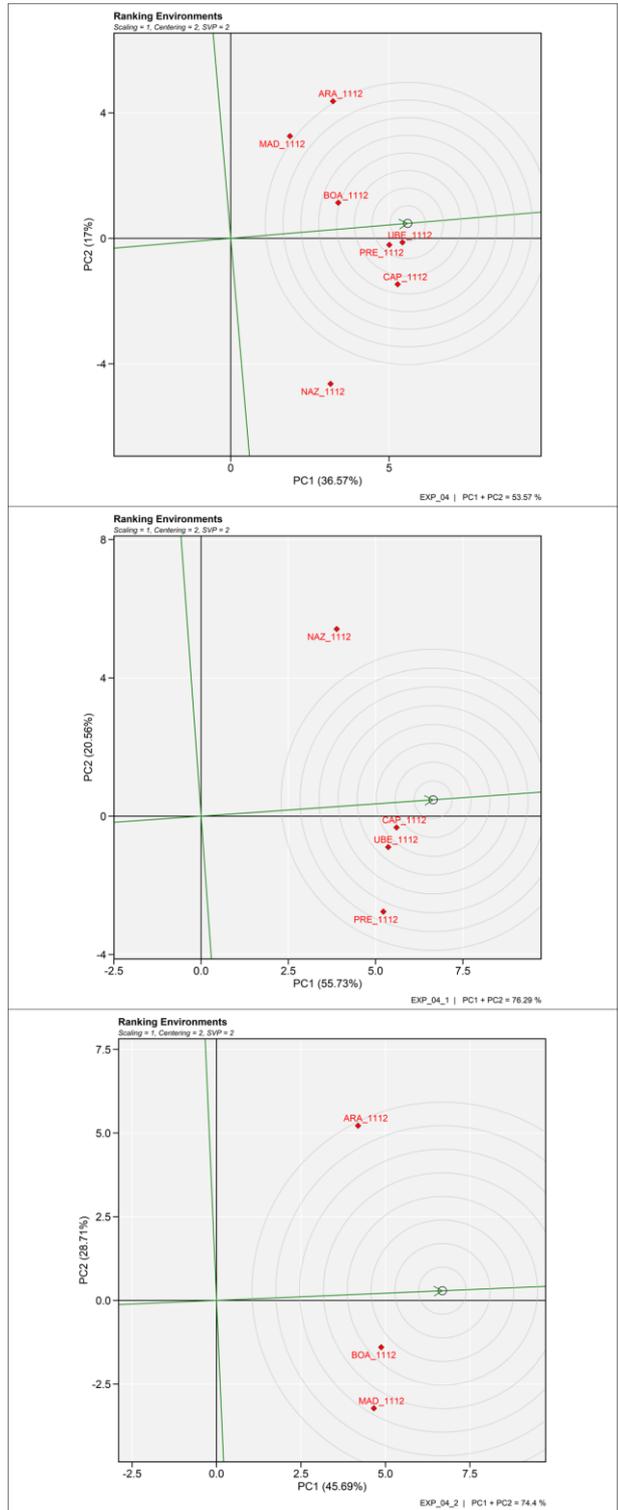
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE D – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 03 da safra 2011/12.



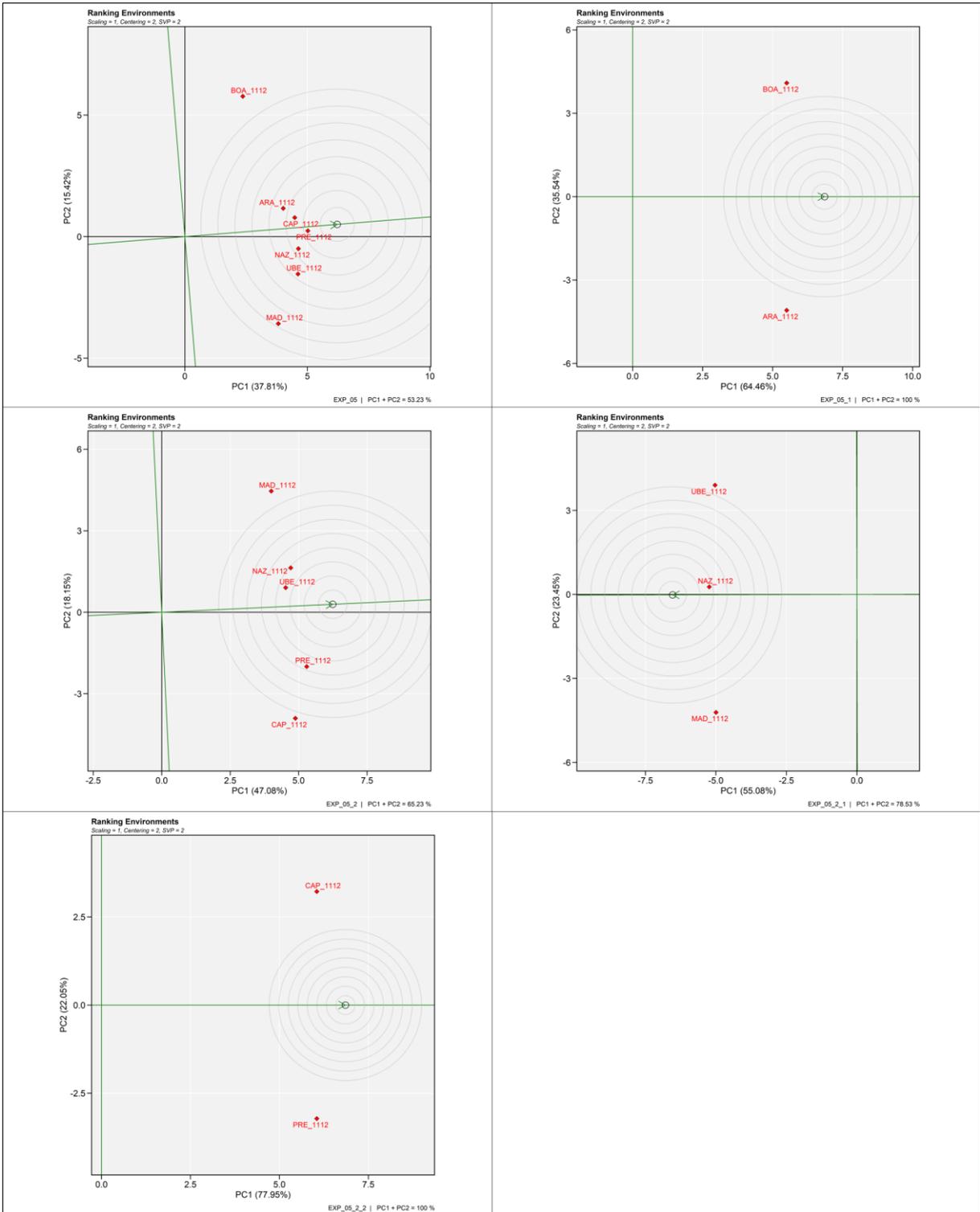
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE E – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 04 da safra 2011/12.



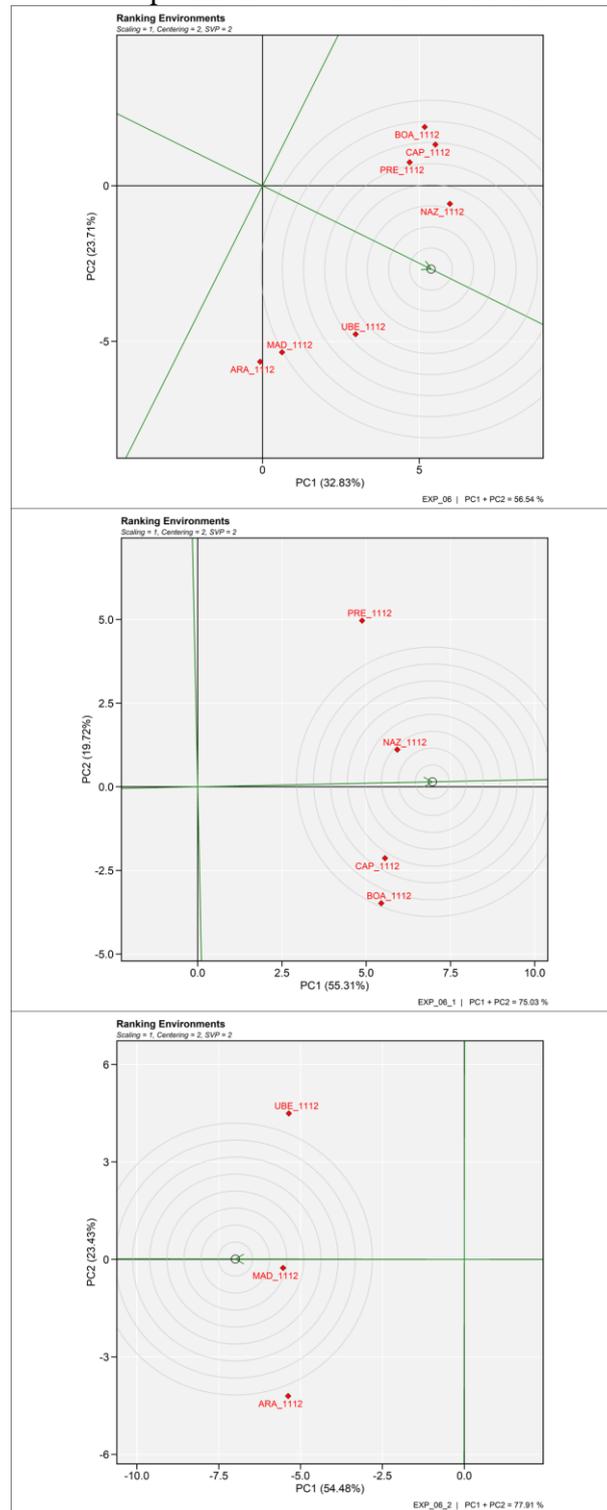
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE F – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 05 da safra 2011/12.



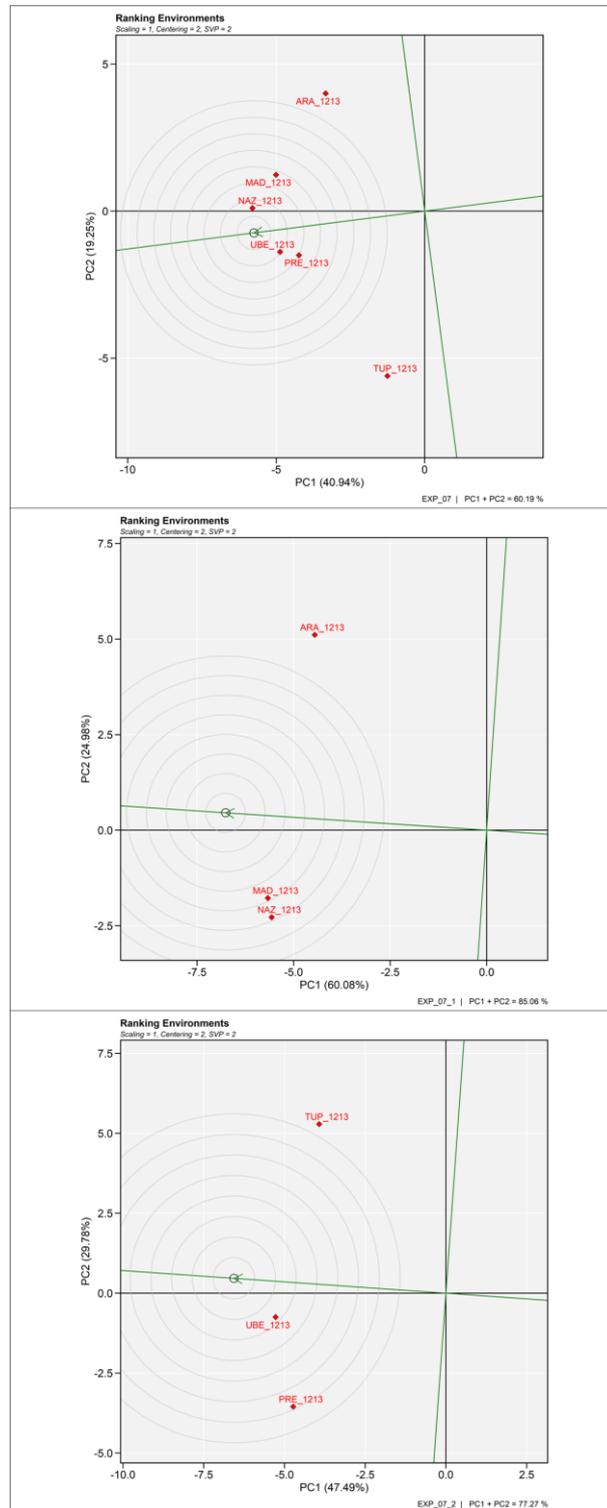
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE G – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 06 da safra 2011/12.



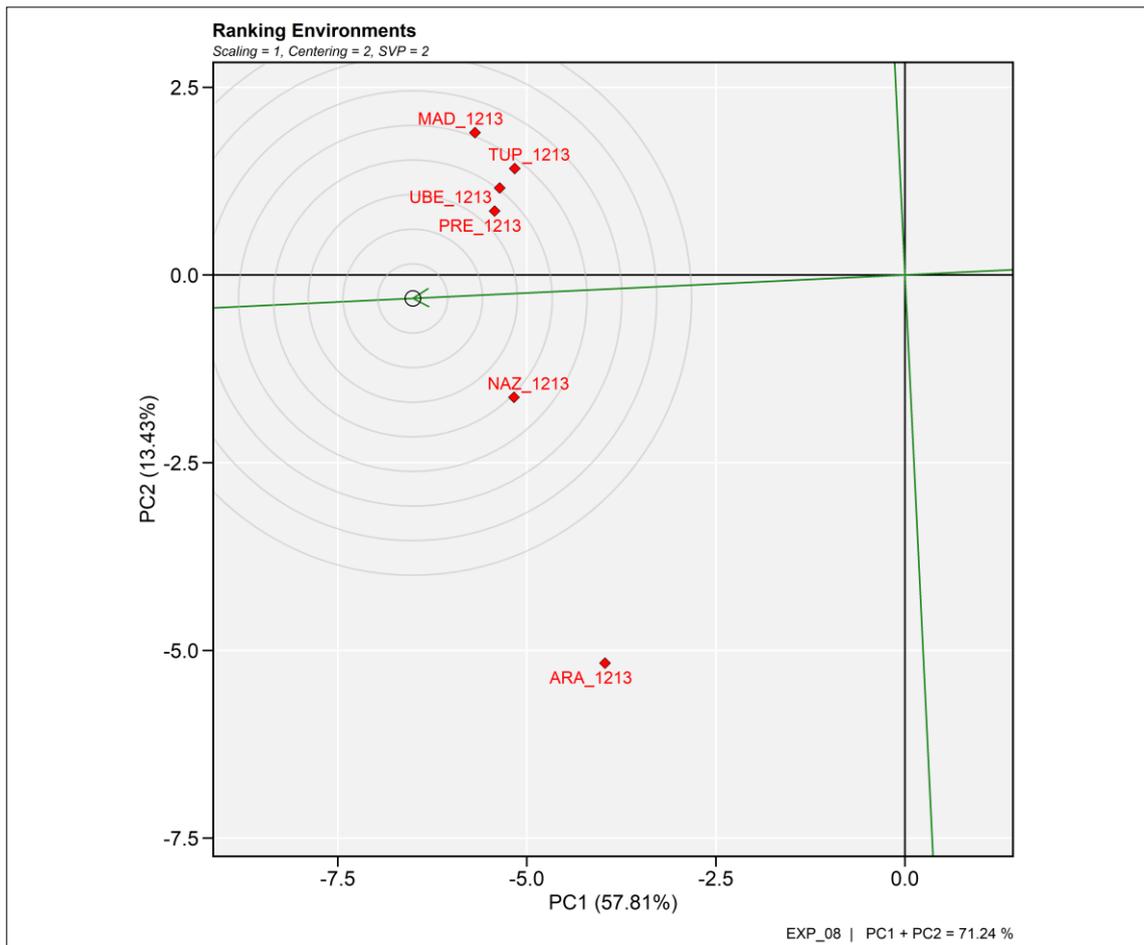
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE H – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 07 da safra 2012/13.



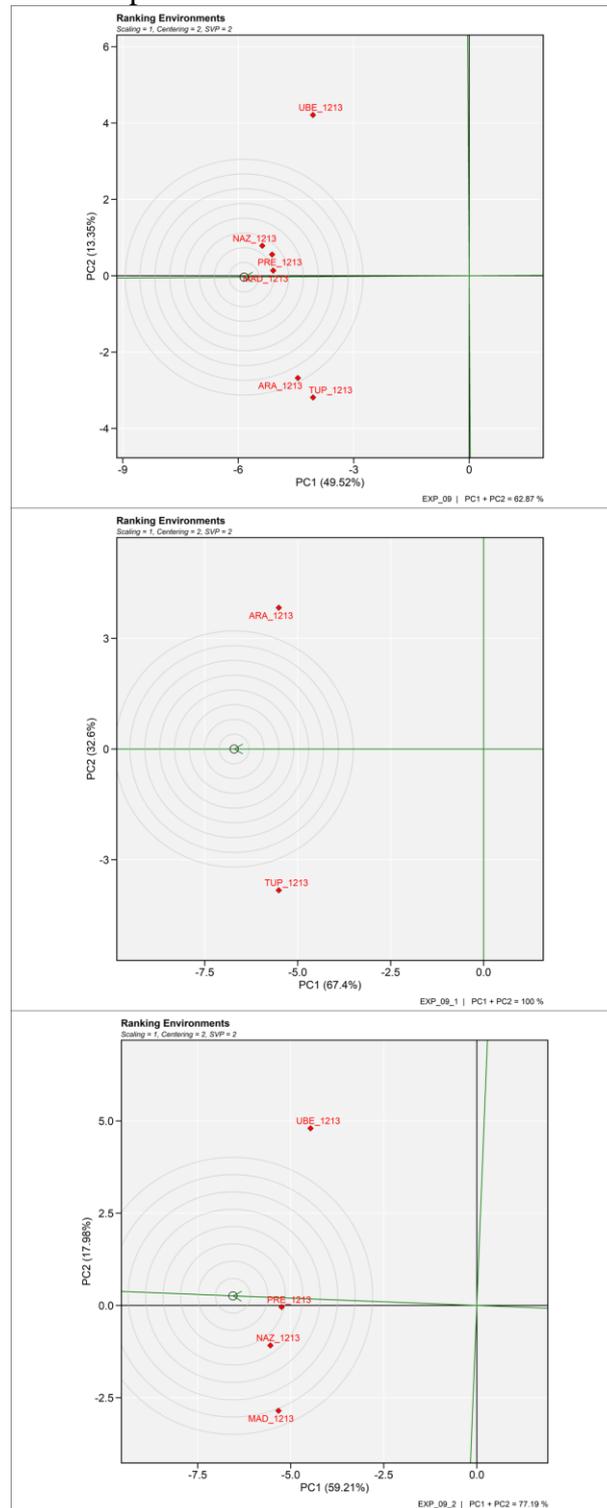
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE I – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 08 da safra 2012/13.



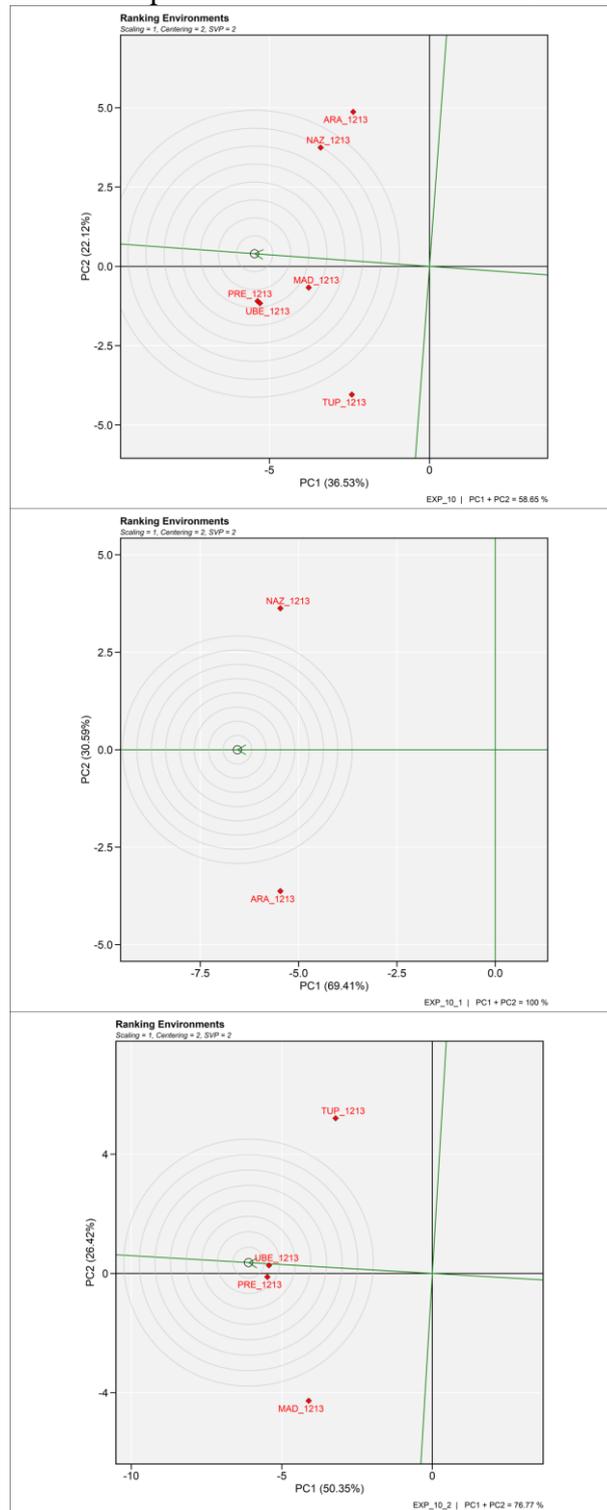
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE J – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 09 da safra 2012/13.



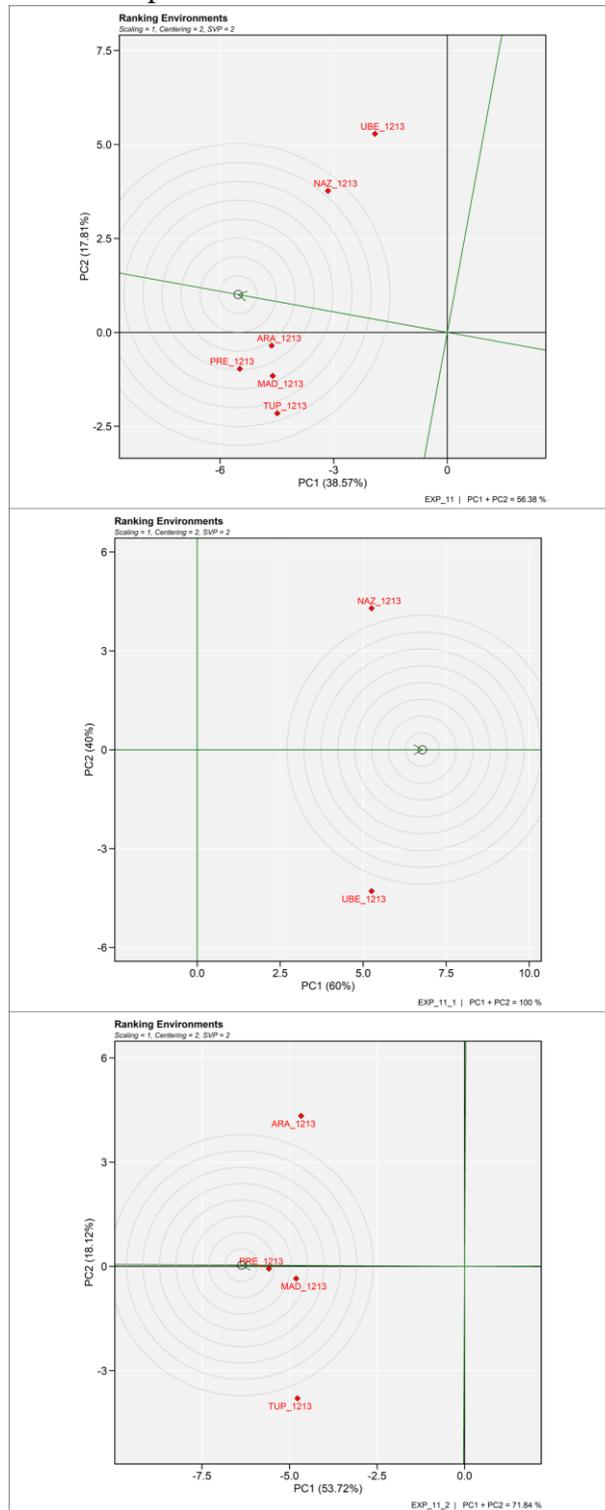
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE K – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 10 da safra 2012/13.



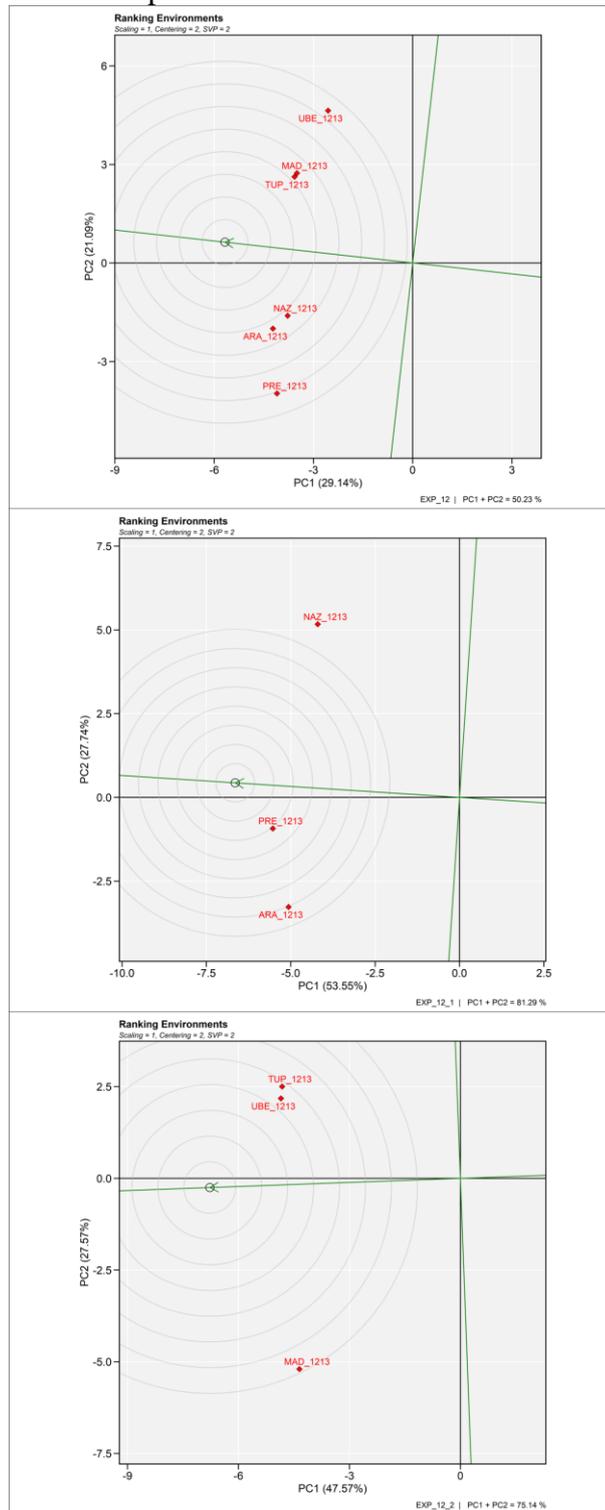
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE L – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 11 da safra 2012/13.



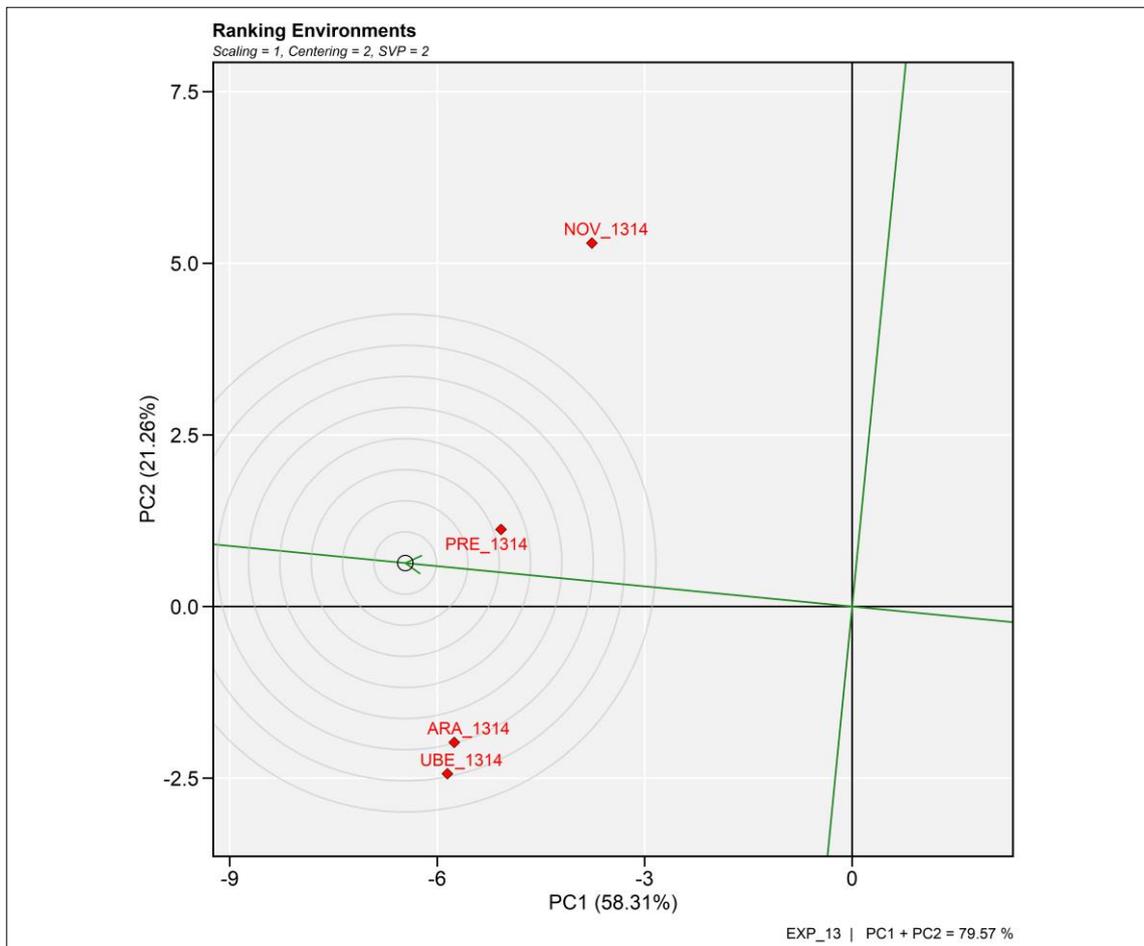
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE M – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 12 da safra 2012/13.



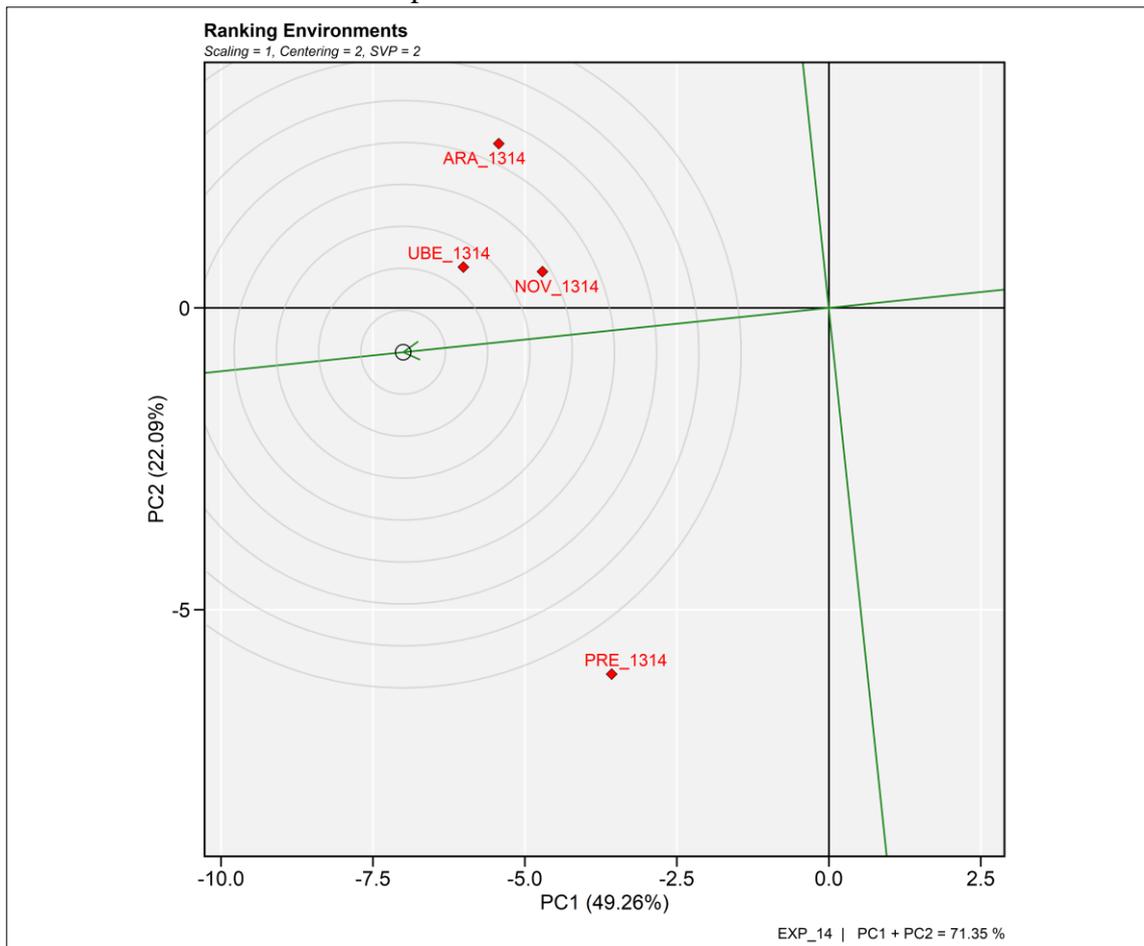
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE N – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 13 da safra 2013/14.



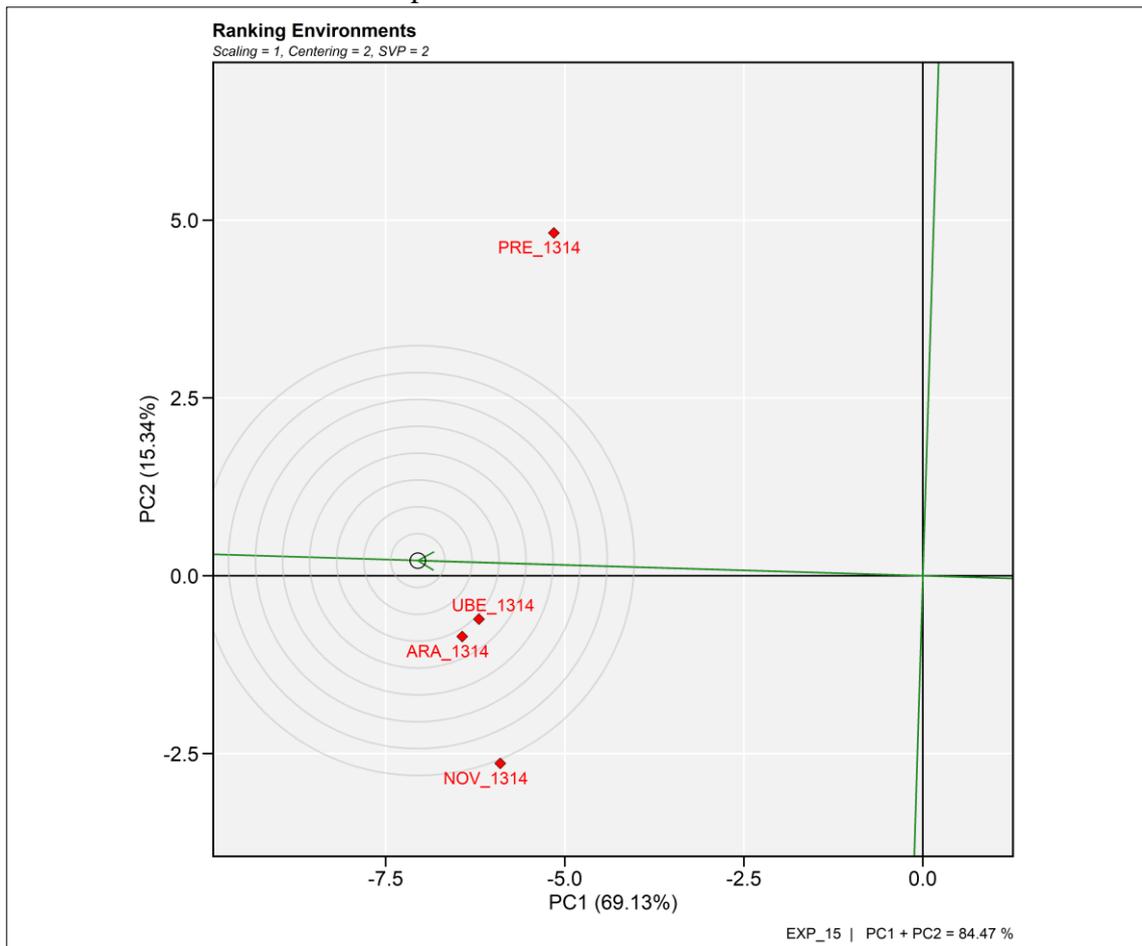
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE O – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 14 da safra 2013/14.



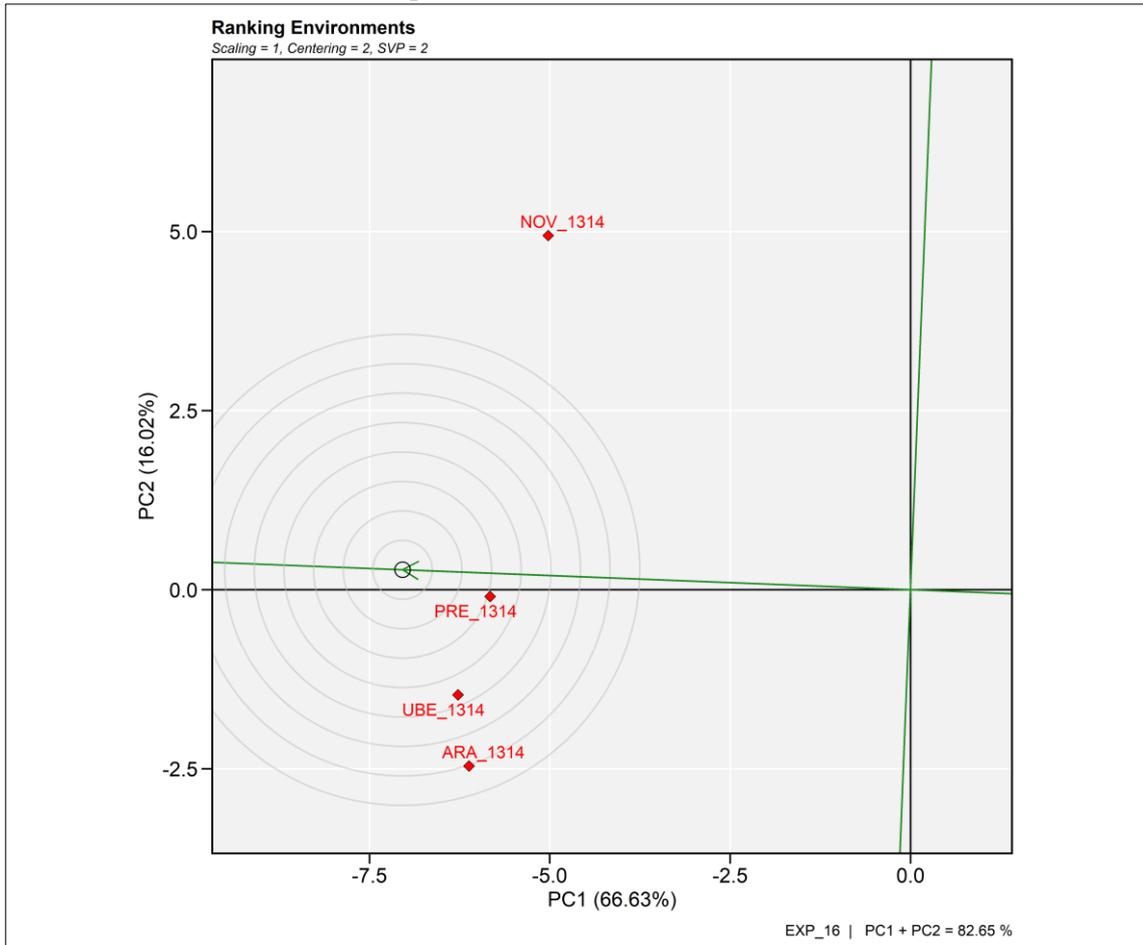
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE P – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 15 da safra 2013/14.



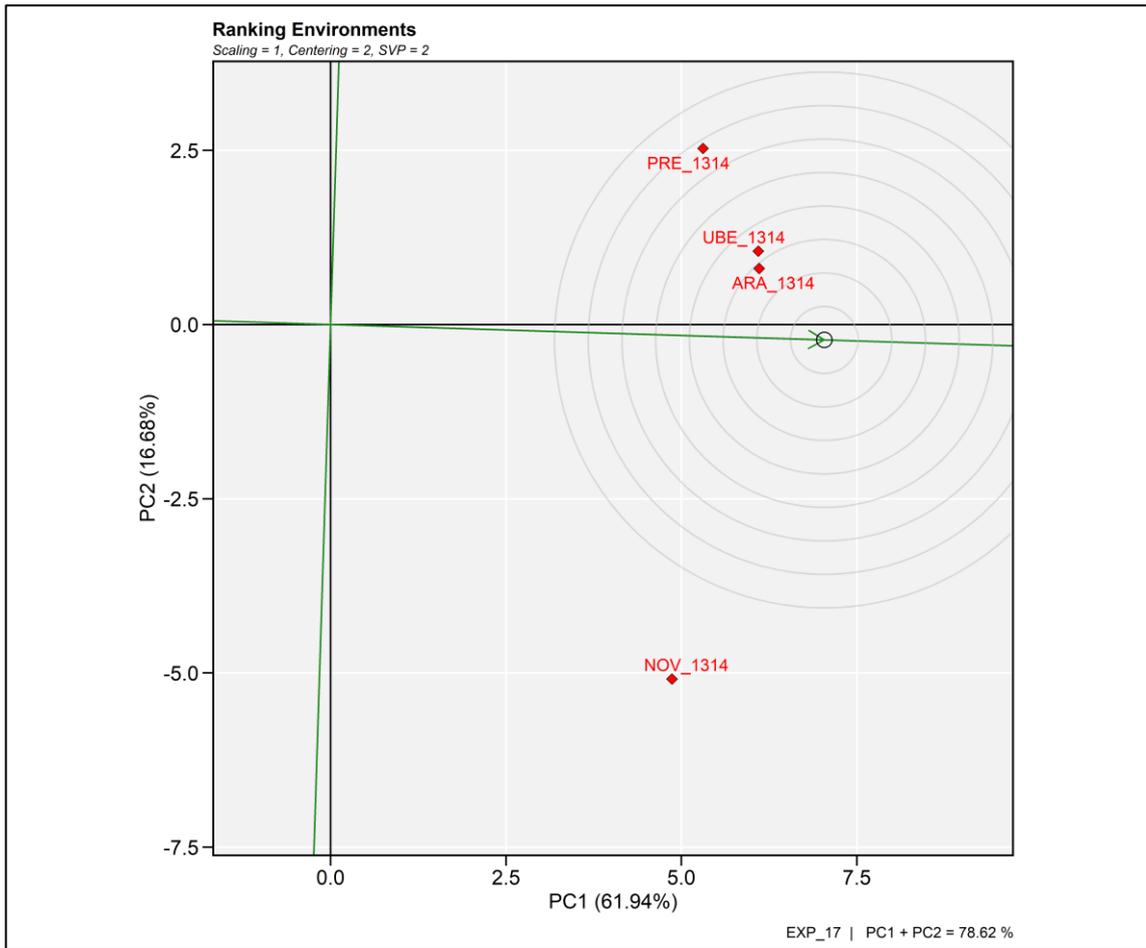
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE Q – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 16 da safra 2013/14.



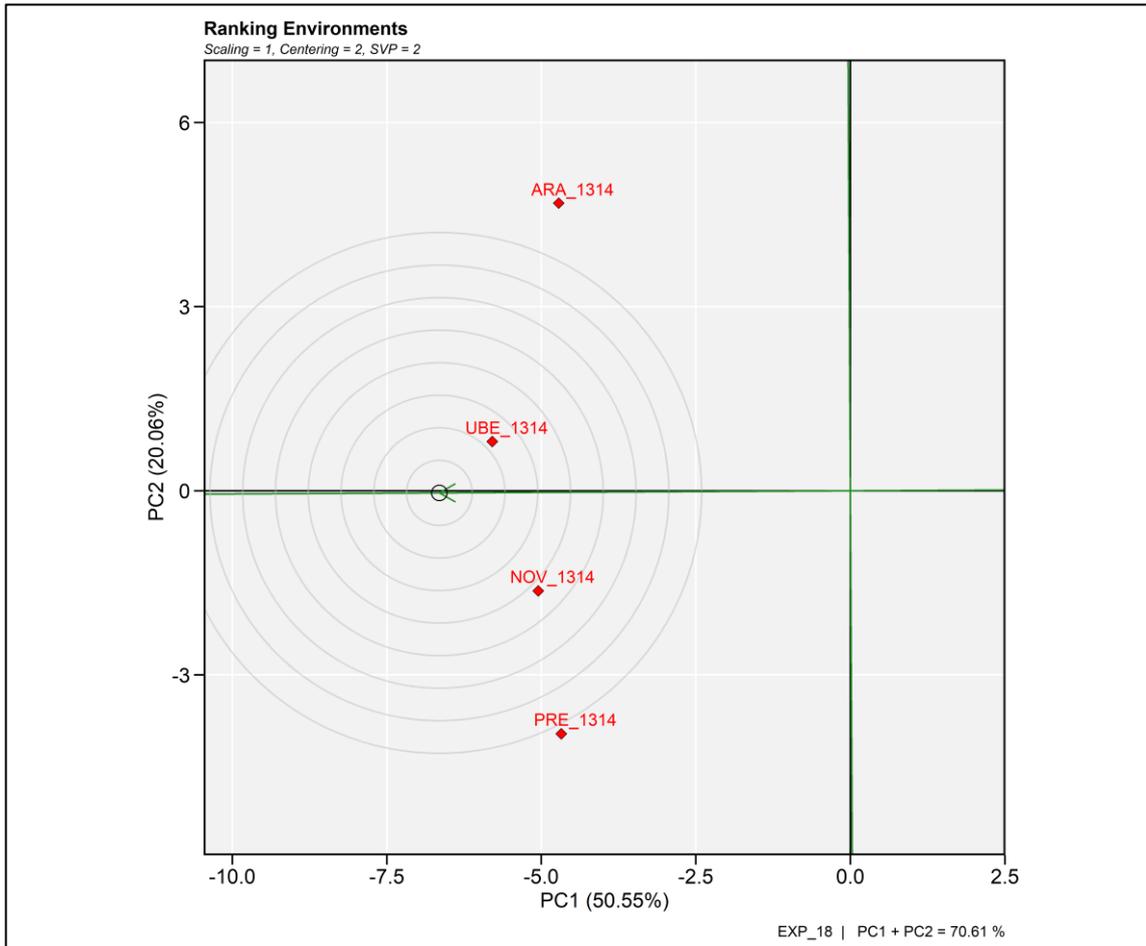
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE R – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 17 da safra 2013/14.



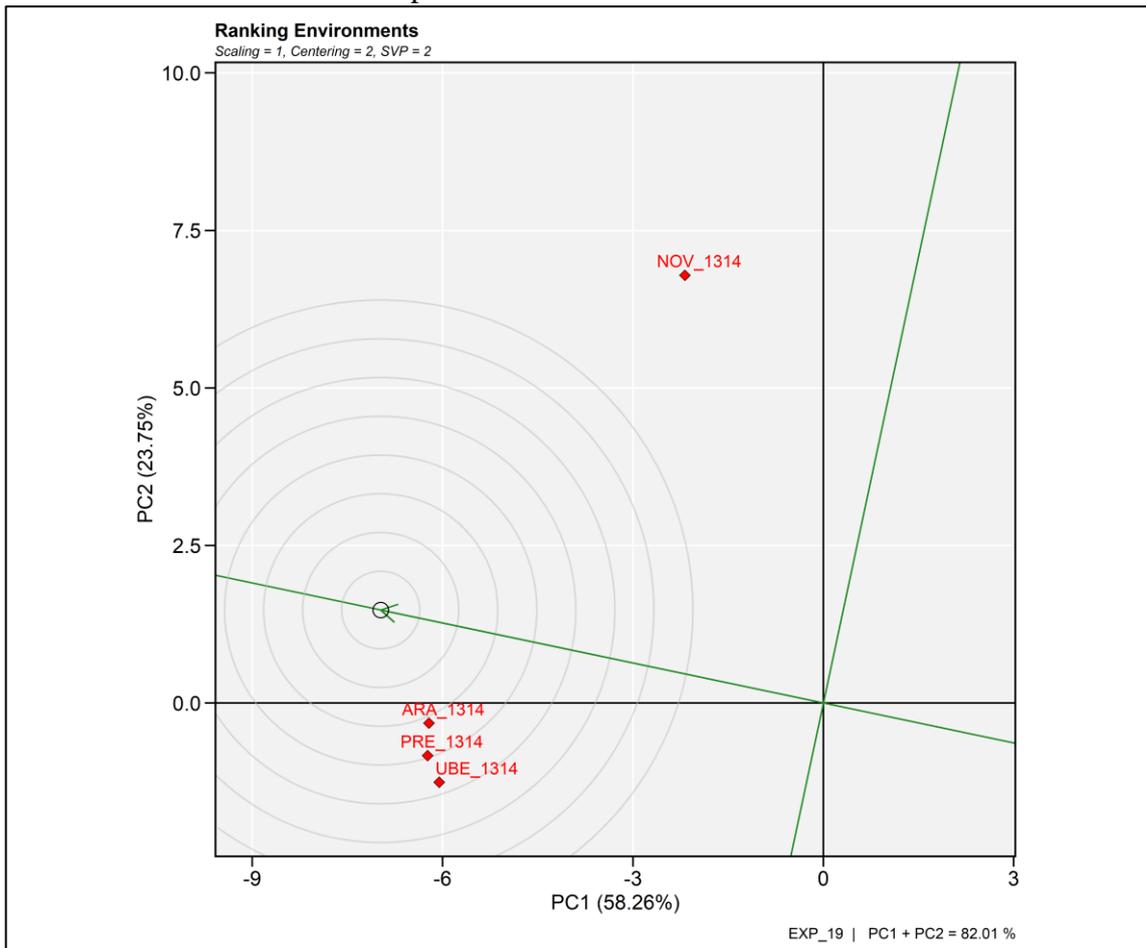
Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE S – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 18 da safra 2013/14.

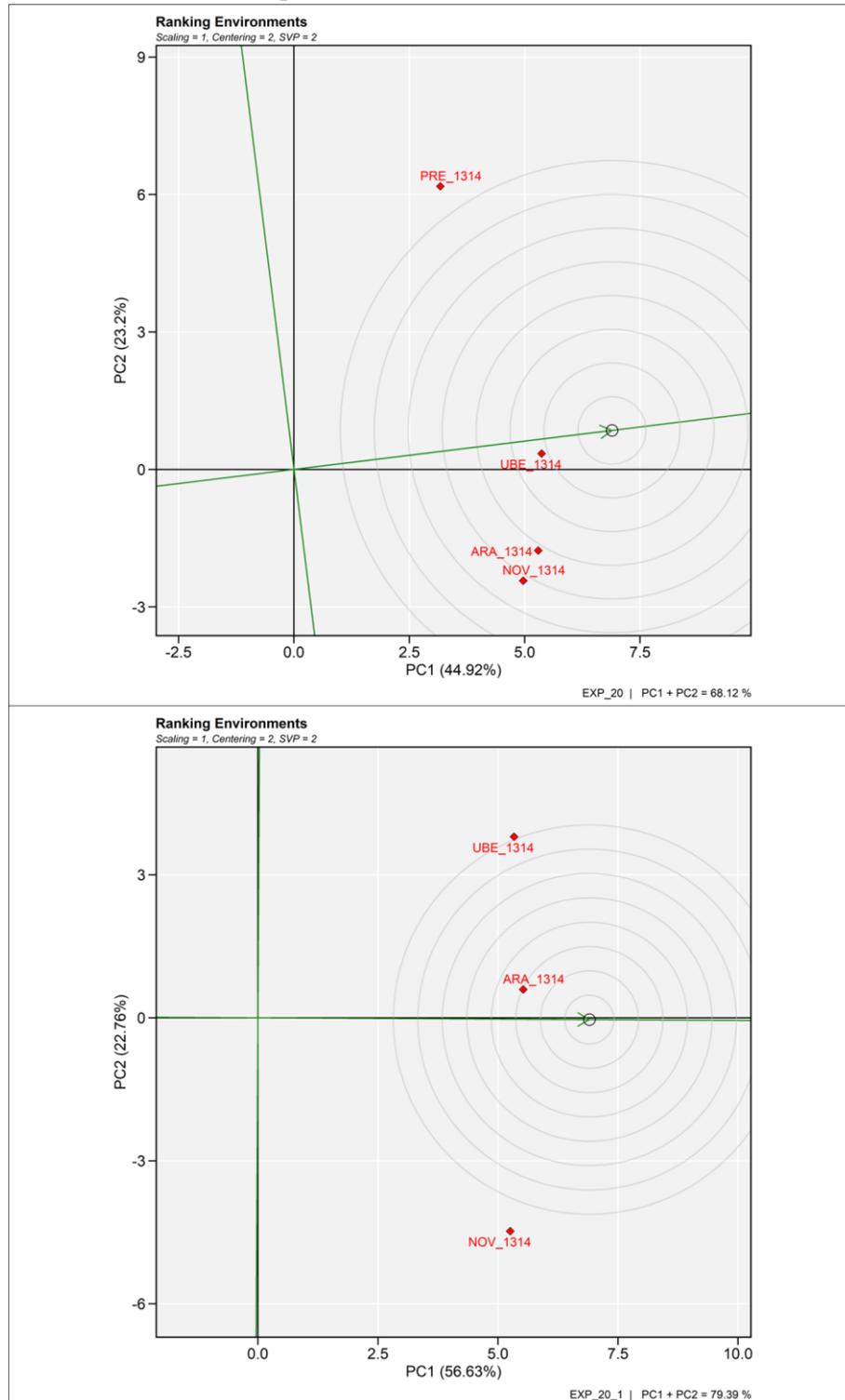


Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE T – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 19 da safra 2013/14.



APÊNDICE U – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 20 da safra 2013/14.



Fonte: Do autor (2024).

APÊNDICE V – GGE biplot com os dois primeiros componentes principais, para identificação de mega-ambientes com base na linha do ambiente médio. Nos locais de plantio do experimento 21 da safra 2013/14.



Fonte: Do autor (2024).