



**ISSUFO SALIMO MECURÃO**

**PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE  
DE GENÓTIPOS DE MILHO (*Zea mays* L.), DE BAIXO CUSTO  
DE SEMENTES.**

**LAVRAS – MG  
2024**

**ISSUFO SALIMO MECURÃO**

**PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE MILHO (*Zea mays* L.), DE BAIXO CUSTO DE SEMENTES.**

Dissertação 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 Melhoramento Genético de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
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).

Mecurão, Issufo Salimo.

Produtividade e Adaptabilidade e Estabilidade de Genótipos de  
Milho (*Zea mays* L.), de baixo custo de Sementes. / Issufo Salimo  
Mecurão. - 2024.

53 p.

Orientador(a): João Cândido de Souza.

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

Bibliografia.

1. REML/BLUP. 2. modelo linear misto. 3. GGE Biplot. I.  
Souza, João Cândido de. II. Título.

**ISSUFO SALIMO MECURÃO**

**PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE MILHO (*Zea mays* L.), DE BAIXO CUSTO DE SEMENTES.**

**PRODUCTIVITY, ADAPTABILITY AND STABILITY OF LOW-COST SEED GENOTYPES OF MAIZE (*Zea mays* L.)**

Dissertação 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 Melhoramento Genético de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 16 de agosto de 2024  
Dr. João Candido de Souza – UFLA  
Dr<sup>a</sup>. Flavia Maria Avelar Gonçalves – UFLA  
Dr. Roberto dos Santos Trindade - EMBRAPA

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS – MG  
2024**

Aos meus pais, meus primeiros professores Salimo Mecerão e Etelvina Joaquim Cònsula, pelos ensinamentos de vida, exemplo de caráter, pelo amor e apoio incondicional em todas etapas da vida.

À minha esposa Dinazarte, aos meus filhos Mikaella, Riyaad e Imraan, minha motivação.

Dedico

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus, na sua grandeza pela saúde, oportunidades e força em todos momentos da minha vida.

Aos meus pais, Salimo Mecurão e Etelvina Joaquim Cònsula, aos meus irmãos, Joaquim Mecurão, Abubacar Mecurão, Amilcar Mecurão e Carlos Mecurão, às minhas irmãs Adenilde Pereira, Amelia Mecurão e Ancha Mecurão, à minha esposa Dinazarte Abdala e aos meus filhos Mikaella Mecurão, Riyaad Mecurão e Imraan Mecurão, por serem minha base na vida, acreditarem em mim e terem paciência de me esperar.

À minha companheira Lúcia Assane por toda cumplicidade e acolhimento, durante essa jornada.

Especial agradecimento ao professor João Cândido de Souza, pela confiança, suporte, orientação e conhecimentos passados ao longo do mestrado. Aos colegas do grupo do milho, Lorena Queiroz, Alcides Charimba, Jonas Cavalcante, Cesar Pedro e Letícia Silva. Aos técnicos da fazenda Muquém, a destacar, Leo, Edésio e Eduardo, por todos os momentos de companheirismo, amizade e colaboração na condução dos experimentos.

Ao INGD – Moçambique, pela permissão e apoio burocrático para cursar o mestrado no Brasil.

Meu muito obrigado à EMBRAPA Milho e Sorgo, por toda colaboração durante as pesquisas.

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de crescimento proporcionada. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de mestrado.

E a todos que de algum modo contribuíram para a realização do curso e deste trabalho...

Muito obrigado!

## RESUMO

A identificação de genótipos com ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de milho (*Zea mays* L.), para aumentar a produção e dar resposta a crescente procura desse cereal no agronegócio brasileiro. Esse aumento na demanda do milho, faz com que os insumos, sobretudo sementes de híbridos, estejam no mercado a preços altos dificultando o acesso aos pequenos agricultores, que muitas vezes acabam optando por salvar sementes. O uso de variedades com bom desempenho pode ser uma alternativa viável para os pequenos agricultores, tanto pelo custo no mercado quanto pela produção, do que salvar sementes que reduz significativamente a produção. Este trabalho objetivou avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 25 genótipos de milho de baixo custo de semente, para recomendar aos pequenos agricultores. Foram montados ensaios em 11 ambientes, nas regiões norte, nordeste, centro-oeste e sudeste do Brasil. Os estudos foram realizados no ano de cultivo de 2022/2023. A análise de dados foi realizada utilizando o procedimento REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/best linear unbiased prediction*), sendo realizada uma análise de deviance (ANADEV) baseada no modelo linear misto sob heterogeneidade dentro dos ambientes e comparadas as medias pelo teste LRT (*Likelihood ratio test*/Teste de Verossimilhança) e a eficiência experimental apurada por meio da acurácia seletiva. Para verificar a adaptabilidade e estabilidade, assim como a estratificação ambiental utilizou-se o método tradicional, avaliando a interação significativa entre ambientes e a dissimilaridade ambiental pelo método proposto por Annicchiarico (1992), integrado ao GGE Biplot (*Genotype plus Genotype-by-Environment*). Pelos métodos Annicchiarico e análise gráfica GGE biplot, os genótipos Sintético 91801601 (G20) e HTC697 (G9), Sintético 91801592 (G16) e Sintético 91801596 (G17) foram considerados de alto desempenho pelo índice de confiança e distância do genótipo ideal, respectivamente, porém, os genótipos Sintético 91801601 (G20), HTC697 (G9) e Sintético 91801596 (G17), foram os que combinaram alta adaptabilidade, estabilidade e melhor média de produtividade sendo que a produtividade média foi 5,99 ton/ha. Foram identificados dois mega ambientes, indicando variações significativas nos ambientes.

**Palavras-chaves:** REML/BLUP; modelo linear misto; GGE Biplot;

## ABSTRACT

The identification of genotypes with broad adaptability and phenotypic stability is one of the main objectives of maize (*Zea mays* L.) breeding programs, aimed at increasing production to meet the growing demand for this crop in Brazilian agribusiness. This increase in maize demand has led to higher input prices, especially hybrid seeds, making it challenging for small-scale farmers to afford them, often resulting in farmers opting to save seeds. The use of varieties with good performance can be a viable alternative for small farmers, both in terms of market cost and production yield, compared to saving seeds, which significantly reduces productivity. This study aimed to evaluate the adaptability and stability of 25 maize genotypes with low seed costs to recommend them to small farmers. Trials were conducted in 11 environments across northern, northeastern, central-western, and southeastern regions of Brazil. The studies were carried out during the 2022/2023 growing season. Data analysis was performed using the REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction*) procedure, with a deviance analysis (ANADEV) based on a mixed linear model under heterogeneity within environments, and means were compared using the LRT (*Likelihood Ratio Test*). Experimental efficiency was assessed through selective accuracy. To verify adaptability and stability, as well as environmental stratification, the traditional method was used, evaluating the significant interaction between environments and environmental dissimilarity by the method proposed by Annicchiarico (1992), integrated with GGE Biplot (Genotype plus Genotype-by-Environment). Using the Annicchiarico method and GGE biplot graphical analysis, the genotypes Synthetic 91801601 (G20), HTC 697 (G9), Synthetic 91801592 (G16), and Synthetic 91801596 (G17) were considered high-performing based on the confidence index and the distance from the ideal genotype, respectively. However, the genotypes Synthetic 91801601 (G20), HTC 697 (G9), and Synthetic 91801596 (G17) combined high adaptability, stability, and better average productivity, with an average yield of 5.99 tons/ha. Two mega-environments were identified, indicating significant environmental variations.

Keywords: REML/BLUP; mixed linear model; GGE Biplot;

## INDICADORES DE IMPACTO

Visando atender a crescente demanda do agronegócio brasileiro, a identificação de genótipos com ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica é crucial para programas de melhoramento de milho. Este estudo avaliou 25 genótipos de milho de baixo custo, com o objetivo de recomendar variedades mais acessíveis a pequenos agricultores, que frequentemente enfrentam dificuldades para adquirir sementes híbridas devido aos altos preços. A pesquisa, realizada em 11 ambientes em diversas regiões do Brasil durante o ano agrícola de 2022/2023, utilizou métodos avançados como REML/BLUP e GGE Biplot para analisar a adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental dos genótipos. Os genótipos Sintético 91801601 (G20), HTC 697 (G9) e Sintético 91801596 (G17) destacaram-se por sua alta adaptabilidade, estabilidade e produtividade média de 5,99 ton/ha, sendo recomendados para uso em dois mega ambientes identificados. Os impactos dessa pesquisa são amplos, beneficiando socialmente pequenos agricultores ao proporcionar acesso a variedades mais produtivas e economicamente viáveis, reduzindo a dependência de sementes comerciais caras. Tecnologicamente, o estudo avança na avaliação precisa de genótipos adaptados às condições ambientais brasileiras, enquanto, economicamente, promove o aumento da produtividade agrícola e a redução de custos. Culturalmente, valoriza o conhecimento local e as práticas agrícolas tradicionais. Relacionado às áreas temáticas da Política Nacional de Extensão, o estudo se enquadra em Tecnologia e Produção, Desenvolvimento Rural e Sustentabilidade. Quanto aos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável, contribui para o ODS 1 (Erradicação da pobreza), ODS 2 (Fome Zero e Agricultura Sustentável), ODS 8 (Trabalho Decente e Crescimento Econômico), ODS 10 (Redução das desigualdades) e ODS 12 (Consumo e Produção Responsáveis), ao promover práticas agrícolas sustentáveis e economicamente viáveis para pequenos agricultores.

## **IMPACT INDICATORS**

Aiming to meet the growing demand in Brazilian agribusiness, identifying genotypes with broad adaptability and phenotypic stability is crucial for maize breeding programs. This study evaluated 25 low-cost maize genotypes to recommend more affordable varieties to small farmers, who often face difficulties in purchasing hybrid seeds due to high prices. Conducted across 11 environments in various regions of Brazil during the 2022/2023 growing season, the research employed advanced methods such as REML/BLUP and GGE Biplot to analyze the adaptability, stability, and environmental stratification of the genotypes. The genotypes Synthetic 91801601 (G20), HTC 697 (G9), and Synthetic 91801596 (G17) stood out for their high adaptability, stability, and an average yield of 5.997 tons/ha, making them suitable for use in two identified mega-environments. The impacts of this research are broad, socially benefiting small farmers by providing access to more productive and economically viable varieties, thereby reducing dependence on expensive commercial seeds. Technologically, the study advances precise evaluation of genotypes adapted to Brazilian environmental conditions, while economically, it promotes increased agricultural productivity and cost reduction. Culturally, it values local knowledge and traditional farming practices. Aligned with the National Extension Policy's thematic areas, the study fits within Technology and Production, Rural Development, and Sustainability. Regarding the Sustainable Development Goals (SDGs), it contributes to SDG 1 (No Poverty), SDG 2 (Zero Hunger and Sustainable Agriculture), SDG 8 (Decent Work and Economic Growth), SDG 10 (Reduced Inequalities), and SDG 12 (Responsible Consumption and Production) by promoting sustainable and economically viable agricultural practices for small farmers.

## SUMÁRIO

<b>1.</b>	<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>11</b>
<b>2.</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO .....</b>	<b>13</b>
<b>2.1.</b>	<b>Contexto da cultura de Milho no Brasil .....</b>	<b>13</b>
<b>2.2.</b>	<b>Distribuição geográfica e importância econômica.....</b>	<b>14</b>
<b>2.3.</b>	<b>Caraterísticas morfológicas e fisiológicas do milho.....</b>	<b>15</b>
<b>2.4.</b>	<b>Interação genótipos x ambientes (GxA) .....</b>	<b>15</b>
<b>2.5.</b>	<b>Estabilidade e adaptabilidade .....</b>	<b>16</b>
<b>2.5.1.</b>	<b>Método de estudo de adaptabilidade e estabilidade.....</b>	<b>17</b>
<b>2.5.2.</b>	<b>Carateres relacionados a adaptabilidade e estabilidade.....</b>	<b>19</b>
<b>3.</b>	<b>METODOLOGIA.....</b>	<b>20</b>
<b>3.1.</b>	<b>Local.....</b>	<b>20</b>
<b>3.2.</b>	<b>Dados climáticos.....</b>	<b>20</b>
<b>3.3.</b>	<b>Material experimental.....</b>	<b>23</b>
<b>3.4.</b>	<b>Avaliação do experimento.....</b>	<b>24</b>
<b>3.5.</b>	<b>Caraterísticas avaliadas .....</b>	<b>24</b>
<b>3.6.</b>	<b>Análise estatística.....</b>	<b>25</b>
<b>3.6.1.</b>	<b>Método REML/BLUP .....</b>	<b>25</b>
<b>3.6.2.</b>	<b>Análise de adaptabilidade e estabilidade.....</b>	<b>27</b>
<b>4.</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>29</b>
<b>4.1.</b>	<b>Análise de deviance (ANADEV) individual e conjunta.....</b>	<b>29</b>
<b>4.2.</b>	<b>Análise de adaptabilidade e estabilidade.....</b>	<b>34</b>
<b>4.2.1</b>	<b>Pelo método de Annicchiarico (1992) .....</b>	<b>34</b>
<b>4.2.2</b>	<b>Pelo método GGE biplot .....</b>	<b>37</b>
<b>5.</b>	<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>44</b>
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>45</b>

## 1. INTRODUÇÃO

Um dos maiores objetivos da agricultura moderna é o desenvolvimento de plantas mais produtivas, cultivares capazes de produzir alimentos com qualidade e quantidade nutricional, bem como mais tolerantes aos diversos tipos de estresses bióticos e abióticos, e de forma sustentável (Grubler, 2022).

O milho é um dos grãos que dominam o mercado agrícola no mundo, juntamente com o arroz, o trigo e a soja. Esse cereal é fundamental para a agricultura brasileira, sendo cultivado em todas as regiões do País, em mais de dois milhões de estabelecimentos agropecuários (Contini *et al.*, 2019). Nas últimas décadas, a cultura passou por transformações profundas, destacando-se sua redução como cultura de subsistência de pequenos produtores e o aumento do seu papel em uma agricultura comercial eficiente, com deslocamento geográfico e temporal da produção, fazendo com que seja cultivado em uma ampla variedade de ambientes e com o uso de diversificada tecnologia de produção, o que tem possibilitado essa adaptação (Contini *et al.*, 2019; Garcia, Mattoso e Duarte, 2006).

O Brasil, tem aproveitado a crescente demanda do milho no mundo, uma vez que o maior produtor, os Estados Unidos usa parte da sua produção para fabrico de etanol (Souza *et al.*, 2018) e o Brasil oferece baixo custo aos países importadores. Esse aumento na demanda do milho, acabou influenciando a dinâmica do mercado de insumos, sobretudo o de sementes, que vem cada vez mais colocando novos híbridos à disponibilidade dos agricultores. O termo híbrido, refere a qualquer indivíduo resultante do cruzamento de dois genitores com genótipos diferentes (Ramalho *et al.*, 2021). Os híbridos de milho destacam-se principalmente por ter alto vigor de semente, boa adaptabilidade, tolerância aos fatores bióticos e abióticos, assim como a alta produção, porém o alto custo das sementes dificulta sua compra por produtores de média à baixa tecnologia, que utilizam em seu plantio variedades ou sementes de paiol de polinização aberta, muitas vezes salvas da safra anterior como alternativa (Rosinha, 2000).

Salvar sementes de uma safra para semear na safra seguinte é costume dos agricultores a mais de 10000 anos na história da agricultura (Koo; Pardey; Wright, 2004), porém nos últimos tempos, essa prática vai se mostrando pouco eficiente pois é apontada como uma das causas das baixas médias de produtividade no Brasil (Rosinha, 2000).

Segundo Faria (2016), antes de serem recomendados, os genótipos são avaliados em condições representativas da região alvo. Assim, em cada fase de um programa de melhoramento, são conduzidos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) em diversos ambientes com a finalidade de identificar, entre os genótipos avaliados, aqueles com ampla

adaptabilidade e estabilidade de produção e também aqueles com adaptabilidade específica a cada região. A adaptabilidade e a estabilidade são fenômenos relacionados, entretanto, não devem ser considerados como um só (Squilassi, 2003).

No melhoramento de plantas, o estudo em multiambientes tem como principais objetivos: avaliar a interação genótipos x ambientes (GxA), analisar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, estabelecer relações entre os ambientes, entre os genótipos e entre os genótipos e ambientes, fazer previsões dos valores de produção fenotípica (Ferreira e Hongyu, 2018). Além disso, os procedimentos estatísticos que auxiliam na tomada de decisão, também podem influenciar diretamente na recomendação de genótipos mais estáveis e adaptáveis com base nesta interação, para o caráter desejado (Silva, 2022). Essa interação genótipos x ambientes é um dos grandes impasses, principalmente nas fases finais de seleção de genótipos superiores (Ramalho *et al.*, 2021).

O rendimento de uma cultura depende da interação entre os fatores genéticos e ambientais, tornando-se necessário estudos de adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental visando atenuar os efeitos desta interação (Eckardt *et al.*, 2022) e entretanto, identificar cultivares com comportamento previsível e responsivas as melhorias do ambiente (Cruz, Regazzi e Carneiro, 2012).

Diversas pesquisas relatam estudos de adaptabilidade e estabilidade na cultura do milho, porém voltadas para agricultura com alto nível tecnológico, sendo poucos os trabalhos centrados para os pequenos agricultores, que empregam baixa tecnologia e usam variedades de baixo custo de semente. Com o presente estudo, pretende-se conhecer a capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente e que sejam simultaneamente de baixo custo de semente, para com isso possibilitar uma melhor recomendação, como alternativa eficiente aos pequenos agricultores.

## 2. REFERÊNCIAL TEÓRICO

### 2.1. Contexto da cultura de Milho no Brasil

O milho é uma cultura fundamental para o agronegócio brasileiro, sendo cultivado em todas as regiões do País. Sua importância econômica, é caracterizada pela multiplicidade de utilização que abrange desde a alimentação humana e animal até a produção de óleo, etanol e outras (Duarte, Mattoso e Garcia, 2021).

Nos últimos tempos, a cultura tem sofrido transformações significativas, com uma redução como cultura de subsistência dos agricultores familiares e um aumento da sua importância na agricultura comercial tem se notabilizado. Houve um deslocamento geográfico e temporal da produção, permitindo que ela seja cultivada em uma vasta gama de ambientes e com o emprego de variadas tecnologias de produção (Contini *et al.*, 2019).

Para o cenário Brasileiro, o cultivo do milho se estende por todas as regiões e estados, sendo atribuído essa avanço as novas ferramentas e metodologias aplicadas nos programas de melhoramento como um todo, fazendo com que os altos rendimentos alcançados na cultura despertem atratividade para o seu cultivo (Borghini, Filho e Resende, 2017).

De acordo com Eicholz *et al* (2016), a alta produtividade do milho, independente da região de cultivo, vai depender de multi fatores tecnológicos como: correção e fertilização adequada do solo, plantio direto, manejo integrado de plantas invasoras, doenças e pragas, assim como da adoção de sementes de qualidade genética superior. Todavia, quando se trata da agricultura familiar e pequenos agricultores, normalmente descapitalizados e com baixo potencial de investimento, nem sempre é possível fornecer toda essa tecnologia para atingir altos potenciais de rendimento (Bianchetto *et al.*, 2017), estimando-se em mais de 50% dos pequenos produtores de milho que adotam pouca ou nenhuma tecnologia (Emygdio *et al.*, 2008). No entanto, alternativas viáveis para a reversão desse cenário estão em constante discussão e tem feito parte de vários estudos, sempre presando por redução de custos de produção e aumento de ganhos ao pequeno agricultor, de forma sustentável. Uma das alternativas possíveis, seria o desenvolvimento de genótipos de milho que fossem suficientemente estáveis e adaptadas ao modelo de manejo geralmente utilizado na agricultura familiar.

Segundo Emygdio *et al.* (2011) e Uate *et al.* (2019), a introdução no sistema agrícola familiar de cultivares de baixo custo de semente, sobretudo variedades de polinização aberta, se torna uma aposta sustentável, uma vez que apresentam características que lhes garante vantagem em ambientes com ou sem estresse, como potencial de produtividade de grãos,

adaptabilidade e estabilidade quando comparados com híbridos comerciais. Para além desses atributos, as variedades possuem uma base genética complexa, que lhes permite permanente processo evolutivo e de adaptação às condições ambientais e sistemas de cultivo em que são inseridos (Cunha; Jesus; Buso, 2017). Para Lima *et al.*, (2023), a avaliação e escolha criteriosa de génotipos de milho, pode proporcionar acréscimo expressivo na produtividade, com pouco ou nenhum aumento nos custos, o que seria favorável para a realidade do pequeno agricultor.

## **2.2. Distribuição geográfica e importância econômica**

Existem diversas teorias quanto à origem do milho, porém a mais aceita é a que este cereal seja originado no México há mais de 8000 anos e posteriormente distribuído e cultivado em muitas partes do mundo, desde os Estados Unidos da América, China, Índia, Brasil, França, Indonésia, África do Sul, etc (Barros e Calado, 2014).

Estima-se que na safra 2022/2023 a produção mundial foi de 1.157 bilhões de toneladas, sendo os Estados Unidos, a China e o Brasil, os maiores produtores contribuindo com 66% dessa produção (Boschiero, 2024). No Brasil, a produção de milho nas 3 safras do ano de cultivo 2022/2023 é estimada em 131,9 milhões de toneladas (CONAB, 2023a) e os estados do Mato Grosso (33%), Paraná (15%), Goiás (12%), Mato Grosso do Sul (9%) e Minas Gerais (7%), lideram como os maiores produtores nacionais do grão (Boschiero, 2024).

A importância econômica do milho é caracterizada pelas diversas formas de sua utilização que engloba o grão desde alimento humano e animal, à produção de óleo, etanol, etc. Além disso, o milho é um dos mais importantes constituintes da dieta humana, por ter uma participação direta ou indireta na mesa dos mais diferentes povos (Miranda, 2018). Especialmente na África, Ásia e países em desenvolvimento da América Latina, milhões de pessoas dependem do milho como fonte de alimentação.

Essas pessoas tiram do milho tanto carboidratos, quanto a proteína para sua alimentação (Rosas-Castor *et al.*, 2014). Isso acontece devido à sua capacidade produtiva, sua composição química e seu potencial nutritivo. É um grão de grande importância na balança comercial de muitos países e atualmente é o grão mais produzido no mundo (Guth, 2019). Nas últimas décadas, o milho também tem sido utilizado como matéria prima nas usinas de produção de etanol, em substituição da cana-de-açúcar, face a crescente demanda pelos biocombustíveis, como parte de práticas de geração de energias mais sustentáveis para a redução da dependência pelos combustíveis fósseis (da Silva *et al.*, 2020).

### 2.3. Características morfológicas e fisiológicas do milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea anual, com altura média entre 1,70 e 2,50m no florescimento e que pode ser cultivada desde o nível do mar até 3.600m de altitude e onde a temperatura se apresente entre uma média noturna acima de 12,8°C e média diurna superior a 19°C, sendo que a sua grande adaptabilidade, representada por variados genótipos, permite o seu cultivo desde o Equador até o limite das terras temperadas, encontrando-se, assim, em climas tropicais, subtropicais e temperados (Barros e Calado, 2014; Daros, 2010).

O milho é uma planta monocotiledónea, caracterizada como alógama e monoica, que apresenta inflorescência masculina (pendão) localizado no ápice da planta, enquanto a inflorescência feminina (espiga ou boneca) está localizada na parte intermedia da planta (Ramalho *et al.*, 2021; Taiz *et al.*, 2017).

Em relação às necessidades hídricas, o milho precisa de 500 a 800mm de lâmina de água, bem distribuídos, durante todo o seu ciclo, sendo as fases mais sensíveis à deficiência de água, a iniciação floral e o desenvolvimento da inflorescência além do período de fertilização e enchimento dos grãos (Darós, 2010).

O milho possui uma gama de genótipos com padrões variados de características, que os diferenciam quanto a duração do seu ciclo, potencial produtivo e finalidade. Dependendo do clima e do local de cultivo, o ciclo vegetativo do milho pode ser classificado em Superprecoce (110 dias), precoce (120 a 130 dias), normal (145 dias) e tardio (>145 dias) (Fancelli, 2015).

### 2.4. Interação genótipos x ambientes (GxA)

Em programas de melhoramento genético, a seleção de genótipos mais produtivos e com características desejáveis é realizada com base em experimentos conduzidos em diferentes ambientes: anos, épocas ou locais (Goncalves, 2019). O experimento de campo geralmente está associado ao desequilíbrio de dados por diversos fatores, como perda de plantas e parcelas, quantidades desiguais de sementes e mudas disponíveis por tratamento, rede experimental com diferentes números de repetições por experimento, distintos resultados experimentais e delineamentos, não avaliação de todas as combinações de genótipos e ambientes, entre outros (Resende, 2016).

Experimentos com vários locais são usuais a décadas, pela sua forma fidedigna de inferir e apoiar na tomada de decisão. Há variadas metodologias para à avaliação da interação genótipos x ambientes, sendo que a escolha do método mais adequado depende dos dados experimentais, especialmente do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do

tipo de informação desejada. Quando um genótipo é avaliado em mais de um ambiente, sua manifestação fenotípica é influenciada por um novo componente resultante da interação genótipos por ambientes (GxA) (Hemayati *et al.*, 2024; Pereira, 2017).

Para Ramalho *et al.*, (2021), a interação GxA ocorre quando o comportamento de uma raça ou cultivar, apresenta expressão diferenciada de acordo com o ambiente em que estão inseridos, isto é, as respostas dos genótipos são diferentes às alterações que ocorrem nos ambientes. A resposta dos genótipos frente a esse tipo de variação pode ser classificada como simples (não cruzada) ou complexa (cruzada) (Figueiredo, 2014). Ambientes são todas as variáveis não genéticas que interferem no desempenho dos genótipos, como fertilidade do solo, fatores climáticos, pluviosidade, ataque de pragas, incidência de doenças e até tipo de manejo (Eckardt *et al.*, 2022; Oliveira *et al.*, 2007).

Conforme citado por Silva e Duarte (2006), para diminuir o efeito da interação GxA, a condução dos experimentos no maior número possível de locais e anos é necessária, a fim de se avaliar a magnitude da interação, e seu possível impacto sobre a seleção e a recomendação de cultivares. Com a intenção de tornar essa recomendação a mais segura possível, é necessário um estudo detalhado acerca da estabilidade e adaptabilidade das cultivares, assim como de seus caracteres economicamente mais importantes (Silva, 2022).

Entretanto, todas as metodologias envolvidas no estudo da interação GxA visam explorar a estabilidade e a adaptabilidade dos genótipos nos diferentes ambientes (Borém, Miranda e Fritsche-Neto, 2017). Portanto, Ruswandi *et al.* (2022) recomendam que esses ambientes sejam o mais divergentes possíveis, como mecanismo mais apropriado para o genótipo se expressar em resposta as dificuldades ou vantagens que cada ambiente apresentar, reforçando a ideia de evitar gastos de recursos com experimentos em ambientes semelhantes, reportados por (Ribeiro e Almeida, 2011; Uate *et al.*, 2019).

## **2.5. Estabilidade e adaptabilidade**

De acordo com Amaral e Moro (2017), a estabilidade é a capacidade do genótipo em se manter constante, ou seja, com pequenas variações de resposta frente a variações ambientais diversas, sem considerar a favorabilidade do ambiente, podendo esta ser, por sua vez, estática quando o genótipo exibe desempenho constante em meio as variações ambientais ou dinâmica quando o genótipo responde às variações do ambiente de forma previsível (Borém e Miranda, 2013; Squilassi, 2003).

Já a adaptabilidade diz respeito a resposta diferencial dos genótipos frente as variações ambientais, onde genótipos mais adaptados são mais responsivos, isto é, um organismo terá maior adaptabilidade quanto maior for a sua descendência, representando assim, o sucesso reprodutivo desse mesmo indivíduo (Ramalho *et al.*, 2021). A adaptabilidade pode ser classificada no sentido amplo, quando são caracterizados genótipos com um desempenho bom em todos ou na maioria dos ambientes, ou no sentido específico, quando são caracterizados genótipos com um bom desempenho em poucos ou apenas um ambiente bem definido de cultivo (Annicchiarico, 2002; Faria *et al.*, 2010).

Entretanto, os ambientes podem ser classificados de acordo com suas variações, podendo ser de variação previsível quando são considerados os caracteres permanentes do ambiente, como local e solo, além de aspectos do cultivo, tais como data de plantio, densidade de sementeira e métodos de colheita, ou de variação imprevisível, quando são incluídas oscilações climáticas, como volume de precipitação, temperatura e umidade, sendo esses últimos, os que têm maior controle sobre a expressão dos genes que controlam caracteres como produtividade (Castro, 2020).

### **2.5.1. Método de estudo de adaptabilidade e estabilidade.**

Os estudos de adaptabilidade e estabilidade são basicamente procedimentos estatísticos que permitem identificar as cultivares de comportamento mais estável e que respondem previsivelmente as variações ambientais, respectivamente. Essas mesmas análises permitem com que se identifiquem os efeitos da interação GxA ao nível de genótipo e ambiente, mostrando a contribuição relativa para a interação total (Faria, 2016; Rosa *et al.*, 2017).

Existem duas formas de verificar a presença de interação GxA. A primeira consiste em subdividir regiões heterogêneas em sub-regiões menores e mais homogêneas, onde o melhoramento pode desenvolver cultivares específicas para cada sub-região. A segunda estratégia faz a seleção dos genótipos com alta estabilidade nos ambientes, permitindo obter uma subpopulação em cada ambiente (Van Eeuwijk, Bustos-Korts e Malosetti, 2016)

Vários são os métodos descritos nas literaturas, para identificação de genótipo ideal, em estudos de estabilidade e adaptabilidade, podendo ser encontrados em Faria, (2016), Rosa *et al.* (2017), Souza, (2021) e outros, com maior destaque aos baseados na variância da interação GxA, regressão linear, modelos mistos, regressão linear bissegmentada, métodos não paramétricos e métodos multivariados (Lima *et al.*, 2023). O genótipo ideal seria aquele

que preservasse a máxima produção dentro de um mega – ambiente ou entre mega – ambientes, sendo que, para identificação desse genótipo ideal, torna-se necessária a quantificação da interação GxA (Figueiredo, 2014).

Segundo Lima *et al.* (2023), tais metodologias diferem umas das outras devido aos conceitos de estabilidade adotados e de certos princípios estatísticos empregados, pois os autores relatam que a escolha de um método de análise depende, principalmente dos dados experimentais relacionados ao número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada.

No presente estudo, foi aplicado o método REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/best linear unbiased prediction*) proposto por Resende (2000), sendo realizada uma análise de desvio (ANADEV) baseada no modelo linear misto e comparadas as medias pelo teste LRT (*Likelihood ratio test*/Teste de Verossimilhança), para verificação de diferença entre as medias de tratamentos. O procedimento apresentado por Annicchiarico (1992) foi utilizado para o estudo de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos com base no seu índice de seleção/recomendação, porém com recurso ao teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, para auxiliar na múltipla comparação entre as médias dos tratamentos, em cada caráter avaliado (Pimentel-Gomes, 2009; Santos, 2022).

Vários são os métodos de estudo que permitem o melhoristas descrever os genótipos baseado em diferentes parâmetros e conceitos, para adaptabilidade e estabilidade. Contudo, é, em geral, entendido que o emprego de métodos complementares deve auxiliar na descrição mais assertiva desses genótipos (Afférrri *et al.*, 2020). O método de Annicchiarico (1992) é utilizado por muitos autores e em várias espécies em virtude da facilidade de interpretação e da precisão na indicação das cultivares para cada tipo de ambiente, e notaram que o método apresenta apenas um parâmetro de interpretação (índice de confiança) para classificação dos genótipos quando em estudo, o que difere dos outros métodos (Júnior *et al.*, 2017; Olivoto e Sari, 2021). O índice de confiança é estimado considerando todos os ambientes, os ambientes favoráveis (índice positivo) e os ambientes desfavoráveis (índice negativo). Valor maior desse índice de confiança ( $W_i$ ), indica a chance de sucesso e a confiabilidade da escolha do genótipo com maior adaptabilidade e estabilidade em relação ao caráter avaliado (Júnior *et al.*, 2017; Olivoto e Sari, 2021). O índice de confiança é, portanto, expresso em percentagem, sendo aceitáveis os genótipos com valores superiores a 100, embora os melhores sejam aqueles que mostrarem os índices mais elevados (Oliveira *et al.*, 2007)

Foi também integrado o método *Genotype plus Genotype-by-Environment* – GGE Biplot, para gerar as representações gráficas, que descrevem os genótipos quanto à sua

adaptabilidade e estabilidade, avaliar a representatividade e o poder discriminativo dos ambientes ou locais, bem como para a possível definição de mega ambientes. Na literatura, as variações nos níveis de associação entre metodologias de avaliação da adaptabilidade e estabilidade indicam que é crucial utilizar mais de uma metodologia para garantir uma estimativa precisa do desempenho genotípico (Yamamoto et al., 2021). O que corrobora com o proposto no presente estudo, em que se fez a utilização de 3 metodologias, de forma integrada.

Yamamoto *et al.* (2021), avaliaram 36 genótipos de milho em 9 ambientes na região central do Brasil, visando identificar genótipos estáveis e com elevado rendimento, empregando 5 métodos (de Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) com decomposição, AMMI-Biplot, GGE-Biplot e o REML/BLUP (MHPRVG). Os autores identificaram duas cultivares com desempenhos desejáveis para recomendar e perceberam a não diferença em relação aos erros correlacionados em experimentos com e sem a adubação nitrogenada.

### **2.5.2. Carateres relacionados a adaptabilidade e estabilidade**

A busca por cultivares de alta produtividade e qualidade, juntamente com características como tolerância ao acamamento, adaptabilidade e estabilidade fenotípica, são temas importantes nas pesquisas da cultura de milho (Rosa *et al.*, 2017). Nesse sentido, a adaptabilidade e estabilidade no milho podem ser avaliadas e divididas entre carateres primários e secundários (Koshima, 2009; Nascimento *et al.*, 2023).

Os componentes primários e secundários apresentam efeitos diretos e indiretos no rendimento de grãos, respectivamente. Os componentes primários são compostos pelas características agrônômicas peso de cem grãos e número de grãos por planta, enquanto os componentes secundários são características como altura da planta, altura da espiga, diâmetro do colmo e matéria seca do pendão, utilizados como referência a avaliação das características com efeito indireto na produtividade (Souza *et al.*, 2014).

No presente estudo, foram avaliados altura de planta (AP), altura de inserção de espiga (AIE) e produtividade (PROD), como componentes com efeito importante no rendimento de grão dos genótipos. Vários autores relacionam o padrão de AP e AIE com o rendimento final (de Oliveira *et al.*, 2016; Lima, Alvarez e Contardi, 2016; Paziani *et al.*, 2009), justificando que altos padrões de altura possibilitam quebra e acamamento das plantas, principalmente em locais com muita frequência de ventos e impossibilitam a implementação de densidades de cultivo muito altas, o que significara redução de produtividade dos mesmos genótipos.

### 3. METODOLOGIA

#### 3.1. Local

O presente estudo faz parte de uma rede de ensaios de variedades de milho da Embrapa, que coordenou os experimentos e cedeu os dados, através da sua filial de pesquisa de milho e sorgo, com domicílio em Sete Lagoas, Minas Gerais. Os experimentos foram conduzidos em Lavras (LVR), Sete Lagoas (SLG) e Nova Porteirinha (NVP) no estado de Minas Gerais, Altamira (ALT) e Paragominas (PRG) no Para, Boa Vista (BVT) em Roraima, Brejo (BRJ) no Maranhão, Campos dos Goytacazes (CDG) no Rio de Janeiro, Sobral (SBL) no Ceara, Teresina (TRS) no Piauí e Planaltina (PLT) no Distrito Federal (Tabela 1).

**Tabela 1** - Locais de condução dos experimentos.

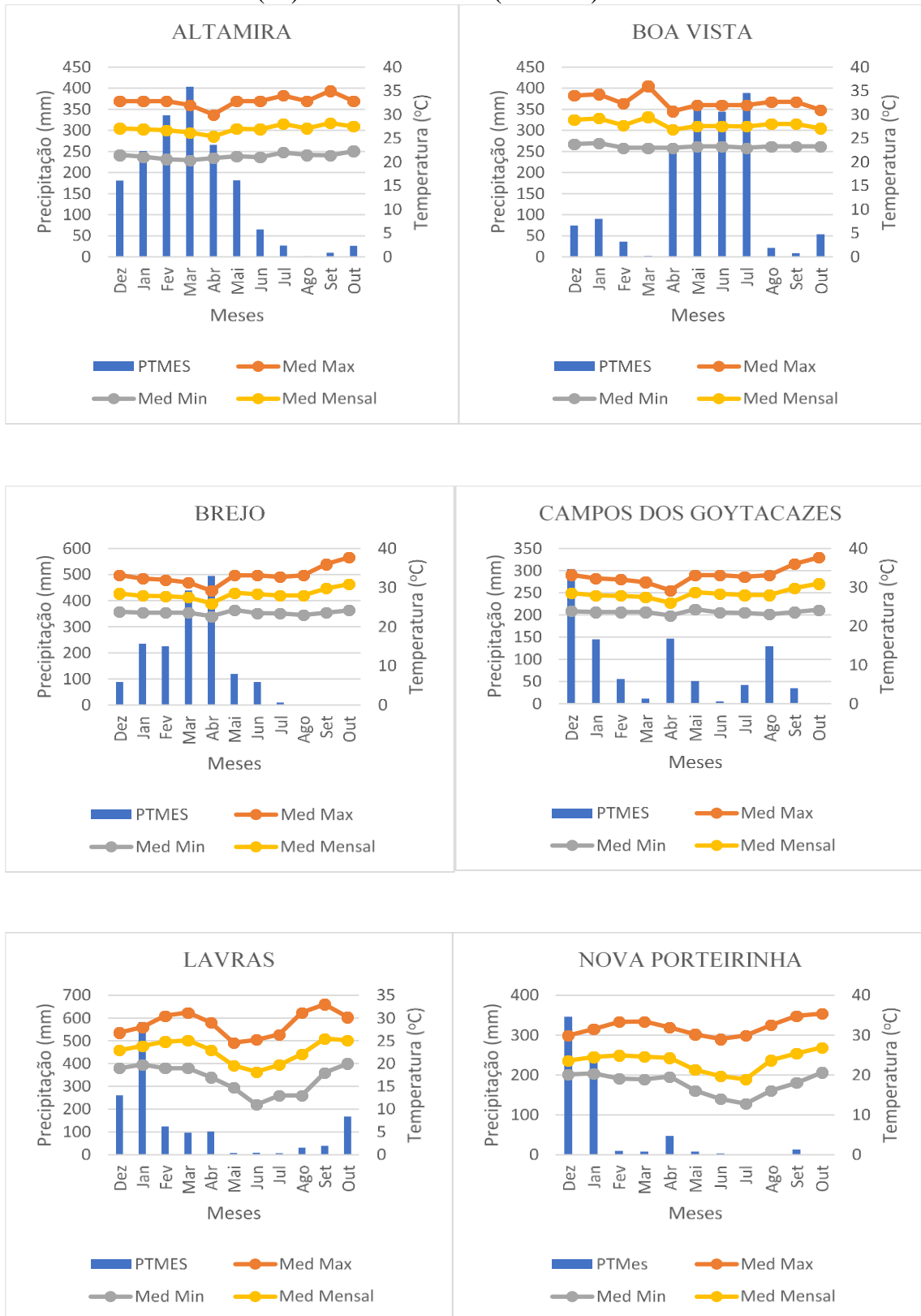
<b>Ambiente</b>	<b>Região</b>	<b>Altitude (m)</b>	<b>Latitude</b>	<b>Longitude</b>	<b>Data de plantio</b>
ALT	Norte	56	3° 11' 41"	52° 12' 33"	13.01.2023
BVT	Norte	78	02° 39' 48"	60° 50' 19"	29.04.2023
BRJ	Nordeste	132	3° 41' 7"	42° 45' 4"	08.02.2023
CDG	Sudeste	11	21° 45' 15"	41° 19' 28"	28.02.2023
LVR	Sudeste	918	21° 12' 10"	44° 58' 38"	18.02.2023
NVP	Sudeste	569	52° 45' 22"	80° 16' 58"	31.05.2023
PRG	Norte	49	2° 59' 51"	47° 21' 13"	13.02.2023
PLT	Centro – Oeste	1000	15° 29' 2"	47° 38' 21"	13.12.2022
SLG	Sudeste	761	19° 28' 4"	44° 14' 52"	21.03.2023
SBL	Nordeste	80	3° 40' 58"	40° 21' 4"	03.02.2023
TRS	Nordeste	61	5° 5' 21"	42° 48' 6"	28.02.2023

Fonte: EMBRAPA Milho e Sorgo (2023).

#### 3.2. Dados climáticos.

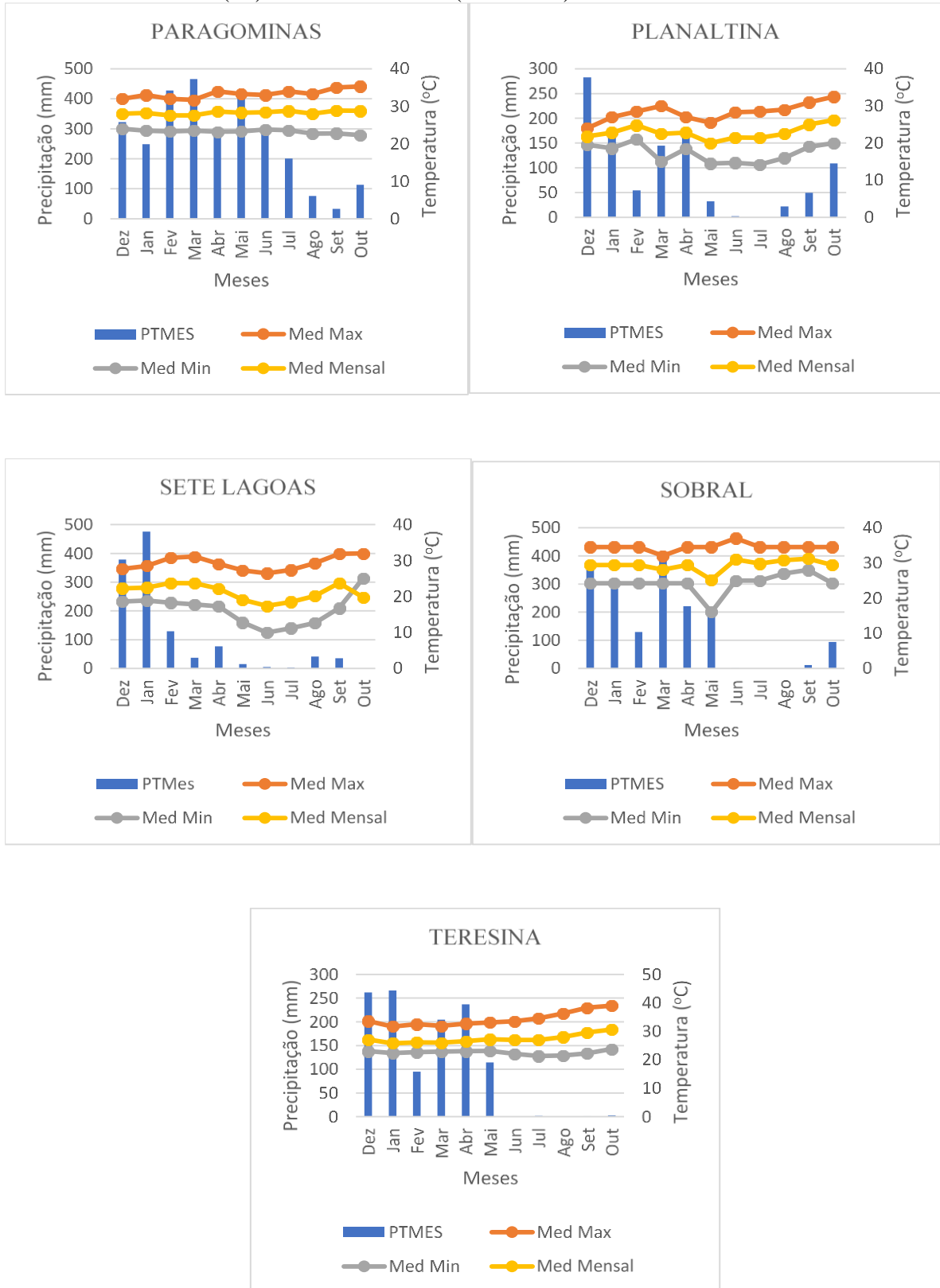
Na figura 1, estão ilustrados os dados de precipitação total dos meses em que foram conduzidos os experimentos de campo e seus respectivos dados médios de temperatura (máximo, mínimo e mensal). Os dados compreendem o intervalo entre o mês que foi semeado o primeiro experimento (dezembro de 2022) ao mês em que foi colhido o último ensaio (outubro de 2023) segundo ilustrado na tabela 1.

**Figura 1** – Dados de precipitação total mensal (mm) e de temperatura média máxima, mínima e mensal (°C) dos 11 ambientes (continua).



Fonte: IMNET (2023).

**Figura 1** – Dados de precipitação total mensal (mm) e de temperatura média máxima, mínima e mensal (°C) dos 11 ambientes (conclusão).



Fonte: IMNET (2023).

### 3.3. Material experimental

Os 25 genótipos em avaliação, foram provenientes de diferentes instituições que trabalham com melhoramento da cultura do milho, com destaque para as diversas estações da EMBRAPA existentes no Brasil (Tabela. 2). É importante referenciar que, os genótipos BRS 2022, BRS 1060, BRS 2107, BRS 4103 e BRS Gorutuba foram testemunhas no estudo.

**Tabela 2** - Genótipos em estudo (tratamentos).

<b>Código</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Tipo</b>	<b>Fase</b>	<b>Ciclo</b>	<b>Procedência</b>
G1	UFLA-JM 100	Hífb. Intervarietal	B	1	CDCTA – UFLA
G2	BRS 1060	Hífb. Simples	A	2	Embrapa Milho e Sorgo
G3	BRS 2022	Hífb. Duplo	A	2	Embrapa Milho e Sorgo
G4	Sintético PESAGRO-RIO	Variedade	A	1	PESAGRO – RIO
G5	PF 7008	Variedade	A	1	Embrapa Milho e Sorgo
G6	PF 7031	Variedade	B	2	Embrapa Trigo
G7	PF 7021	Variedade	B	2	Embrapa Trigo
G8	Potiguar	Variedade	A	2	EMPARN
G9	HTC 697	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G10	HTC 717	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G11	HTC 781	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G12	HTC 795	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G13	BRS 4103	Variedade	A	2	Embrapa Milho e Sorgo
G14	Sintético 91801587	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G15	Sintético 91801590	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G16	Sintético 91801592	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G17	Sintético 91801596	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G18	Sintético 91801599	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G19	Sintético 91801600	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G20	Sintético 91801601	Variedade	B	2	Embrapa Milho e Sorgo
G21	BRS 2107	Variedade	A	2	Embrapa Milho e Sorgo
G22	MC 70	Variedade	B	2	Embrapa Cerrados
G23	BRS Cruzeta	Variedade	A	3	EMPARN
G24	BRS Gorutuba	Variedade	A	3	Embrapa Milho e Sorgo
G25	Capo 22	Variedade	B	3	Embrapa Agropec. Oeste

**Nota:** **Hífb.:** Híbrido; **A:** Comercial e **B:** Experimental; **1:** Normal, **2:** Precoce e **3:** Superprecoce

Fonte: Embrapa Milho e Sorgo (2023).

### 3.4. Avaliação do experimento

Foram avaliados 25 genótipos que constituíram os tratamentos, sob delineamento em látice quadrado de 5 x 5, com duas repetições, num total de 50 parcelas por experimento. Cada parcela teve duas linhas de 4 metros, num espaçamento de 70cm entre linhas e 20cm entre plantas, totalizando 32 plantas por parcela após o desbaste, que faz uma população inicial de 66.667 plantas/ha. Cada um dos experimentos teve uma área total de 200m<sup>2</sup>, sendo conduzidos no ano agrícola 2022/2023. A semeadura foi mecanizada em quase todos os experimentos, em sistema de plantio direto sem revolvimento do solo e as datas de semeadura representam as épocas predominantes em cada região (Tabela. 1). O controle de ervas daninha e pragas foi realizado por meio da aplicação de herbicida pré-emergente, pós-emergente e inseticidas para que a cultura de milho pudesse desenvolver sem interferência das mesmas, assim como os tratos culturais, foram realizados de acordo com recomendações de Borghi, Filho e de Resende (2017). A colheita foi também mecanizada em quase todos experimentos.

A coleta de dados, foi mediante observações e anotações no campo, sendo que de acordo com a fase de desenvolvimento da cultura, ao longo do seu ciclo e nesses 11 ambientes, que foram igualmente subdivididos em 10 ambientes na safra e 1 ambiente na safrinha de 2022/2023.

### 3.5. Características avaliadas

1. Altura de planta (AP): foi obtida pela média de altura de uma amostra de três plantas aleatoriamente medidas na fase de florescimento, medidas com auxílio de fita métrica do nível do solo até a inserção da folha bandeira;

2. Altura de inserção de espiga (AIE): foi obtida pela média de altura de uma amostra de três plantas aleatórias na fase de formação de espiga, medidas com auxílio de fita métrica do nível da superfície do solo até a inserção da espiga superior;

3. Produtividade (PROD): foi obtida pelo peso dos grãos debulhados de cada parcela. Posteriormente, os dados foram submetidos a correção de stand, a partir da análise de covariância com correção para stand ideal (Schmidt *et al.*, 2001), e corrigidas para 13% de umidade e convertida para toneladas por ha<sup>-1</sup>, conforme fórmula abaixo:

$$P(13\%) = \frac{Pi(100 - U)}{87}$$

Onde:

P (13%) = é o peso corrigido a 13% de umidade;

$P_i$  = é o peso de grãos inicial; e

$U$  = é a umidade dos grãos no momento da pesagem.

### 3.6. Análise estatística

Primeiramente foram realizadas análises individuais para cada ambiente e depois análise conjunta pelo método de modelos lineares mistos, uma vez que os dados não mostraram normalidade e homogeneidade, que são pressupostos para anova. No contexto de modelos lineares mistos, existem várias alternativas para a análise do látice, como a consideração do erro experimental aleatório (análise intrablocos), a avaliação dos efeitos aleatórios de blocos (recuperação da informação interblocos), a análise dos efeitos aleatórios de tratamentos (*best linear unbiased prediction*/melhor previsão linear imparcial – BLUP – para prever os valores de progênies) e o modelo aleatório (ou de componentes de variância), além de se poder analisar as repetições considerando-as como blocos completos (Bueno Filho e Vencovsky, 2000; Resende, 2016).

#### 3.6.1. Método REML/BLUP

No presente estudo, foi adotado o procedimento REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/best linear unbiased prediction*), sendo realizada uma análise de desvio (ANADEV) baseada no modelo linear misto sob heterogeneidade dentro dos ambientes e comparadas as medias pelo teste LRT (*Likelihood ratio test*/Teste de Verossimilhança), para cada ambiente de forma individual e depois, a análise conjunta com o intuito de detectar a interação genótipos x ambientes, pelo seguinte modelo proposto por Resende (2016):

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + b_k + \epsilon_{ijk}$$

Em que:

$Y_{ijk}$ : observação da parcela que recebeu o genótipo  $i$ , no bloco  $j$ , dentro da repetição  $k$ ;

$\mu$ : é a constante associada a todas as observações;

$\alpha_i$ : é o efeito do tratamento  $i$  ( $i=1,2,3\dots n$ );

$\beta_j$ : é o efeito fixo do ambiente  $j$ ;

$(\alpha\beta)_{ij}$ : é a interação entre o  $i$ -ésimo tratamento e o  $j$ -ésimo ambiente;

$b_k$ : é o efeito aleatório do  $k$ -ésimo bloco dentro do  $j$ -ésimo ambiente;

$e_{ijk}$ : é o erro residual, que pode variar entre os ambientes para capturar a heterogeneidade.

O método REML/BLUP, tem se mostrado eficiente para a análise de dados, tanto balanceados quanto desbalanceados (Cruz *et al.*, 2018). Essa metodologia permite obter estimativas de valores de variância, genotípicos ou médias genotípicas dos indivíduos, bem como valores genéticos aditivos e genotípicos de indivíduos com alta acurácia (Baretta *et al.*, 2017; Resende, 2000). Além disso, essa técnica envolve a estimação de componentes de variância e a predição de valores genéticos, simultaneamente. Para Nascimento *et al.* (2023), na análise de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos do modelo não são testados via teste F, como é feito para a anova, sendo recomendado o teste de razão de verossimilhança (LRT) para efeitos aleatórios e teste F aproximado para efeitos fixos.

O teste LRT (*Likelihood ratio test*/Teste de Verossimilhança) é empregue para comparar a qualidade de ajuste de dois modelos, normalmente um modelo completo e um modelo reduzido ou nulo (Agoyi *et al.*, 2024). A ideia principal é verificar se a adição de parâmetros no modelo completo proporciona um ajuste significativamente melhor aos dados em comparação com o modelo reduzido. A estatística desse teste é calculada pelo modelo:

$$LRT = -2 (\logLik H_0 - \logLik H_1)$$

Em que:

$\logLik H_0$ : modelo completo;

$\logLik H_1$ : modelo reduzido ou nulo.

Essa fórmula quantifica a diferença entre os ajustes dos dois modelos. Um valor maior de LRT indica uma maior diferença. O teste LRT, dá significância dessa diferença por meio do teste qui-quadrado ( $X^2$ ) com 1 ou 5 graus de liberdade (Resende, 2016). No entanto, durante as análises compararam-se as diferenças de deviance aos valores críticos respectivos de cada fator e interação ( $X^2_{critico}$ ). Quando os valores do deviance forem menores que ( $X^2_{critico}$ ), o efeito é considerado não significativo (Carvalho, 2016; Resende, 2016).

A precisão experimental foi avaliada por meio da estimativa da acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ), como métricas relacionada com a qualidade experimental e seleção precisa (Filho e Storck, 2010; Resende e Duarte, 2007). A acurácia foi estimada pela seguinte expressão:

$$\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{1}{F}}$$

Em que:

$\hat{r}_{gg}$ : acurácia seletiva;

F: F de Snedecor.

### 3.6.2. Análise de adaptabilidade e estabilidade

#### 3.6.2.1. Método de Annicchiarico (1992)

A análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos genótipos, foi realizada pelo método proposto por Annicchiarico (1992), em que o parâmetro de adaptabilidade e estabilidade é medido pela superioridade do genótipo em relação à média de cada ambiente, de acordo com o seguinte modelo:

$$Z_{ij} = \frac{Y_i}{\bar{Y}_j} \times 100$$

Em que:

**Z<sub>ij</sub>**: é o valor calculado para a *i*-ésima observação, dentro do *j*-ésimo ambiente;

**Y<sub>i</sub>**: é o valor da variável de interesse para a *i*-ésima observação;

**$\bar{Y}_j$** : é a média da variável de interesse para o *j*-ésimo ambiente;

**100**: é fator usado para converter a razão em uma percentagem.

Este método é utilizado com base na análise de variância conjunta dos experimentos, considerando todos os ambientes e o posterior desdobramento da soma de quadrados dos efeitos de ambientes e da interação GxA, em efeitos de ambientes dentro de cada genótipo (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). Dentre as vantagens deste método, destaca-se a apresentação de um índice de confiança ou índice de recomendação (*W<sub>i</sub>*), que propicia a recomendação de cultivares considerando o risco de apresentarem desempenho abaixo de um dado padrão, como por exemplo, a média geral. Quanto maior o índice de confiança da cultivar, menor será sua probabilidade de insucesso (Ribeiro, Ramalho e Ferreira, 2000; Souza *et al.*, 2002).

Para Olivoto *et al.* (2018), o índice de confiança é estimado considerando todos os ambientes, sendo os ambientes favoráveis (índice positivo) e os ambientes desfavoráveis (índice negativo), pelo seguinte modelo:

$$W_i = Z_{i./E} - \alpha \times sd(Z_{i.})$$

Em que:

**$\alpha$** : é o quantil de distribuição normal padrão a uma dada probabilidade de erro ( $\alpha \approx 1,16$  a 0,05).

### 3.6.2.2. Método GGE biplot

Foi utilizado o método *Genotype plus Genotype-by-Environment* – GGE Biplot, para gerar as representações gráficas para descrever os genótipos quanto à sua adaptabilidade e estabilidade, e avaliar a representatividade e o poder discriminativo dos ambientes ou locais, bem como para a possível definição de mega ambientes. Esse modelo considera um biplot que é contruído pelos dois componentes principais (PC1 e PC2), derivados da decomposição por valores singulares de dados oriundos de um ensaio multiambientes (MET), centrados no ambiente (Van Eeuwijk, Bustos-Korts e Malosetti, 2016; Yan *et al.*, 2007). Comumente, usa modelo linear geral, ignorando o erro aleatório para descrever o rendimento médio de um genótipo no ambiente, na seguinte representação:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \phi_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$ : é valor observado da variável de interesse para a  $i$ -ésimo genótipo, no  $j$ -ésimo ambiente;

$\mu$ : é a constante associada a todas as observações;

$\alpha_i$ : é efeito específico da  $i$ -ésimo genótipo;

$\beta_j$ : é efeito específico do  $j$ -ésimo ambiente;

$\phi_{ij}$ : é interação entre a  $i$ -ésimo genótipo e o  $j$ -ésimo ambiente.

As análises, foram realizadas utilizando os softwares Genes (Cruz, 1998) e R (R Core Team, 2020).

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Análise de deviance (ANADEV) individual e conjunta

A partir dos resultados da análise individual, foram verificadas diferenças significativas entre os genótipos a 5% de probabilidade para os três caracteres avaliados, nos 11 ambientes (tabela 3), demonstrando variabilidade passível de se efetuar a seleção, porém, com exceção dos ambientes Teresina (TRS) e Boa Vista (BVT), para altura de planta (AP) e altura de inserção de espiga (AIE) respectivamente, que não foram significativos. Para a interação do bloco na repetição, foi verificado efeito significativo nos ambientes Lavras (LVR) e Paragominas (PRG) para o caráter AP, enquanto que para produção (PROD), teve significância nos ambientes PRG, Sete Lagoas (SLG) e TRS, mostrando existência de homogeneidade entre os blocos dentro da repetição para os outros ambientes nesse caráter, que é uma das premissas para condução de ensaios de campo de acordo com Pimentel-Gomes (2009) e Storck *et al.* (2018).

As estimativas de acurácia observadas para os caracteres em avaliação em todos os ambientes, estiveram entre 0,56 e 0,98 (tabela 3), sendo a precisão experimental classificada como de magnitude moderada à muito alta (Filho e Storck, 2010; Resende e Duarte, 2007). Essa classificação, considera valores <50% como baixos, de 50 a <70% como moderados, de 70 a 90% como altos e >90% como muito altos, sendo desejados os valores maiores. No presente trabalho, verificou-se que a maioria dos ambientes e caracteres, apresentaram boa precisão experimental e permite inferir aos resultados com maior confiança. Cândido *et al.* (2020) observaram magnitudes semelhantes na avaliação de 75 híbridos top cross, no município de Jatai, estado de Goiás. Porém, as diferenças de precisão existentes entre os ambientes são evidentes por se tratar de uma análise multiambientes, geralmente está associado ao desbalanceamento dos dados por diversos fatores, como perda de plantas e parcelas, quantidades desiguais de sementes e mudas disponíveis por tratamento, rede experimental com diferentes números de repetições por experimento, distintos resultados experimentais e delineamentos, não avaliação de todas as combinações de genótipos e ambientes, entre outros (Piepho, 2009; Resende, 2016).

Na análise conjunta verificou-se efeito significativo entre os ambientes para a maior parte dos caracteres em estudo (tabela 4). A interação entre GxA foi significativa para AP e PROD, com exceção do caráter AIE. A existência dessa interação, evidencia a presença de variabilidade genética entre os genótipos, propiciando um comportamento diferenciado nos ambientes, como resposta à variação ambiental existente (Monteiro *et al.*, 2017). Vários

estudos indicam que a AP é uma característica resultante da interação da composição genética com os ambientes de cultivo e sistemas de manejo (Baretta *et al.*, 2017; Borém, Galvão e Pimentel, 2017; Rosa *et al.*, 2017).

Para o caráter PROD, observou-se uma acurácia de 0,96 e uma média geral de 5,996 ton/ha. Essa média é ligeiramente superior a 5,432 ton/ha alcançados por Lima *et al.* (2023), ao estudar a estabilidade e adaptabilidade de 36 híbridos de milho em seis ambientes da região sul do bioma amazônico. Para Koshima (2009), essa significância da interação genótipo x ambiente indica que os efeitos dos fatores genótipo e ambientes não explicam, individualmente, toda a variação encontrada nas características de produção de grãos (kg/ha).

**Tabela 3** - Resumo da análise de deviance (ANADEV) individual de altura da planta (AP), altura de inserção da espiga (AIE) e produtividade (PROD), dos 25 genótipo de milho em 11 ambientes (continua).

Caráter	Ambiente	Deviance LRT		Parâmetros			
		Genótipo	Rep x Bloc	Media	Var Gen.	h <sup>2</sup> mg	ŕ <sub>gg</sub>
AP	ALT	16,98*	1,375	2,645	0,032	0,818	0,904
	BVT	8,484*	0	1,746	0,026	0,706	0,840
	BRJ	17,33*	0,007	1,815	0,025	0,838	0,916
	CDG	38,3*	1,333	2,055	0,043	0,945	0,972
	LVR	23,76*	4,019*	2,408	0,027	0,883	0,939
	NVP	10,3*	2,149	2,106	0,029	0,747	0,864
	PRG	5,442*	5,573*	1,853	0,010	0,591	0,769
	PLT	25,51*	0	2,446	0,023	0,895	0,946
	SLG	21,7*	0	2,167	0,046	0,872	0,934
	SBL	5,228*	1,108	2,708	0,017	0,608	0,779
TRS	0,843	0	1,774	0,007	0,313	0,559	
AIE	ALT	19,93*	2,681	1,368	0,031	0,857	0,926
	BVT	3,27	0	0,788	0,008	0,526	0,725
	BRJ	9,261*	0	0,821	0,014	0,723	0,850
	CDG	44,04*	0	1,022	0,026	0,957	0,978
	LVR	20,57*	0,693	1,357	0,027	0,866	0,931
	NVP	4,759*	1,838	1,201	0,017	0,614	0,783
	PRG	13,25*	1,959	1,003	0,020	0,793	0,891
	PLT	28,63*	0	1,332	0,020	0,910	0,954
	SLG	12,93*	0	1,207	0,018	0,785	0,886
	SBL	7,358*	0,354	1,430	0,018	0,680	0,825
TRS	4,775*	0	0,774	0,007	0,597	0,772	

\*: significativo a 5% e não significativo.

Fonte: Do Autor (2024).

**Tabela 3** - Resumo da análise de deviance (ANADEV) individual de altura da planta (AP), altura de inserção da espiga (AIE) e produtividade (PROD), dos 25 genótipo de milho em 11 ambientes (conclusão).

Caráter	Ambiente	Deviance LRT		Parâmetros			
		Genótipo	Rep x Bloc	Media	Var Gen.	h <sup>2</sup> mg	ŕ <sub>gg</sub>
PROD	ALT	26,37*	0	7,815	3,457	0,899	0,948
	BVT	7,468*	0	6,661	0,079	0,681	0,826
	BRJ	5,042*	0,558	4,553	0,586	0,610	0,781
	CDG	40,08*	0,275	6,787	3,964	0,950	0,975
	LVR	27,41*	0	4,619	1,271	0,904	0,951
	NVP	24,79*	0,537	3,399	0,858	0,897	0,947
	PRG	12,3*	6,792*	2,609	0,819	0,815	0,903
	PLT	32,96*	0	8,777	5,119	0,927	0,963
	SLG	11,29*	10,6*	7,669	2,415	0,765	0,875
	SBL	12,5*	0,245	5,806	2,227	0,791	0,889
	TRS	10,4*	4,189*	7,269	0,123	0,759	0,871

Fonte: Do Autor (2024).

**Tabela 4** - Resumo da análise de deviance (ANADEV) conjunta de altura da planta (AP), altura de inserção da espiga (AIE) e produtividade (PROD), dos 25 genótipo de milho em 11 ambientes.

FV	GL	AP	AIE	PROD
Genótipo	24	197*	269*	130*
Bloco (amb:rep)	10	2,80	17,7*	16,8*
Genótipo x ambiente	240	13,3*	1,41	96,1*
Média geral		2,157	1,118	5,996
CVg		6,87	12	18
CVr		5,61	8,90	12
ŕ <sub>gg</sub>		0,976	0,986	0,961

\*: significativo a 5% e não significativo.

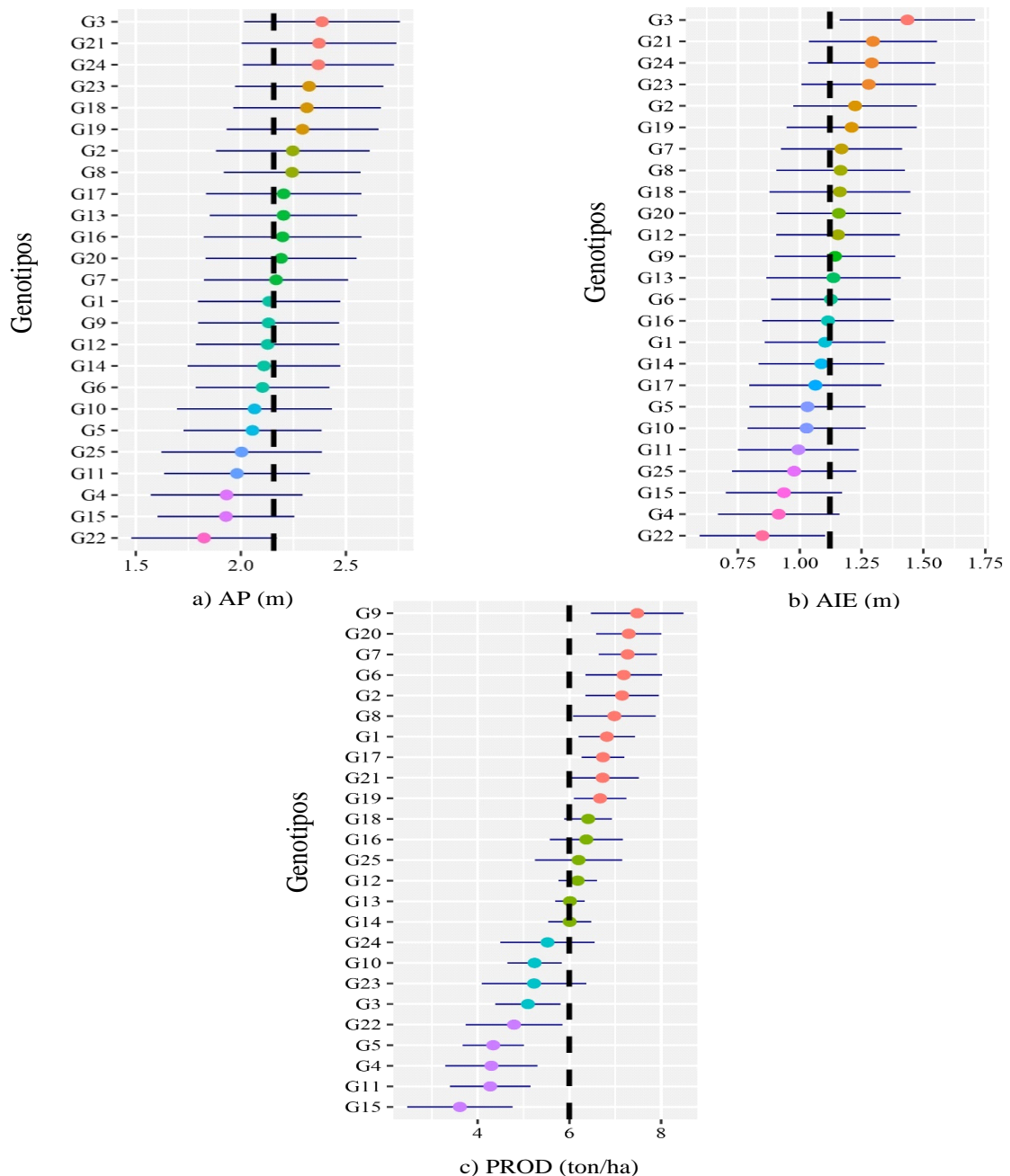
Fonte: Do Autor (2024).

No que diz respeito ao desempenho individual dos genótipos (figura 2 a e b), para AP e AIE, verificou-se que vários genótipos se comportaram como de porte baixo, com alturas semelhantes e baixas em relação a média das testemunhas (AP: 2,3m e AIE: 1,2m), o que é desejável para esse carácter, pois, segundo Jaremtchuk *et al.* (2005) ; Júnior *et al.* (2017) e Sangoi *et al.* (2002), evita o fácil acamamento, quebra e auto-sombreamento das folhas, principalmente em plantios comerciais onde há maior densidade de plantas, permitindo que as plantas se mantenhas eretas até a colheita.

As médias de AP variaram entre 1,81m do genótipo MC 70 (G22) a 2,31m do genótipo BRS 2022 (G3) e a AIE variou de 0,88m para o genótipo G22 e 1,30m do genótipo G3. De acordo com a classificação proposta por Pinto *et al.*(2010), são consideradas plantas de porte

baixo quando menores de 2,20m, porte médio entre 2,20m a 2,80m e altas quando maiores que 2,80m. No presente estudo, nenhum genótipo se caracterizou como de porte alto, sendo que estiveram também dentro do intervalo considerado como ótimo na cultura de milho, 1,70m a 2,50m (Daros, 2010).

**Figura 2** - Médias dos caracteres a) altura de planta (AP), b) altura de inserção de espiga (AIE) e c) produtividade (PROD) dos 25 genótipo de milho em 11 ambientes, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.



Fonte: Do Autor (2024).

Em estudos avaliando características agronômicas e a composição químico-bromatológica de 20 genótipos de milho para ensilagem, no estado de Paraná, Jaremtchuk *et al.* (2005), perceberam que plantas de milho com tendência ao porte baixo em altura, eram ideais para o manuseio tanto manual, assim como mecanizado, pois permitiriam a redução do espaçamento entre linhas e o acréscimo do número de plantas por unidade de área (maior densidade populacional), contribuindo de certa forma no aumento do rendimento. No presente estudo as AP estiveram entre 1,80m e 2,31m, sendo que a média geral, foi de 2,20m. Resultados similares foram observados por Paziani *et al.* (2009) com porte de plantas entre 1,83m e 2,47m e Pinto *et al.* (2010), com 1,90m e 2,66m.

Para o caracter AIE, a média geral do estudo foi de 1,10m, sendo essa altura considerada baixa e ótima para a cultura de milho. Para de Oliveira *et al.* (2016), uma menor altura de inserção da espiga, além de conferirem maior tolerância ao acamamento das plantas, permite o plantio de um maior número de plantas por unidade de área. Várias são as evidências de aumento de produtividade com plantas de AIE menor (de Oliveira *et al.*, 2016; Lima, Alvarez e Contardi, 2016; Paziani *et al.*, 2009). Na figura 2 a e b, é possível observar que os genótipos que tiveram maior e menor AP, são também os que tiveram maior e menor AIE, concordando com Silva *et al.* (2014) ao afirmar que em plantas mais altas resultam em maior altura de inserção da primeira espiga.

As AIE observadas no presente estudo, foram superiores às alcançadas por Rego *et al.* (2023), ao avaliar o desempenho agrônomo de 25 cultivares de milho segunda safra em Balsas, estado do Maranhão, tendo médias entre 0,66m e 0,97m. Embora vários estudos apontem a preferência pelas plantas mais baixas, por outro lado, as plantas com maior AP têm chances de polinização de maior número de linhas de fêmeas e AIE menor possibilita recebimento de maior quantidade de pólen e potencializa a capacidade de polinização das linhas de macho durante a fecundação (Koshima, 2009).

Na figura 2 c, são apresentados os dados médios de PROD para os diferentes genótipos avaliados, que formaram cinco grupos discriminados por cores distintas. A menor PROD foi verificada no genótipo Sintético 91801590 (G15) (3,68 ton/ha) e o genótipo HTC 697 (G9) proporcionou a maior média (7,43 ton/ha), ultrapassando a média das testemunhas (5,87 ton/ha). A produtividade média geral alcançada no presente estudo foi de 5,99 ton/ha, valor este considerado bom, pois esteve próximo da produtividade média do Brasil na safra 2022/2023 (6,020 ton/ha) (Conab, 2023) e ainda se tratando de variedades. Os resultados obtidos foram superiores aos resultados encontrados por Cunha, Jesus e Buso (2017), que avaliando o potencial de duas variedades de milho crioulo no Instituto Federal Goiano (GO),

observaram médias de produtividades entre 4,158 ton/ha e 4,184 ton/ha. Estes resultados corroboram com os observados por Sandri e Tofanelli (2008) e Silveira *et al.* (2015), que em suas pesquisas com variedades, observaram produtividades médias de 4,742 ton/ha e 4,667 ton/ha respectivamente. As médias de PROD altas do presente estudo são advindas da alta capacidade de responder melhor aos estresses abióticos e bióticos, por serem resultado de uma base genética ampla (Bianchetto *et al.*, 2017). Reforçando a ideia de que esses genótipos se apresentam como uma alternativa viável para sistemas de cultivo sob baixo nível de investimento tecnológico e de capacidade financeira, sobre tudo para pequenos agricultores, tornando-as também bastante atrativas para cultivo em ambientes com ou sem condições de estresse (Uate *et al.*, 2019).

## 4.2. Análise de adaptabilidade e estabilidade

### 4.2.1 Pelo método de Annicchiarico (1992)

A análise de adaptabilidade e estabilidade usando o índice de confiança ( $W_i$ ) proposto por Annicchiarico (tabela 5), considerou como ambientes desfavoráveis BVT, LVR, NVP, PRG e SLG, pelos valores de índices ambientais negativos (-1,443469, -1,377465, -2,596857, -3,387169 e -0,189469 respectivamente) e classificou como ambientes favoráveis ALT (1,817547), BRJ (0,664935), CDG (0,789531), PLT (2,777355), SBL (1,673131) e TRS (1,271931).

**Tabela 5** - Resumo da classificação dos 11 ambientes pelo índice de confiança ( $W_i$ ) no caráter produtividade (PROD), pelo método de Annicchiarico (1992).

Ambiente	Média	Índice	Classe
ALT	7,81	1,817547	Favorável
BVT	4,55	-1,443469	Desfavorável
BRJ	6,66	0,664935	Favorável
CDG	6,79	0,789531	Favorável
LVR	4,62	-1,377465	Desfavorável
NVP	3,40	-2,596857	Desfavorável
PRG	2,61	-3,387169	Desfavorável
PLT	8,77	2,777355	Favorável
SLG	5,81	-0,189469	Desfavorável
SBL	7,67	1,673131	Favorável
TRS	7,27	1,271931	Favorável
Média Geral	5,99	-	-

Fonte: Do Autor (2024).

Pela (tabela 5), foi possível observar que os ambientes classificados como favoráveis, foram também os mais produtivos, indicando que esses ambientes possuem condições potenciais para o cultivo desses genótipos e que favorecerá que eles tenham uma melhor expressão de produção, corroborando com resultados encontrados por Júnior *et al.* (2017); Lima *et al.* (2023), justificando que quanto maior o valor do índice de confiança, maior é a chance de sucesso da escolha do genótipo e maior é a confiabilidade dessa escolha, pois esses índices são gerados a partir dos valores médios de produtividade dos genótipos em relação à média dos ambientes. A baixa produtividade nos ambientes categorizados como desfavoráveis, em relação aos ambientes favoráveis e à média geral, pode ser justificada pela data de implantação dos experimentos, quanto pelos ataques de pragas ocorridos no período de avaliação dos experimentos, como o caso do ambiente LVR, que foi semeado na segunda metade do mês de fevereiro e sofreu ataques por maritaca (*Pionus maximiliani*) na fase inicial de enchimento de grãos.

A época de semeadura é um dos fatores determinantes para a exploração do potencial produtivo na cultura do milho, pois, explora as melhores condições de ambiente, temperaturas e umidade do solo, ao longo do cultivo e evita alta incidência de pragas (Cunha *et al.*, 2020; Rogers *et al.*, 2021). Se agrava ainda mais, por se tratar de um período com muitos campos de milho na fase pré-colheita, que faz as pragas migrarem para regiões com plantas novas e ou jovens, porém num número já maior. Nos seus estudos, Júnior *et al.* (2017) e Ribeiro e Almeida, (2011), observaram a existência de similaridade moderada entre os ambientes em teste, atribuindo as condições edafoclimáticas e rigorosidade no manejo para as divisões dos ambientes em grupos.

Um valor maior do índice de confiança ( $W_i$ ), indica a chance de sucesso e a confiabilidade da escolha do genótipo com maior adaptabilidade e estabilidade em relação ao caráter avaliado. Na tabela 6 está a classificação dos genótipos quanto ao desempenho em ambiente geral, favorável e desfavorável. Verificou-se que nove genótipos UFLA-JM 100 (G1), PF 7031 (G6), PF 7021 (G7), Potiguar (G8), HTC 697 (G9), Sintético 91801596 (G17), Sintético 91801599 (G18), Sintético 91801600 (G19), Sintético 91801601 (G20) e duas testemunhas BRS 1060 (G2) e BRS 2107 (G21), ficaram acima do valor de índice, cujos respectivos índices estiveram entre 0,95% a 15,1% acima de 100. Tais resultados evidenciam que, mesmo cultivado em ambientes distintos e submetidos a diferentes variações edafoclimáticas, esse grupo de genótipos manteve-se estável e adaptável quanto a produção de grãos de milho. Sendo considerado por Lima *et al.* (2023), de maior confiabilidade para indicação tanto em ambientes favoráveis, quanto desfavoráveis.

**Tabela 6** - Resumo da classificação dos ambientes pelo índice de confiança ( $W_i$ ) dos 11 ambientes no caráter produtividade (PROD ton/ha), pelo método de Annicchiarico (1992).

Genótipo	Média Geral	Índice		
		Geral	Favorável	Desfavorável
G1	6,86	107,80	103,58	113,54
G2	7,23	112,62	105,61	124,67
G3	5,17	76,46	82,40	70,22
G4	4,27	57,83	64,68	51,87
G5	4,29	63,10	65,62	60,30
G6	7,14	112,85	110,19	120,94
G7	7,16	114,68	111,48	120,54
G8	6,98	107,62	107,89	106,88
G9	7,43	115,09	113,36	119,23
G10	5,32	82,20	79,55	85,26
G11	4,39	62,63	66,97	57,72
G12	6,11	96,83	100,37	93,39
G13	6,06	97,02	96,03	99,02
G14	5,94	94,90	93,14	96,78
G15	3,68	47,59	51,39	45,14
G16	6,29	97,53	95,19	100,47
G17	6,64	105,34	106,04	104,56
G18	6,41	101,87	101,12	102,67
G19	6,83	106,14	102,55	112,71
G20	7,27	114,08	109,03	121,10
G21	6,66	100,95	107,21	94,26
G22	4,60	66,72	67,78	64,21
G23	5,21	70,14	90,47	60,28
G24	5,69	80,13	96,89	68,47
G25	6,30	94,33	97,40	90,47

Fonte: Do Autor (2024).

Quanto a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em ambientes favoráveis, destacaram-se os genótipos UFLA-JM 100 (G1), PF 7031 (G6), PF 7021 (G7), Potiguar (G8), HTC 697 (G9), HTC 795 (G12), Sintético 91801596 (G17), Sintético 91801599 (G18), Sintético 91801600 (G19), Sintético 91801601 (G20) e as testemunhas BRS 1060 (G2) e BRS 2107 (G21), com o índice de recomendação superior a 100, demonstrando que esses genótipos são responsivos à melhoria das condições ambientais.

Para os ambientes considerados desfavoráveis, os melhores desempenhos foram dos genótipos UFLA-JM 100 (G1), PF 7031 (G6), PF 7021 (G7), Potiguar (G8), HTC 697 (G9), Sintético 91801592 (G16), Sintético 91801596 (G17), Sintético 91801599 (G18) e Sintético 91801600 (G19), Sintético 91801601 (G20), assim como a testemunha BRS 1060 (G2),

revelando que esses genótipos mantiveram boa produtividade mesmo em ambientes sem condições favoráveis, e podem ser recomendados para sistemas de cultivo com menor investimento e de baixo nível tecnológico, onde o produtor mantém bons níveis de produtividade sem o aumento substancial no seu custo de produção (Júnior *et al.*, 2017; Ljubičić *et al.*, 2023).

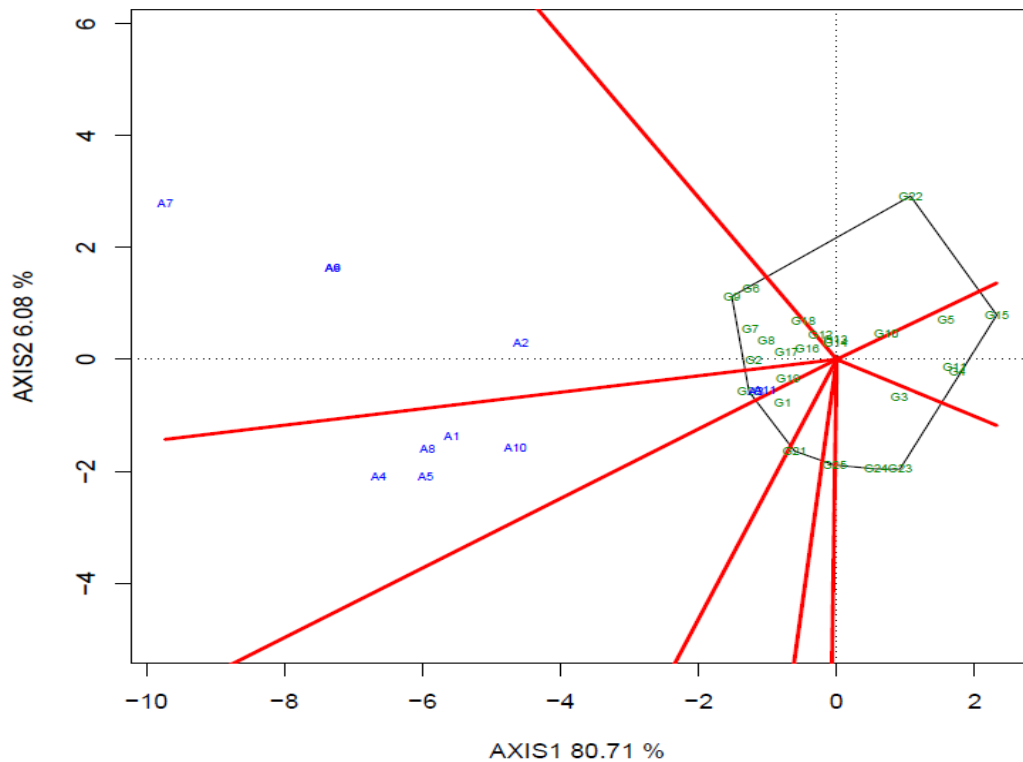
Esses resultados mostraram que os genótipos PF 7031 (G6), PF 7021 (G7), HTC 697 (G9), Sintético 91801601 (G20), apresentarem alto desempenho em ambientes desfavoráveis de cultivo quando comparados a todas as testemunhas que são híbridos comerciais. Cabe realçar que os genótipos UFLA-JM 100 (G1), PF 7031 (G6), PF 7021 (G7), Potiguar (G8), HTC 697 (G9), Sintético 91801596 (G17), Sintético 91801600 (G19), Sintético 91801599 (G18), Sintético 91801601 (G20) e a testemunha BRS 1060 (G2), apresentaram índice de confiança acima de 100% nos ambientes favoráveis, desfavoráveis e geral. Assim, pode-se inferir que esses genótipos se mostram como de ampla adaptabilidade e estabilidade para os ambientes estudados. Resultados similares foram verificados por Uate *et al.* (2019), que ao avaliar o progresso genético e a adaptabilidade e estabilidade de 81 genótipos de milho (variedades OPV e híbridos), em 117 ambientes na região central do Brasil, observaram que algumas variedades apresentaram potencial de produtividade, estimativas de adaptabilidade e estabilidade compatíveis com híbridos comerciais. Os genótipos Sintético PESAGRO-RIO (G4) e Sintético 91801590 (G15) foram os que mostraram os piores índices de confiança nas três condições ambientais.

#### **4.2.2 Pelo método GGE biplot**

A análise GGE Biplot mostrou que o eixo 1 e eixo 2 juntos constituem um biplot GGE, explicando de 80,71% e 6,08% do total de 86,79% (figura 3), apresentando boa eficiência.

Mega ambientes são caracterizados como um conjunto de sub-regiões que de forma consistente compartilham um único genótipo ou um grupo de genótipos semelhantes, especificamente adaptados e com desempenho superior (Afféri *et al.*, 2020; Rogers *et al.*, 2021). Segundo Yan e Kang (2002), a visão poligonal de um GGE biplot não apenas mostra o melhor genótipo para cada ambiente avaliado, mas também divide os ambientes em grupos.

**Figura 3** - GGE biplot “which-won-where” para o caráter PROD de 25 genótipos de em 11 ambientes.

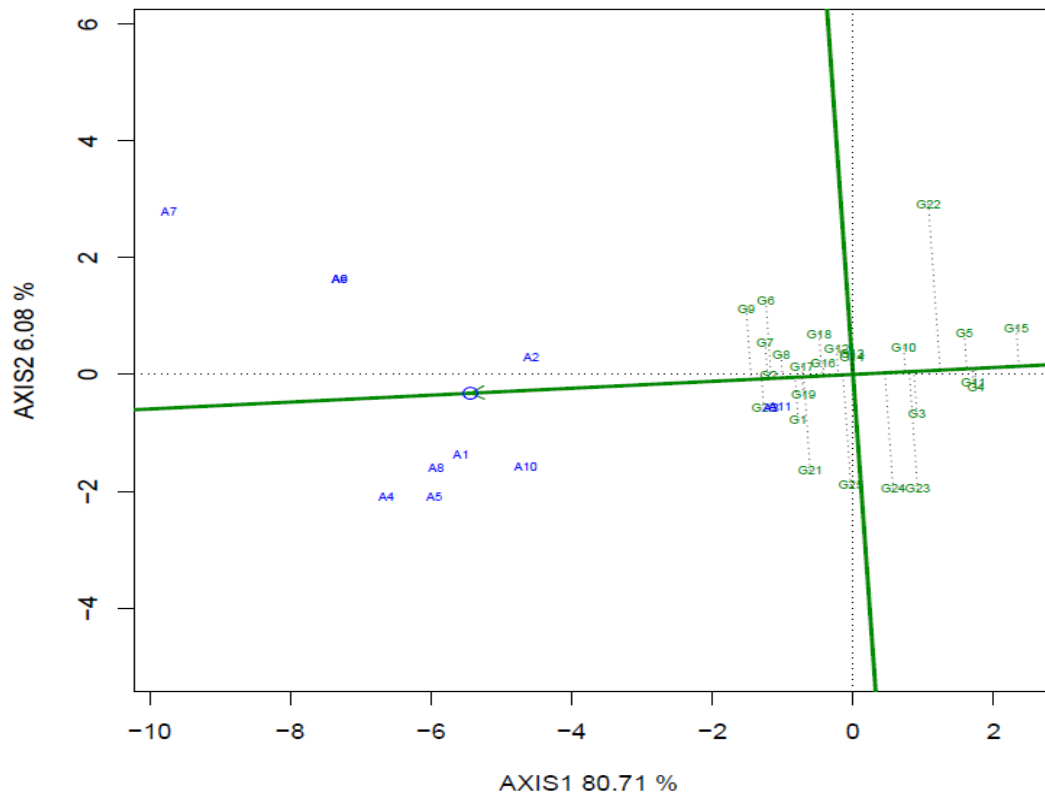


Fonte: Do Autor (2024).

A figura 3 visualiza o agrupamento dos ambientes com base nos genótipos com melhores desempenho, formando assim os mega ambientes. Assim sendo, os genótipos com melhor desempenho se encontram no canto ou no vértice do polígono e os ambientes foram divididos em dois mega ambientes, separados pelas linhas vermelhas.

Nos vértices do polígono estão os genótipos G9, G15, G20, G21, G22, G23 e G25, os quais são os mais responsivos. O genótipo G9 está inserido no grupo onde estão os ambientes BVT (A2), BRJ (A3), NVP (A6) e PRG (A7), evidenciando que o genótipo teve bom desempenho nesse mega ambiente. O Genótipo G20 se destacou no vértice pelo grupo onde estão os ambientes ALT (A1), CDG (A4), LVR (A5), PLT (A8), SLG (A9), SBL (A10) e TRS (A11), indicando sua alta performance nesse mega ambiente.

**Figura 4** - GGE biplot desempenho medio vs. estabilidade para o caráter PROD de 25 genótipos de em 11 ambientes.



Fonte: Do Autor (2024).

Os genótipos G9 e G20 foram considerados de alto desempenho pelo índice de confiança de Annicchiarico (1992). Resultados semelhantes foram observados por Ruswandi *et al.*(2022), que ao estudar o efeito do genótipo, ambiente e da interação GxA para 11 genótipos de milho em cinco ambientes, constataram que os genótipos que estavam no topo de cada mega ambiente, detinham igualmente os altos rendimentos daquele grupo de ambientes. Na presente pesquisa, os genótipos que se destacaram nos dois grupos, fazem parte do grupo com melhores médias de PROD (figura 2).

De acordo com Yamamoto *et al.* (2021), quando os genótipos estão em vértices onde não é possível definir a qual setor pertencem e não possuem ambientes relacionados, pode-se supor que esses genótipos não foram responsivos a nenhum dos ambientes agrupados. No presente estudo, os genótipos G15, G21, G22, G23 e G25 foram considerados desfavoráveis e baixa produtividade.

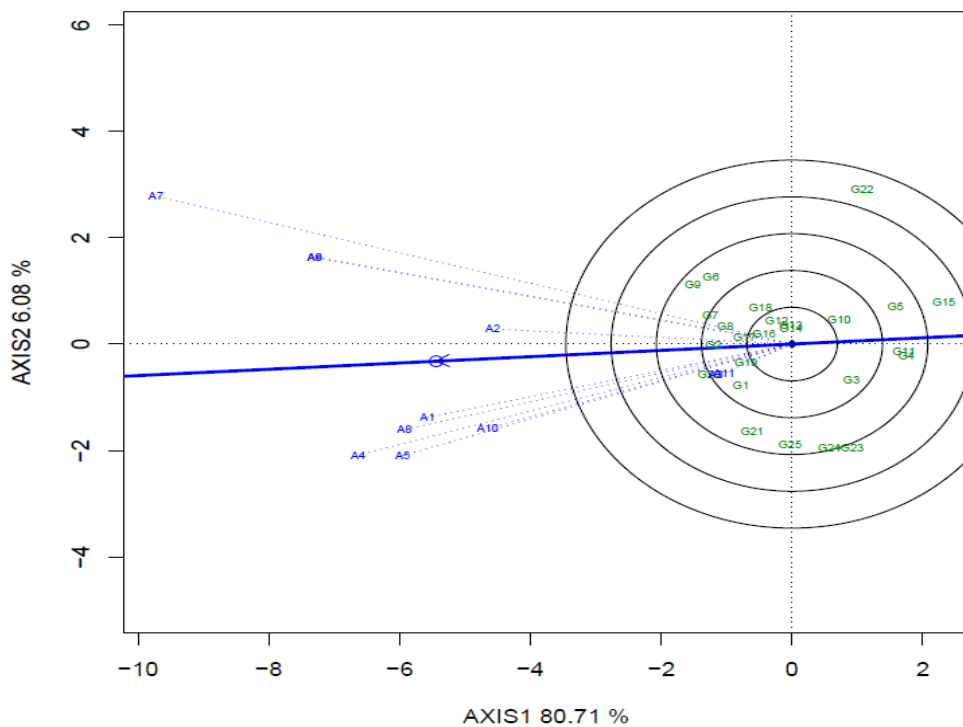
Para o desempenho médio e estabilidade (figura 4), observa-se uma coordenada média de ambiente (AEC) no biplot. Um pequeno círculo que representa o ambiente médio é definido pelas médias dos eixos 1 e 2 dos ambientes e segundo Olivoto e Sari (2021), uma linha que pode ser designada média, passa pela origem do biplot e pelo AEC. A seta, indica a

direção de rendimentos mais elevados e a linha perpendicular ao eixo do AEC está relacionado à estabilidade do genótipo (Ruswandi *et al.*, 2022; Yan e Kang, 2002). Quanto menor é o comprimento da linha verde tracejada, maior é a estabilidade do genótipo (Yamamoto *et al.*, 2021). Assim, o genótipo G9 foi claramente o de maior rendimento em média, enquanto que o G16 e G17 foram os mais estáveis.

Na figura 4, é possível observar que grande parte dos genótipos tiveram rendimentos acima da média, com exceção de G4, G5, G10, G11, G15, G22, G23 e G24, que tiveram desempenho abaixo da média. No presente estudo, os genótipos G15 e G22 foram os que tiveram o pior desempenho e alta instabilidade respectivamente.

Ruswandi *et al.* (2022) defendem que ao se fazer a recomendação, se tome o cuidado de usar os dois critérios (rendimento e estabilidade do genótipo) de forma integrada, pois só assim, a inferência irá indicar o melhor genótipo (genótipo ideal), portanto, o genótipo ideal é aquele que estiver mais próximo do ambiente médio (seta) e da linha de estabilidade. Com base nesse critério, os genótipos G16 e G17 foram os ideais, pois estiveram perto da seta e da linha de estabilidade nesse estudo.

**Figura 5** - GGE biplot discriminativo e representativo para o caráter PROD de 25 genótipos de em 11 ambientes.



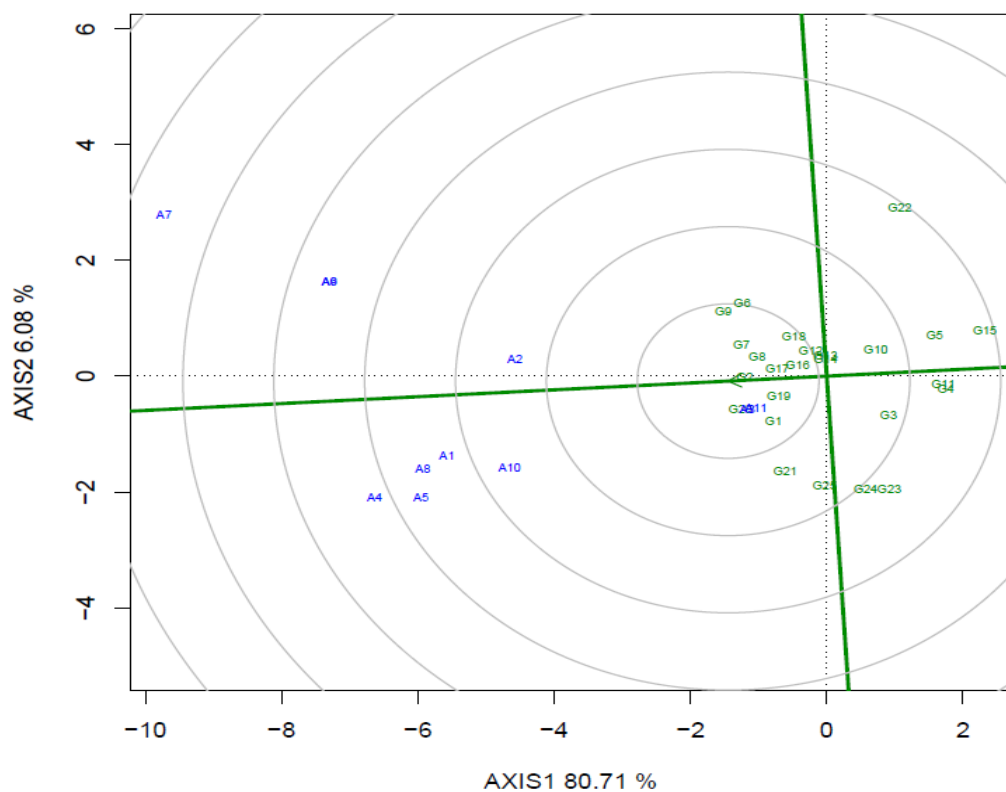
Fonte: Do Autor (2024).

Além disso, o método GGE biplot leva em consideração a relação existente entre os ambientes estudados (figura 5). As diferenças ambientais são representadas como linhas vetoriais originadas da origem do biplot. O ângulo entre os vetores de dois ambientes indica a similaridade entre eles (Ruswandi *et al.*, 2022) e os mais representativos de forma geral, são aqueles que formam o menor ângulo entre seu vetor e a AEC (Charimba *et al.*, 2022). Para Yan e Kang (2002), vetores longos e curtos classificam os ambientes em mais e menos discriminatórios respectivamente, sendo esses últimos os que fornecem pouca ou nenhuma informação sobre os genótipos. Portanto, no presente estudo notou-se uma estreita relação entre os ambientes BRJ (A3) e NVP (A6), em que os seus vetores se sobrepueram. Por outro lado, os ambientes ALT (A1) e PLT (A8), LVR (A5) e SBL (A10), assim como SLG (A9) e TRS (A11), possuem uma relação negativa com BVT (A2) e PRG (A7). Os ambientes BRJ (A3) e NVP (A6), possuem relação fraca com os ambientes BVT (A2) e PRG (A7). O ambiente BVT (A2) mostrou-se como o mais representativo, sendo que os mais discriminatórios foram os ambientes PRG (A7), BRJ (A3), CDG (A4) e NVP (A6). Os ambientes ALT (A1), BVT (A2), LVR (A5), PLT (A8) e SBL (A10), foram moderadamente discriminatórios.

Para que um ambiente seja considerado ideal, ele deve discriminar efetivamente os genótipos e representar os ambientes simultaneamente (Oliveira *et al.*, 2019). No presente estudo, o ambiente BVT (A2) demonstrou-se como o ideal para identificar e selecionar genótipos, pois ele une a discriminação moderada e alta representatividade. Por outro lado, os ambientes SLG (A9) e TRS (A11) foram os que tiveram a pior classificação nesses parâmetros, o que UATE *et al.* (2019) sugerem não ser adequados para a ensaios de genótipos para recomendação.

Um genótipo ideal deve combinar alta produtividade com estabilidade consistente em diversos ambientes, devendo esse apresentar o vetor mais longo e nenhuma interação GxA (Oliveira *et al.*, 2019; Yamamoto *et al.*, 2021). O centro dos círculos concêntricos na figura 6 simboliza o ideal, servindo mais como um modelo representativo do que como um ideótipo específico para a cultura de milho. Embora simbólico, é uma referência para avaliação dos outros genótipos.

**Figura 6** - GGE biplot Ranqueamento dos Genótipos para o caráter PROD de 25 genótipos de em 11 ambientes.



Fonte: Do Autor (2024).

Em programas de melhoramento de plantas, os genótipos são classificados com base em sua distância do genótipo ideal (Yan *et al.*, 2007). Os outros círculos concêntricos, dão uma visualização das distâncias entre os genótipos. No presente estudo, os genótipos G6, G7, G8, G9, G12, G16, G17, G18, G19 e G20, são os que mais próximo estiveram do genótipo ideal. O genótipos G16 e G17 se destacaram ao superar os outros genótipos avaliados, pois estiveram muito mais próximo da região do genótipo ideal, região que Olivoto e Sari (2021) descrevem a existência de um pequeno círculo com uma seta apontada para ele. Os piores genótipos no ranqueamento foram G15 e G22, confirmando o observado nas outras análise, como sendo os piores do estudo no geral.

Vários são os estudos que comparam ou utilizam dois ou mais métodos de forma integrada para inferir a adaptabilidade e estabilidade de genótipos, com o propósito de recomendação (Faria, 2016; Lima, 2020; Yan *et al.*, 2007), por se tratar de métodos distintos que usam critérios divergente, porem com o mesmo propósito de disponibilizar informações mais confiáveis possível.

No presente estudo, houve uma concordância na recomendação pelos metodologias integradas, reforçando a afirmação de Yamamoto *et al.* (2021), que a utilização de mais de um

método para estimação dos parâmetros pelos melhoristas é uma estratégia que permite maior confiabilidade na interpretação dos dados para posterior recomendação de cultivares superiores para uma determinada região.

## 5. CONCLUSÕES

O comportamento dos genótipos em avaliação foi considerado previsível, pois foi notada uma tendência de agrupamento, quando considerado o seu comportamento. Para todos os caracteres avaliados, verificou-se a existência de grupos de genótipos com padrões similares e também diferentes, dentro grupo e entre os grupos.

Pelo método de Annicchiarico (1992), os genótipos PF 7031 (G6), PF 7021 (G7), HTC697 (G9) e Sintético 91801601 (G20), apresentaram alto desempenho em ambientes desfavoráveis para o estudo e se mostraram como de ampla adaptabilidade e estabilidade para os ambientes estudados quando comparados às testemunhas que são híbridos.

Pela análise gráfica GGE biplot, foram identificados dois mega ambientes com quatro e sete ambientes onde se destacaram os genótipos HTC697 (G9) e Sintético 91801601 (G20) com boa produtividade respectivamente, indicando sua alta performance nesses grupos de ambientes.

O ambiente BVT (A2) demonstrou-se como o ideal para identificar e selecionar genótipos, pois ele une a discriminação moderada e alta representatividade.

Pelos métodos Annicchiarico e análise gráfica GGE biplot, os genótipos Sintético 91801601 (G20) e HTC697 (G9), Sintético 91801592 (G16) e Sintético 91801596 (G17) foram considerados de alto desempenho pelo índice de confiança e distância do genótipo ideal, respectivamente, porém, os genótipos G9, G17 e G20, foram os que combinaram alta adaptabilidade, estabilidade e melhor média de produtividade, podendo ser recomendados para pequenos agricultores, onde há baixo investimento e tecnologia.

## REFERÊNCIAS

- AFFÉRRI, F. S. *et al.* **Avaliação de genótipos de milho: adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental.** Revista Sítio Novo, v. 4, n. 2, p. 81–92, 1 abr. 2020.
- AGOYI, E. E. *et al.* **Combining AMMI and BLUP analysis to select high-yielding soybean genotypes in Benin.** Agronomy Journal, pag2.21615, 26 jun. 2024.
- AMARAL, C. B.; MORO, G. V. **Estabilidade e adaptabilidade do florescimento em variedades de milho.** Ciência & Tecnologia. 9:1-5, 2017.
- ANNICCHIARICO, P. **Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy.** Journal of Genetics and Plant Breeding, v. 46, p. 269–278, 1 jan. 1992.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype X Environment Interactions: Challenges and Opportunities for Plant Breeding and Cultivar Recommendations.** [s.l.] Food & Agriculture Org., 2002.
- BARETTA, D. *et al.* (PDF) **Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos em populações crioulas de milho pelo procedimento REML/BLUP.** Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/317941204\\_Estimates\\_of\\_genetic\\_parameters\\_and\\_genotypic\\_values\\_prediction\\_in\\_maize\\_landrace\\_populations\\_by\\_REMLBLUP\\_procedure](https://www.researchgate.net/publication/317941204_Estimates_of_genetic_parameters_and_genotypic_values_prediction_in_maize_landrace_populations_by_REMLBLUP_procedure)>. Acesso em: 31 jul. 2024.
- BARROS, J. F. C.; CALADO, J. G. **A Cultura do Milho.** other. Disponível em: <<https://dspace.uevora.pt/rdpc/handle/10174/10804>>. Acesso em: 20 mar. 2024.
- BIANCHETTO, R. *et al.* **Desempenho agrônômico de milho crioulo em diferentes níveis de adubação no Sul do Brasil.** Revista Eletrônica Científica da UERGS, v. 3, n. 3, p. 528–545, 20 dez. 2017.
- BORÉM, A.; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita - 2ª ed. - Impresso.** Disponível em: <<https://www.ofitexto.com.br/milho-plantio-colheita-2ed/p>>. Acesso em: 26 mar. 2024.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas - 6 Ed (2013) | PDF | Agricultura | Humano.** Disponível em: <<https://pt.scribd.com/document/413560284/Melhoramento-de-Plantas-Borem-e-Miranda-6%C2%AAed-2013>>. Acesso em: 21 maio. 2024.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas.** 2017.
- BORGHI, E.; FILHO, I. A. P.; RESENDE, Á. V. **Dez dicas para produção de Milho.** p. 36, 2017.
- BOSCHIERO, B. N. **5 maiores produtores de milho do mundo na safra 2022/2023.** 5 jan. 2024. Disponível em: <<https://agroadvance.com.br/blog-5-maiores-produtores-de-milho-do-mundo/>>. Acesso em: 9 ago. 2024

BUENO FILHO, J. S. D. S.; VENCOSKY, R. **Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 35, p. 259–296, fev. 2000.

CANDIDO, W. D. S. *et al.* **Selection of top cross hybrids for green maize yield via REML/Blup method.** Australian Journal of Crop Science, n. 14(01) 2020, p. 172–178, 20 jan. 2020.

CARVALHO, F. **Análise de experimentos de germinação usando os modelos lineares generalizados.** [s.l.] Universidade Federal de Uberlândia, 27 jan. 2016.

CASTRO, L. L. D. **Capacidade de combinação de híbridos simples de milho e interação com épocas de plantio.** 2020.

CHARIMBA, A. M. *et al.* **Adaptability and phenotypic stability of upland rice genotypes in Mozambique.** Functional Plant Breeding Journal, v. 5, 25 abr. 2022.

CONAB. **Conab - Com novo recorde, produção de grãos na safra 2022/23 chega a 322,8 milhões de toneladas.** Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/5157-com-novo-recorde-producao-de-graos-na-safra-2022-23-chega-a-322-8-milhoes-de-toneladas>>. Acesso em: 9 ago. 2024a.

CONAB. **Conab - Brasil deve produzir maior safra histórica de grãos no ciclo 2022/2023, com 317,6 milhões de toneladas.** Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/5074-brasil-deve-produzir-maior-safra-historica-de-graos-no-ciclo-2022-2023-com-317-6-milhoes-de-toneladas>>. Acesso em: 28 jul. 2023b.

CONTINI, E. *et al.* **Milho - Caracterização e Desafios Tecnológicos.** n. Série Desafios Do Agronegócio Brasileiro (NT2), 2019.

CRUZ, C. D. Programa GENES: **Aplicativo Computacional em Estatística Aplicada à Genética (GENES - Software for Experimental Statistics in Genetics).** Genetics and Molecular Biology, v. 21, p. 135–138, mar. 1998.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.; CARNEIRO, P. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético,** v. 1, 1 jan. 2012.

CRUZ, D. P. *et al.* **Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP).** Genetics and Molecular Research, v. 17, n. 2, 4 maio 2018.

CUNHA, A. DE S. S.; JESUS, J. M. I. DE; BUSO, W. H. D. **ResearchGate.** Disponível em: <<https://www.researchgate.net/search.Search.html?query=Avaliacao+de+Adaptabilidade+e+e+estabilidade+de+genotipos+de+milho&type=publication>>. Acesso em: 12 jul. 2024.

CUNHA, B. A. DA *et al.* **Influência da época de semeadura na severidade de doenças foliares e na produtividade do milho safrinha.** Summa Phytopathologica, v. 45, p. 424–427, 17 jan. 2020.

SILVA, H. J. T. da. *et al.* **Aspectos técnicos e econômicos da produção de etanol de milho no Brasil.** Revista de Política Agrícola, v. 29, n. 4, p. 142, 30 dez. 2020.

SILVA, P. R. da. *et al.* **Adaptability and stability of corn hybrids grown for high grain yield.** *Acta Scientiarum - Agronomy*, v. 36, n. 2, p. 175–181, 2014.

DAROS, R. **Cultura do milho: manual de recomendações técnicas.** Dourados: Agraer, 2015. Pesquisa Google. Acesso em: 20 maio. 2024.

OLIVEIRA, I. R. da. *et al.* **Avaliação do desempenho agrônômico de híbridos de milho na Região Nordeste do Brasil.** 2016.

DUARTE, J. DE O.; MATTOSO, M. J.; GARCIA, J. C. **Importância Socioeconômica - Portal Embrapa.** Disponível em: <<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/milho/pre-producao/socioeconomia/importancia-socioeconomica>>. Acesso em: 8 abr. 2024.

ECKARDT, M. *et al.* **Adaptability, stability and environmental stratification of genetically and nongenetically modified corn in the cerrado.** *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, v. 26, n. 1, p. 75–81, 2022.

EICHOLZ, E. D. *et al.* **Produtividade de variedades de milho de polinização aberta no RS.** In: XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO. Anais... Bento Gonçalves, p. 1436 – 1439, 2016. - Pesquisa Google. 2016.

EMYGDIO, B. M. *et al.* **Infoteca-e: Fenologia e características agrônômicas de variedades de milho recomendadas para o RS.** 2008.

FANCELLI, A. L. **Manejo baseado na fenologia aumenta eficiência de insumos e produtividade.** 2015.

FARIA, S. V. de. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho pelos métodos de Eberhart & Russell, centróide, AMMI e Modelos Mistos.** 22 fev. 2016.

FARIA, V. R. *et al.* **Adaptability and stability of popcorn populations related through selection cycles.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 45, n. 12, p. 1396–1403, 2010.

FERREIRA, A. A.; HONGYU, K. **Avaliação de rendimento de genótipo de milho em multiambientes.** *Biodiversidade*, v. 17, n. 3, 10 nov. 2018.

FIGUEIREDO, A. G. D. **Aplicação de modelos mistos na avaliação de estabilidade e adaptabilidade em milho utilizando dados desbalanceados.** 2014.

FILHO, A. C.; STORCK, L. **Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho.** *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, n. 2, p. 111–117, 9 nov. 2010.

GARCIA, J. C.; MATTOSO, M. J.; DUARTE, J. DE O. **Importância do milho em Minas Gerais.** 2006.

GONCALVES, G. D. M. C. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja por REML/BLUP e GGE Biplot.** 2022

GRUBLER, E. **Melhoramento genético do milho**. Trabalho de conclusão de curso - Universidade Federal da Fronteira Sul. 2022.

GUTH, T. L. F. **Análise Mensal Milho Junho/Julho de 2019 – CONAB, Acesso em 14 de Março de 2023**. Disponível em: <[https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuário-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-milho/item/download/28400\\_a7ac31374a6551d606bc8939e829427c](https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuário-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-milho/item/download/28400_a7ac31374a6551d606bc8939e829427c)>. Acesso em: 14 mar. 2023.

HEMAYATI, S. S. *et al.* **Genotype by environment interaction and stability analysis for harvest date in sugar beet cultivars**. Disponível em: <<https://www.nature.com/articles/s41598-024-67272-7>>. Acesso em: 20 jul. 2024.

JAREMTCHUK, A. R. *et al.* **Características agrônômicas e bromatológicas de vinte genótipos de milho (*Zea mays* L.) para silagem na região leste paranaense** - DOI: 10.4025/actascianimsci.v27i2.1220. Acta Scientiarum. Animal Sciences, v. 27, n. 2, p. 181–188, 2005.

JUNIOR, O. *et al.* Avaliação de linhagens s2 de milho em topcrosses com linhagem elite testadora. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 16, p. 297, 1 dez. 2017.

KOO, B.; PARDEY, P. G.; WRIGHT, B. D. (EDS.). **Saving seeds: the economics of conserving crop genetic resources ex situ in the future harvest centres of the CGIAR**. 1. ed. UK: CABI Publishing, 2004.

KOSHIMA, F. A. T. **Estabilidade e adaptabilidade para caracteres de produção em linhagens de milho**. 2009.

LIMA, S. F. DE; ALVAREZ, R. DE C. F.; CONTARDI, L. M. **Influência do espaçamento entre linhas em características fitotécnicas e acúmulo de massa seca de híbridos de milho**. AMBIÊNCIA, v. 12, n. 4, p. 1027–1039, 27 dez. 2016.

LIMA, J. A. **Estabilidade e adaptabilidade de híbridos de milho (*Zea mays* L.) em diferentes ambientes no Norte de Mato Grosso e Sudeste de Rondônia**. 2020.

LIMA, J. A. *et al.* **Adaptability and stability of corn hybrids for the south of the Amazon biome via GGE biplot**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 58, 2023.

LJUBIČIĆ, N. *et al.* **Multivariate Interaction Analysis of *Zea mays* L. Genotypes Growth Productivity in Different Environmental Conditions**. Plants, v. 12, n. 11, p. 2165, 2023.

MIRANDA, R. A. DE. **Uma história de sucesso da civilização**. A Granja, 74 (829), 24-27. 2018.

MONTEIRO, F. *et al.* **Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja para produtividade de óleo nos grãos**. Agrarian, v. 10, p. 18, 26 abr. 2017.

- MURAKAMI, D. M. **Novas metodologias de análise de interação genótipos x ambientes: análise combinada de estratificação, adaptabilidade e estabilidade e análise de representatividade ambiental.** 13 nov. 2001.
- NASCIMENTO, L. de. O. *et al.* **Parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos via REML/BLUP em famílias de meios-irmãos de milho tradicional.** Scientia Naturalis, v. 5, n. 2, 30 dez. 2023.
- OLIVEIRA, T. R. A. de. *et al.* **Hybrid maize selection through GGE biplot analysis.** Bragantia, v. 78, p. 166–174, 14 mar. 2019.
- OLIVEIRA, J. S. E. *et al.* **Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho destinados à silagem em bacias leiteiras do estado de Goiás.** Pesquisa Agropecuária Tropical, p. 45–50, 16 out. 2007.
- OLIVOTO, T. *et al.* **Carateres morfológicos e rendimento de grãos de híbridos simples de milho em diferentes ambientes em diferentes ambientes.** Revista de Ciências Agroveterinárias, v. 17, n. 4, p. 462–471, 14 nov. 2018.
- OLIVOTO, T.; SARI, B. G. **Capítulo 14 Interação genótipo-vs-ambiente | Software R para avaliação de dados experimentais.** Disponível em: <<https://tiagoolivoto.github.io/e-bookr/interaction.html>>. Acesso em: 6 ago. 2024.
- PAZIANI, S. DE F. *et al.* **Caraterísticas agronômicas e bromatológicas de híbridos de milho para produção de silagem.** Revista Brasileira de Zootecnia, v. 38, p. 411–417, mar. 2009.
- PEREIRA, D. R. **Interação genótipos x ambientes e implicações na associação entre carateres em soja.** 5 out. 2017.
- PIEPHO, H. P. **Ridge Regression and Extensions for Genomewide Selection in Maize.** Crop Science, v. 49, n. 4, p. 1165–1176, 2009.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental, 15ª edição, Piracicaba - SP - Brasil.** [s.l.] Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz “FEALQ”, 2009.
- PINTO, A. P. *et al.* **Avaliação de doze cultivares de milho (Zea mays L.) para silagem1** Evaluation of twelve maize (Zea mays L.) cultivars for silage. v. 31, n. 4, 2010.
- R CORE TEAM. **R: O Projeto R para Computação Estatística.** Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>. Acesso em: 26 jul. 2024.
- RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Genética na Agropecuária.** 6ª Edição Revisada. Disponível em: <<https://www.editoraufv.com.br/produto/genetica-na-agropecuaria-6-edicao-revisada/1109979>>. Acesso em: 21 mar. 2024.
- REGO, M. DA S. *et al.* **Desempenho agronômico de cultivares de milho segunda safra em Balsas-MA.** DELOS: Desarrollo Local Sostenible, v. 16, n. 43, p. 620–633, 9 maio 2023.

RESENDE, M. D. V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes.** Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47). - **Pesquisa Google.** Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/-/publicacao/297572/analise-estatistica-de-modelos-mistos-via-remlblup-na-experimentacao-em-melhoramento-de-plantas-perenes>>. Acesso em: 29 jul. 2024.

RESENDE, M. D. V. de. **Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding.** *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 16, p. 330–339, dez. 2016.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares.** *Pesquisa Agropecuária Tropical*, p. 182–194, 16 out. 2007.

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, ago. 2011.

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

ROGERS, A. R. *et al.* **The importance of dominance and genotype-by-environment interactions on grain yield variation in a large-scale public cooperative maize experiment.** *G3 (Bethesda, Md.)*, v. 11, n. 2, p. jkaa050, 9 fev. 2021.

ROSA, G. F. *et al.* **Verificação da adaptabilidade e estabilidade em milhos pelo método ammi.** *Biodiversidade*, v. 16, n. 3, 28 dez. 2017.

ROSAS-CASTOR, J. M. *et al.* **Acúmulo de arsênio na cultura do milho (*Zea mays*): Uma revisão.** *Science of The Total Environment*, v. 488–489, p. 176–187, 1 ago. 2014.

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

RUSWANDI, D. *et al.* **Evaluation of High Yielding Maize Hybrids Based on Combined Stability Analysis, Sustainability Index, and GGE Biplot.** *BioMed Research International*, v. 2022, n. 1, p. 3963850, 2022.

SANDRI, C. A.; TOFANELLI, M. B. D. **Milho crioulo: uma alternativa para rentabilidade no campo.** *Pesquisa Agropecuária Tropical*, p. 59–61, 1 abr. 2008.

SANGOI, L. *et al.* **Bases morfofisiológicas para maior tolerância dos híbridos modernos de milho a altas densidades de plantas.** *Bragantia*, v. 61, p. 101–110, ago. 2002.

SANTOS, L. G. dos. **Adaptação do método aglomerativo de SCOTT-KNOTT a dados de contagem.** 2022.

- SCHMILDT, E. R. *et al.* **Avaliação de métodos de correção do estande para estimar a produtividade em milho.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 36, p. 1011–1018, ago. 2001.
- SILVA, P. C. DA. **Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na região Centro Sul de Mato Grosso do Sul.** 21 fev. 2022.
- SILVA, W. C. J. E; DUARTE, J. B. **Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 41, p. 23–30, jan. 2006.
- SILVEIRA, D. C. *et al.* **Caráterização agromofologica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.)** Na região noroeste do Rio Grande do Sul. 2015.
- SOUZA, A. E. DE *et al.* **Estudo da produção do milho no brasil: regiões produtoras, exportação e perspectivas.** South American Development Society Journal, v. 4, n. 11, p. 182–182, 24 ago. 2018.
- SOUZA, F. R. S. DE *et al.* **Produtividade e estabilidade fenotípica de cultivares de milho em três municípios do Estado do Pará.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 37, p. 1269–1274, set. 2002.
- SOUZA, T. V. DE *et al.* **Relações entre componentes de rendimento e características morfológicas de milho.** MAGISTRA, v. 26, n. 4, p. 493–504, 2014.
- SOUZA, E. M. da. S. **Adaptabilidade e Estabilidade de híbridos de milho (*Zea mays* L.) via modelos mistos e análise gráfica.** 29 jun. 2021.
- SQUILASSI, M. G. **Interação de genótipos com ambientes.** n. 1ª edição, p. 48, 2003.
- STORCK, L. *et al.* **Experimentação Vegetal - 3ª edição.** Disponível em: <<https://editoraufsm.com.br/experimentac-o-vegetal.html>>. Acesso em: 23 jul. 2024.
- TAIZ, L. *et al.* **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal.** 6ed. [s.l.] Artmed Editora, 2017.
- UATE, J. V. *et al.* **Genetic progress, adaptability and stability of maize cultivars for value of cultivation and use trials.** Acta Scientiarum. Agronomy, v. 41, p. e42624–e42624, 24 maio 2019.
- VAN EEUWIJK, F. A.; BUSTOS-KORTS, D. V.; MALOSETTI, M. **What Should Students in Plant Breeding Know About the Statistical Aspects of Genotype × Environment Interactions?** Crop Science, v. 56, n. 5, p. 2119–2140, 2016.
- YAMAMOTO, E. L. M. *et al.* **Adaptability and stability of maize genotypes in growing regions of central Brazil.** Revista Ceres, v. 68, p. 201–211, 16 jun. 2021.
- YAN, W. *et al.* **Avaliação de Cultivares e Investigação de Mega-Ambiente Baseado no Biplot GGE - Yan - 2000 - Crop Science - Wiley Online Library.** Disponível em: <<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2000.403597x>>. Acesso em: 21 mar. 2024.

YAN, W. *et al.* **GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by-Environment Data.** *Crop Science*, v. 47, n. 2, p. 643–653, 2007.

YAN, W.; KANG, M. S. **Análise biplot GGE: uma ferramenta gráfica para criadores, geneticistas e agrônomos** | Solicitar PDF. Disponível em:<[https://www.researchgate.net/publication/256453679\\_GGE\\_Biplot\\_Analysis\\_A\\_Graphic\\_al\\_Tool\\_for\\_Breeders\\_Geneticists\\_and\\_Agronomists](https://www.researchgate.net/publication/256453679_GGE_Biplot_Analysis_A_Graphic_al_Tool_for_Breeders_Geneticists_and_Agronomists)>. Acesso em: 7 ago. 2024.