

**ALISON UBERTI**

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS E  
POPULAÇÕES DE MILHO EM AMBIENTES  
CONTRASTANTES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Magister Scientiae*.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA - MINAS GERAIS**

**2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

U14d  
2020  
Uberti, Alison, 1993-  
Desempenho de híbridos experimentais e populações de  
milho em ambientes contrastantes / Alison Uberti. – Viçosa,  
MG, 2020.  
65 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Inclui bibliografia.

1. *Zea mays* L. 2. Interação genótipo - ambiente. 3. Stress  
(Fisiologia). 4. Plantas - Efeito do nitrogênio. I. Universidade  
Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de  
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.15

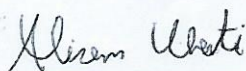
ALISON UBERTI

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS E  
POPULAÇÕES DE MILHO EM AMBIENTES  
CONTRASTANTES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Magister Scientiae*.

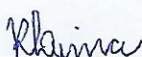
APROVADA: 06 de agosto de 2020.

Assentimento:



---

Alison Uberti  
Autor



---

Rodrigo Oliveira de Lima  
Orientador

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, pela vida, por tudo que me concedeu e por estar presente em todos os momentos de minha vida.

Aos meus pais, Pedro Paulo e Lorita Fátima Uberti, meu irmão Alex e cunhada Janaina Uberti, a minha namorada Alice Santana pelo apoio, incentivo e amor. Pai e mãe, o incentivo e amor de vocês, me proporcionaram chegar aqui. Mesmo com dificuldades, eu sonho os sonhos de vocês, pois não tiveram tais oportunidades. Alice, sem você na minha vida eu não teria coragem e força para estar aqui.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Departamento de Agronomia, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig) e à Fundação Arthur Bernardes (Funarbe), pelo financiamento dos projetos, e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao orientador, professor Dr. Rodrigo Oliveira de Lima pelas instruções na execução do trabalho, apoio e amizade.

Aos professores José Eustáquio de Souza Carneiro, Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Renato Domiciano Silva Rosado pela participação na banca de defesa de dissertação.

A equipe do Programa Milho-UFV, estagiários, bolsistas de iniciação científica e pós-graduandos, pelo apoio, amizade e ajuda na execução do projeto, pois sem eles não seria possível a condução dos experimentos.

Aos funcionários do Campo Experimental de Coimbra, Horta Nova e de Vale da Agronomia, por toda dedicação e suporte na condução do experimento.

À família Mendonça Rezende pela disponibilidade da área para avaliação dos experimentos no Sítio do Tanque em Leopoldina-MG.

Aos amigos durante essa caminhada, pela valiosa amizade e apoio para realização de mais esta etapa da minha vida.

A todos vocês, meu muito obrigado!

## **BIOGRAFIA**

Alison Uberti, filho de Pedro Paulo Uberti e Lorita Fátima Uberti, nasceu em Nova Erechim – SC, em 15 de dezembro de 1993.

Em 2009, ingressou no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Catarinense - Campus Concórdia, onde cursou Técnico em Agropecuária, obtendo o título em 2011.

Em agosto de 2013, ingressou na Universidade Federal da Fronteira Sul (UFFS), onde se graduou em Agronomia, obtendo título em julho de 2018.

Em março de 2019, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa em agosto de 2020.

## RESUMO

UBERTI, Alison, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2020. **Desempenho de híbridos experimentais e populações de milho em ambientes contrastantes**. Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

A seleção de genótipos de milho com alto rendimento e tolerantes a condições desfavoráveis proporciona aumento na produtividade de grãos final. Entretanto, o desempenho agrônômico de cultivares de milho está sujeito à interação genótipos  $\times$  ambientes (G  $\times$  A), e a identificação de genótipos superiores depende de avaliações em múltiplos ambientes. Assim, o objetivo deste estudo foi quantificar a interação genótipos  $\times$  ambientes, a adaptabilidade e a estabilidade produtiva de híbridos e populações de milho tropical em diferentes condições ambientais. Para isso, 196 híbridos e 55 populações de milho foram avaliadas em ambientes de terras baixas, baixa disponibilidade de nitrogênio (N) e condições adequadas de cultivo durante duas safras (2018/19 e 2019/20). O delineamento experimental utilizado para as avaliações dos híbridos foi látice quadrado 14 $\times$ 14 com duas repetições, e para populações foi alfa-látice 11 $\times$ 5 com três repetições. Além das análises de variâncias individuais e conjunta, foram estimados os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade produtiva dos híbridos e populações de milho por meio dos métodos de Eberhart e Russell (1966), GGE biplot e modelos mistos. Observou-se diferença significativa ( $P < 0,001$ ) para produtividade de grãos entre os ambientes contrastantes de terras baixas e baixa disponibilidade de N, tanto para híbridos como para populações avaliadas. Além disso, houve efeito de genótipos (G), ambientes (A) e da interação G $\times$ A para híbridos e populações. Identificou-se híbridos e populações de milho com alta adaptabilidade e estabilidade produtiva utilizando os métodos Eberhart e Russell (1966), GGE biplot e modelos mistos. Contudo, houve divergências entre os métodos na alocação de genótipos com adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis. Conclui-se que os híbridos BM709PRO2 (H4) e VML083/VML165 (H147), e as populações UFVM200/ALAVARÉ (P43) e UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 (P36) apresentaram adaptabilidade específica a condições ambientais adequadas para cultivo. Os híbridos experimentais VML083/VML090 (H140) e VML084/VML165 (H153), e as populações UFVM200/ALAVARÉ (P43) e ALAVARÉ/IPR164 (P53) apresentaram adaptabilidade específica a ambientes de terras baixas e baixa disponibilidade de N.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L. Interação G $\times$ A. Estresse abiótico. Terras baixas. Baixo N.

## ABSTRACT

UBERTI, Alison, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2020. **Performance of experimental hybrids and population of maize under contrasting environments.** Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

The selection of high-yielding and tolerant maize genotypes to unfavorable conditions can provide an increase in the yield. However, agronomic performance of maize cultivars is very influenced by genotypes  $\times$  environments interaction, and the identification of superior genotypes depends on evaluation across multiple environments and over seasons. Thus, my objective was to quantify the genotypes  $\times$  environments interaction and adaptability and yield stability of tropical maize hybrids and populations under multiple environmental conditions. For this, we evaluated two set of genotypes: a set of 196 hybrids and other of 55 populations of maize under lowland, low nitrogen (low N) and optimum conditions (high N and medium-land) during two seasons (2018/19 and 2019/20). The experimental design used for hybrids evaluation was 14 $\times$ 14 square lattice with two replications, and for populations was 11 $\times$ 5 alpha-lattice with three replications. In addition to individual and combined variances analysis, adaptability and yield stability parameters were estimated for both kind of genotypes using the methods of Eberhart and Russell (1966), GGE (Genotype plus Genotype by Environment) biplot and mixed models. There were effects for hybrids, populations, environments (E) and G $\times$ E interaction effect for kind of genotypes. We identified maize hybrids and populations with high adaptability and yield stability using the methods Eberhart and Russell (1966), GGE biplot and mixed models. However, there were divergences among the methods in allocation of genotypes with specific adaptability and stability to favorable and unfavorable environments. We concluded that BM709PRO2 (H4) and VML083/VML165 (H147) hybrids, and UFVM200/ALAVARÉ (P43) and UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 (P36) populations showed specific adaptability to environments of adequate cultivation conditions. VML083/VML090 (H140) and VML084/VML165 (H153) experimental hybrids, and UFVM200/ALAVARÉ (P43) and ALAVARÉ/IPR164 (P53) population showed specific adaptability to lowland and low N environments.

**Keywords:** *Zea mays* L. G $\times$ E interaction. Abiotic stress. Lowlands. Low N.

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Descrição dos oito ambientes utilizados para avaliar os 196 híbridos e 55 populações de milho tropical.....	55
<b>Tabela 2.</b> Resumo da análise de variância para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos e 55 populações de milho avaliados em oito ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20.....	56
<b>Tabela 3.</b> Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos e 55 populações de milho avaliados em oito ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20 .....	57
<b>Tabela 4.</b> Estimativas das correlações genéticas para produtividade de grãos de 196 híbridos, acima da diagonal, e 55 populações de milho, abaixo da diagonal, avaliados em oito e sete ambientes, respectivamente. Safras 2018/19 e 2019/20 .....	57
<b>Tabela 5.</b> Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade segundo método proposto por Eberhart e Russell (1966) para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos de milho, avaliados em oito ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20.....	58
<b>Tabela 6.</b> Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade segundo método proposto por Eberhart e Russell (1966) para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) em 55 populações de milho, avaliados em sete ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20.....	59
<b>Tabela 7.</b> Estimativas dos componentes de variância para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos e 55 populações de milho nos ambientes favoráveis e desfavoráveis, obtidos por meio da metodologia REML/BLUP .....	60

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Agrupamento dos ambientes com base nas correlações genéticas entre oito e sete ambientes para híbridos e populações de milho, respectivamente. .... 61
- Figura 2.** Polígono do GGE biplot com base em escala simétrica, com a previsão de 'which-won-where' e discriminação e representatividade dos ambientes para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos e 55 populações de milho avaliados em oito e sete ambientes, respectivamente. Safras 2018/19 e 2019/20 ..... 62
- Figura 3.** Média vs. estabilidade dos efeitos principais dos genótipos mais biplot da interação genótipos  $\times$  ambientes com base na produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos e 55 populações de milho avaliados em oito e sete ambientes, respectivamente. Safras 2018/19 e 2019/20 ..... 63
- Figura 4.** Adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos de MHPRVG\*MG para os 20 superiores e inferiores híbridos e populações de milho, com relação ao desempenho avaliado em oito e sete ambientes, respectivamente. Safras 2018/19 e 2019/20 ..... 64
- Figura 5.** Diagrama de dispersão de MHPRVG\*MG para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos e 55 populações de milho nos ambientes favoráveis e desfavoráveis. I-mínima adaptabilidade e estabilidade; II-adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes favoráveis; III-adaptabilidade e estabilidade geral; e IV-adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes desfavoráveis ..... 65

## SUMÁRIO

1. Introdução.....	10
2. Referencial Teórico .....	13
2.1. A Cultura do Milho.....	13
2.2. Cultivares de Milho .....	14
2.3. Ambientes Contrastantes de Cultivo.....	15
2.4. Interação Genótipos × Ambientes.....	16
2.5. Métodos para Análise de Adaptabilidade e Estabilidade.....	17
2.5.1. Método Proposto por Eberhart e Russell (1966).....	18
2.5.2. Método GGE biplot Proposto por Yan et al. (2000) .....	19
2.5.3. Método de Modelos Mistos Proposto por Resende (2007) .....	21
3. Objetivos.....	24
3.1. Objetivo Geral.....	24
3.2. Objetivos Específicos .....	24
4. Material e Métodos .....	25
4.1. Material Genético .....	25
4.2. Execução Experimental .....	25
4.3. Análises Genético-Estatísticas .....	26
4.3.1. Análise de Variância (ANOVA) .....	26
4.3.2. Componente Quadrático e Coeficiente de Determinação Genotípico .....	27
4.3.3. Correlações Genéticas Entre os Ambientes .....	28
4.3.4. Adaptabilidade e Estabilidade dos genótipos.....	28
5. Resultados.....	32
5.1. Amplitude, Médias e Análise de Variância (ANOVA) .....	32
5.2. Correlação Genética Entre os Ambientes .....	33
5.3. Adaptabilidade e Estabilidade .....	34
6. Discussão .....	41
7. Conclusão .....	46
8. Referências .....	47

## 1. Introdução

O milho (*Zea mays* L.) está entre os cereais mais cultivados no mundo. Os principais países produtores de milho na safra 2019/20 foram os Estados Unidos (345,89 milhões de toneladas), China (260,77 milhões de toneladas) e Brasil (101 milhões de toneladas) (USDA, 2020). A sua importância econômica é justificada pelo alto potencial produtivo aliado ao elevado valor nutricional de seus grãos. Mais especificamente na agricultura brasileira, a cultura do milho apresenta grande destaque. A produção do grão é destinada para o consumo de animais (45%), indústria (9%) e produção de etanol (4%) (CONAB, 2020). Além disso, há estimativa de exportação de 34,5 milhões de toneladas de milho na safra de 2019/20 (CONAB, 2020).

Para o milho, a cultivar é um dos principais insumos para a lavoura, visto que a adequada escolha pode proporcionar alterações na produtividade final. Para os cultivos de milho, em sua grande maioria, encontra-se populações de base genética ampla e híbridos implantados. Entre esses o potencial produtivo, a adaptabilidade e estabilidade alteram ao longo das cultivares disponíveis, como pode ser observado em trabalhos desenvolvidos com híbridos e populações de milho (FARIA et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2017a). As populações por conter a base genética mais ampla, apresentam maior variabilidade genética. Em função disso, proporciona à cultivar uma maior adaptabilidade e estabilidade ao longo dos ambientes implantados. Por outro lado, os híbridos apresentam uma base genética mais estreita, por serem provenientes do cruzamento entre linhagens endogâmicas (SOUZA, 2018). Com isso, os híbridos apresentam maior potencial produtivo e respondem aos estímulos do ambiente, ou seja, apresenta maior adaptabilidade em ambientes favoráveis.

A expansão do cultivo do milho no território nacional evidenciou alguns problemas como a baixa disponibilidade hídrica, elevadas temperaturas e solos pobres (MIELNICZUK et al., 2003; BARKER et al., 2005; DURÃES, 2006). Um dos principais fatores ambientais limitantes para o cultivo de milho em regiões tropicais baixas, ou seja, de baixa altitude, é a reduzida amplitude térmica, proporcionada pelas altas temperaturas diurnas e noturnas (DURÃES, 2006). As altas temperaturas durante o período noturno influenciam diretamente na taxa respiratória das plantas, o que proporciona aumento do gasto energético e, conseqüentemente, há redução da produção de grãos (SUNOJ et al., 2016; WANG et al., 2020). Por outro lado, regiões que apresentam solos pobres em nutrientes e matéria orgânica resulta em aumento no custo de produção, principalmente, pela maior demanda de adubação nitrogenada. O nitrogênio (N) é um dos principais nutrientes para a cultura do milho, uma vez que o cultivo em ambientes de baixa disponibilidade de N há redução no desempenho produtivo dos genótipos (BADU-APRAKU et al., 2011; MAFOUASSON et al., 2018). Com base nisso,

os programas de melhoramento genético de milho têm adotado estratégias que visam disponibilizar genótipos mais eficientes no uso do nitrogênio e com maior adaptabilidade as condições ambientais desfavoráveis. Desta forma, a produção de grãos aumenta em tais condições. Sucintamente, estas estratégias compreendem: i) screening de germoplasma; ii) estudo de herança de caracteres relacionados à eficiência; iii) desenvolvimento de linhagens, híbridos e populações de milho eficientes para condições normais e para condições desfavoráveis; e iv) avaliação desses em ambientes contrastantes (stress-prone).

A fim de selecionar os genótipos superiores com alta adaptabilidade e estabilidade para ambientes contrastantes, os mesmos passam por avaliações em múltiplos ambientes (MUSHAYI et al., 2020). Entretanto, muitas destas avaliações têm sido conduzidas em condições adequadas de cultivo, ou seja, em condições favoráveis de cultivo com disponibilidade de nutrientes, água e temperaturas adequadas. Consequentemente, a expressão dos genes relacionados ao desempenho dos genótipos em condições desfavoráveis é baixa ou mesmo não são expressados (BÄNZIGER et al., 1997; GALLAIS e HIREL, 2004; ERTIRO et al., 2020). Com base nisto, reduz-se as chances de seleção de genótipos mais eficientes no uso de N e adaptados a regiões temperadas baixas. Segundo Weber et al. (2012) a seleção de híbridos superiores de milho em condições de baixa disponibilidade de N provou ser eficaz. Os autores ainda sugerem aumentar o investimento em um maior número de ensaios em tais condições, o que proporcionará aumento na seleção de genótipos superiores com maior eficiência no uso do N. Portanto, a avaliação dos genótipos de milho em condições ambientais contrastantes é de fundamental importância. Mediante essa estratégia, há maior possibilidade de expressão de genes relacionados a condições de baixa disponibilidade de N e variação de altitude, o que possibilita a seleção de híbridos e populações superiores que respondem a essas condições desfavoráveis de cultivo. Desta forma, com base nas populações superiores selecionadas possibilita o programa de melhoramento dar origem a uma população base de melhoramento com uma frequência maior de alelos favoráveis para estas condições. Bem como, iniciar programas de seleção recorrente recíproca proposto por Camstock et al. (1949), que visa o melhoramento dos cruzamentos entre as populações, ou seja, a população bi-parental (SOUZA JR., 2018). Os híbridos superiores selecionados, por outro lado, podem ser recomendados ao cultivo em locais que apresentam as condições ambientais de terras baixas e baixa disponibilidade de N.

Em função das avaliações dos genótipos em múltiplos ambientes, são encontradas variações nos desempenhos dos genótipos entre os ambientes avaliados. Essa variação observada se deve ao efeito da interação genótipos  $\times$  ambientes (G $\times$ A). A interação G $\times$ A pode

ser do tipo simples e complexas (KANG, 1997). As interações de ordem simples, são aquelas que apresentam mudança no desempenho dos genótipos ao longo dos ambientes. Entretanto, não há alteração no rank dos genótipos entre os ambientes. Por outro lado, para as interações G×A complexas os genótipos apresentam repostas diferentes entre os ambientes. Além disso, não há correlação entre os genótipos nos diferentes ambientes testados (ALLARD e BRADSHAW, 1964; KANG, 1997). Segundo Mushayi et al. (2020) é fundamental quantificar a interação G×A adequadamente, pois permite identificar os genótipos superiores, além de prever o seu desempenho em vários ambientes. Para isso, recomenda-se a utilização de métodos que possibilitam estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (KANG, 1997; BADU-APRAKU et al., 2020). Diversos métodos foram propostos para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, portanto, a escolha do método a ser utilizado deve ser realizada de acordo com o conjunto de dados analisados (CARVALHO et al., 2016). Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi quantificar a interação genótipos × ambientes, a adaptabilidade e a estabilidade produtiva de híbridos e populações de milho tropical em diferentes condições ambientais.

## 2. Referencial Teórico

### 2.1. A Cultura do Milho

Os cereais são alimentos básicos importantes na cadeia alimentícia. Eles fornecem quantidades fundamentais de energia, proteína e micronutrientes para grande parte da população mundial. Entre os cereais mais importantes que são usados como fonte de energia tanto para alimentação humana como animal, pode se destacar o milho. Segundo Shiferaw et al. (2011), o grão de milho fornece ao menos 30% das calorias alimentares para mais de 4,5 bilhões de pessoas em 94 países em desenvolvimento. Além de ser muito utilizado na alimentação humana (BARI et al., 2016), a cultura é usada ainda para alimentação animal, seja em forma de forragem ou composição de rações (DADO, 1999; MURDIA et al., 2016). Além disso, parte da produção de grãos é destinada à indústria de fabricação de inúmeros produtos derivados de milho (PAES, 2006). Entre eles, a produção brasileira de etanol tem se destacado ao longo dos últimos anos. Para a safra de 2018/19, 4,1 milhões de toneladas de milho foram destinadas para produção de etanol, o que representa 4% da produção total brasileira (CONAB, 2020). Estima-se para a safra de 2019/20 que 6,6 milhões de toneladas sejam destinadas para produção deste biocombustível (CONAB, 2020).

O milho conta com uma ampla variabilidade genética devido a inúmeras modificações adaptativas resultados da domesticação que sofreu ao longo dos anos de cultivo durante sua dispersão pelas Américas (BRIEGER et al., 1958). Segundo Hallauer et al. (2010), embora os procedimentos de seleção usados pelos primeiros agricultores fossem simples, eles viabilizaram o cultivo de milho em quase todas as partes do mundo. Em função deste amplo cultivo, a produção mundial de milho para a safra 2019/20 ultrapassou 1,11 bilhão de toneladas (USDA, 2020). Segundo o USDA, o país com maior produção foi os Estados Unidos da América com um total de 345,89 milhões de toneladas. Para a mesma safra, a China apresentou a segunda maior produção, (260,77 milhões de toneladas), seguido do Brasil com a terceira maior produção de milho (1ª e 2ª safra) com aproximadamente 101 milhões de toneladas de grãos (USDA, 2020).

Embora o Brasil apresente alta produção de grãos em um contexto mundial, quando dividido o território brasileiro em regiões produtoras, observa-se uma alta variação na produção e na produtividade estimada de milho. Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2020), a região Centro-Oeste apresentou a maior área plantada (9,2 milhões de hectares) bem como a maior produção de milho (55,6 milhões de toneladas) na safra 2019/20, o que resulta em uma produtividade estimada de 6.012 kg ha<sup>-1</sup>. Enquanto a região Nordeste

brasileira, apresentou uma área plantada de 2,6 milhões de hectares e produção de 8,2 milhões de toneladas, o que resulta em uma produtividade estimada de 3.151 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2020).

## 2.2. Cultivares de Milho

O termo cultivar é definido como um conjunto de indivíduos de uma mesma espécie vegetal que apresenta distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade. A cultivar pode ser um híbrido, uma linhagem ou uma variedade de polinização aberta. Em milho, a cultivar é um dos principais insumos para uma lavoura e há necessidade de uma adequada escolha, pois pode afetar a produtividade final. Para essa cultura são utilizados, geralmente, populações de base genética ampla e híbridos nos cultivos. Aspectos relacionados às características da cultivar, como potencial produtivo, estabilidade e adaptabilidade ao sistema de cultivo deverão ser levados em consideração (SOUZA, 2018).

As variedades de polinização aberta (VPAs) são grupos de indivíduos que se inter cruzam, ou seja, estão em acasalamento ao acaso. As VPAs caracterizam-se por conter a base genética ampla, ou seja, a população apresenta maior variabilidade genética. O que proporciona à cultivar maior adaptabilidade e estabilidade às condições desfavoráveis. Além disso, do ponto de vista genético, as populações são cultivares que se encontram em equilíbrio de Hard-Weinberg (SOUZA, 2018). Isto possibilita a reutilização das sementes por várias safras, sem a redução do seu potencial produtivo, o que diminui o custo de produção significativamente, quando comparado ao cultivo de híbridos.

Por outro lado, os híbridos exploram o vigor e a alta produtividade proporcionada pela heterose. A máxima heterose é explorada quando se efetua o cruzamento entre duas linhagens endogâmicas contrastantes, pertencentes a grupos heteróticos distintos. Em virtude disto, os híbridos contêm uma base genética estreita, pois são descendentes do cruzamento entre duas, três ou quatro linhagens endogâmicas (SOUZA, 2018). Estes cruzamentos originam os híbridos simples, triplos e duplos, respectivamente. A diferença entre os híbridos é o aumento da variabilidade genética que ocorre em virtude do maior número de linhagens utilizadas como genitores. O aumento da variabilidade possibilita aos híbridos uma maior adaptação às condições desfavoráveis, entretanto reduz o seu potencial produtivo, como constatado por Faria et al. (2017) e Oliveira et al. (2017b) ao avaliarem híbridos simples, triplos, duplos e populações *per se*. Portanto, o híbrido simples apresenta o maior potencial produtivo, no entanto, menor adaptabilidade às condições desfavoráveis de cultivo (SOUZA, 2018).

### 2.3. Ambientes Contrastantes de Cultivo

Conforme os dados produtivos, a cultura do milho encontra-se amplamente disseminada no Brasil (CONAB, 2020). Isso é um reflexo da ampla variabilidade genética que a cultura apresenta. Além disso, o milho tem respondido às pressões de seleção aos mais variados caracteres e nas mais variadas condições ambientais. Em função do milho apresentar uma ampla variabilidade genética, possibilita concentrar esforços no desenvolvimento de genótipos adaptados às mais diversificadas condições ambientais, sejam elas de estresses abióticos, como radiação, temperatura, água e nutriente, ou bióticos, como doenças e pragas (JONG et al., 1982; BADU-APRAKU e AKINALE, 2011; SSERUMAGA et al., 2018; REZENDE et al., 2020).

Regiões tropicais baixas (terras baixas) abrigam amplas áreas de cultivo no território brasileiro, sendo consideradas até 700 metros acima do nível médio dos mares, nas áreas entre os trópicos. Nessas regiões, a resposta do crescimento e produção da planta é diferenciada, em virtude da influência dos fatores abióticos que limitam o desenvolvimento da cultura do milho. Dentre os fatores, a radiação solar, temperatura e umidade proporcionam maiores problemas à cultura, desfavorecendo a produção de grãos (JONG et al., 1982; DURÃES, 2006). A temperatura é um dos mais importantes fatores ambientais, pois está diretamente relacionado com os processos metabólicos do milho (DURÃES, 2006; SUNOJ et al., 2016). A temperatura ótima para o milho é de aproximadamente 30 °C, o que proporciona a maior taxa de aparecimento foliar (DURÃES, 2006). Entretanto, temperaturas elevadas durante o período noturno (>24 °C), promovem um consumo energético demasiado, em virtude do aumento na taxa respiratória da planta (SUNOJ et al., 2016; WANG et al., 2020). Conseqüentemente, à aumento do consumo de carboidratos durante o período noturno, portanto, há redução da taxa fotossintética líquida, afetando diretamente o acúmulo de biomassa e a produção de grãos (SUNOJ et al., 2016; WANG et al., 2020). Dessa forma, para o milho a amplitude térmica é de fundamental importância. O que em regiões de terras baixas não são evidenciadas. Conseqüentemente, os genótipos cultivados nessas condições apresentam redução na produção de grãos (ALAM et al., 2017; WANG et al., 2020).

Da mesma forma, ambientes de cultivo com baixa disponibilidade de nutrientes no solo pode acarretar em grande redução do crescimento e produção das plantas (MAFOUASSON et al., 2018). Dentre os nutrientes de maior importância para a cultura do milho está o nitrogênio (N). Ele é responsável por aumentar significativamente a produtividade de grãos (ADRIAANSE e HUMAN, 1993). Entretanto, a resposta da cultura às doses de N aplicadas, varia de acordo com o tipo de solo e condições climáticas (FERNANDES et al., 2005). Além disso, há diferenças nas respostas quando se utiliza genótipos diferentes, como constatado por

Badu-Apraku et al. (2011), ao avaliar 20 híbridos experimentais e oito híbridos comerciais em ambientes contrastantes de N.

#### **2.4. Interação Genótipos × Ambientes**

Em função do Brasil possuir uma extensa dimensão territorial, a heterogeneidade climática, os tipos de solo, topografia, radiação solar e precipitação proporcionam diferentes condições ao desenvolvimento da cultura do milho. Devido a isso, há divergência na produção entre as regiões brasileiras, como observado entre o Centro-Oeste e o Nordeste brasileiro. Além disso, a divergência não ocorre somente entre as grandes regiões, mas também entre pequenas regiões dentro de um mesmo estado. Conseqüentemente, há distintas respostas dos genótipos cultivados em diferentes regiões geográficas (OYEKUNLE et al., 2017). Com base nisso, para recomendação dos melhores genótipos para semeadura, há necessidade de testá-los frente à estas condições ambientais distintas. Em virtude de a produtividade ser uma característica quantitativa complexa e, portanto, muito influenciada pelo ambiente, o desempenho do genótipo varia de acordo com o ambiente cultivado (DIA et al., 2016). Esta alteração relativa do desempenho do genótipo frente as alterações ambientais, caracteriza-se como interação genótipos × ambientes (G×A) (KANG, 1997).

A interação G×A pode ser agrupada em duas grandes categorias: interações não cruzadas ou simples e interações cruzadas ou complexas (KANG, 1997). As interações não cruzadas ou simples representam mudanças na magnitude do desempenho dos genótipos frente às variações ambientais. Entretanto, não há alteração na classificação dos genótipos entre os ambientes. Além disso, é observado diferença no desempenho entre os genótipos testados. Por outro lado, na interação cruzada ou complexa, os genótipos apresentam respostas diferentes entre os ambientes. Nessa, não há correlações ou a correlação é baixa chegando a ser negativa entre os genótipos nos diferentes ambientes testados (ALLARD e BRADSHAW, 1964; KANG, 1997). Portanto, a produção de grãos de milho de uma determinada cultivar em um ambiente é o resultado da combinação de dois componentes: o genótipo e as condições ambientais. Segundo Haruna et al. (2017), o genótipo do milho interage, em relação a ações gênicas, de forma diferente na herança de vários atributos da planta quando em amplas condições ambientais.

Segundo Allard e Bradshaw (1964), as variações ambientais podem ser divididas em previsíveis e imprevisíveis. Para a primeira categoria, são incluídos os caracteres permanentes do ambiente, como local e solo, além de aspectos do cultivo, tais como data de plantio, densidade de semeadura e métodos de colheita. Para as variações imprevisíveis são incluídas

oscilações climáticas, como volume de precipitação, temperatura e umidade. Segundo os mesmos autores, os genes de interesse que controlam os caracteres de maior importância, tais como produtividade e qualidade, tem expressão diferenciada diante das variações ambientais. Portanto, a interação G×A é um desafio nos programas de melhoramento, pois pode dificultar a seleção dos genótipos em ambientes variados (MEDINA, 1992; HARUNA et al., 2017). A interação significativa dos ambientes com os genótipos, pode resultar em baixa correlação entre os valores fenotípicos e genotípicos (MAZER e SCHICK, 1991; DIA et al., 2016). Além de levar a um viés na estimativa da herdabilidade das características (COMSTOCK e MOLL, 1963; MAZER e SCHICK, 1991), resultando assim em um menor progresso da seleção (YAN et al., 2000).

Ao longo dos anos, o processo de seleção de genótipos superiores foi limitado devido as ferramentas analíticas para discriminação dos genótipos estáveis e de alto rendimento em ambientes variáveis (SETIMELA et al., 2007). Em sua grande maioria, as análises e interpretações da interação G×A estão restritas à análise de variância e comparação de médias entre os ambientes e anos (ZOBEL et al., 1988). Segundo Zobel et al. (1988), a análise de variância permite estimar todos os componentes do modelo, ou seja, a variância devido ao genótipo, ambiente, ano, suas respectivas interações e o erro. Entretanto, segundo os mesmos autores, esta análise não fornece uma visão dos padrões dos genótipos ou ambientes que dão origem à interação. Em função disso, recomenda-se aliar estas análises aos métodos de adaptabilidade e estabilidade, os quais possibilitam identificar os genótipos previsíveis e responsivos as variações ambientais, sejam elas gerais ou específicas (KANG, 1997; BADU-APRAKU et al., 2020).

## **2.5. Métodos para Análise de Adaptabilidade e Estabilidade**

Na literatura, são encontrados inúmeros métodos para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de genótipos em múltiplos ambientes. Os métodos são separados de acordo com os procedimentos biométricos utilizados. Inicialmente foram propostos métodos baseados apenas na decomposição dos componentes da análise de variância (ANOVA) (PLAISTED e PETERSON, 1959; WRICKE, 1965). Em seguida, surgiram os métodos baseados na regressão linear (FINLAY e WILKINSON, 1963; EBERHART e RUSSELL, 1966; TAI, 1971), métodos não-paramétricos (LIN e BINNS, 1988; HÜEHN, 1990; ANNICCHIARICO, 1992) e modelos multiplicativos, o qual integra a análise de variância (método univariado) com a análise de componentes principais. Os métodos mais utilizados para os modelos multiplicativos são AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*),

proposto por Mandel (1971) e popularizado por Zobel et al. (1988) e Gauch (1992), e GGE biplot (*Genotype plus Genotype by Environment*), proposto por Yan et al. (2000). Além desses, recentemente, foi proposto um método baseado em modelos mistos – REML/BLUP (RESENDE, 2007), o qual permite estimar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em experimentos desbalanceados. Tendo em vista que há inúmeros métodos propostos para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, a escolha do método a ser utilizado deve ser realizada de acordo com o perfil e as características do conjunto de dados analisados (CARVALHO et al., 2016).

### 2.5.1. Método Proposto por Eberhart e Russell (1966)

Para as estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, Eberhart e Russell (1966) utilizaram do modelo de regressão linear proposto ainda por Finlay e Wilkinson (1963) e expandiram o modelo. Com a expansão desse modelo linear, os coeficientes de regressão dos valores fenotípicos para cada genótipo aliado a um índice ambiental, como também os desvios desta regressão, proporcionam a estimativa destes parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Segundo o método proposto, para cada genótipo uma regressão de sua média é obtida em relação à média geral de todos os genótipos para cada ambiente testado. Além disso, os ambientes são classificados em favorável ou desfavorável de acordo com a média de todos os genótipos naquele ambiente específico (EBERHART e RUSSELL, 1966).

O método proposto por Eberhart e Russell (1966) por se basear na regressão linear o parâmetro de adaptabilidade tem por conceito a capacidade de os genótipos apresentarem melhorias em seu desempenho perante estímulos do ambiente. Utiliza-se o coeficiente de regressão linear ( $\beta_i$ ) para estimar a adaptabilidade dos genótipos ao longo dos ambientes. Portanto, genótipos que possuem coeficientes de regressão iguais ou próximos a um ( $\beta_i = 1,0$ ) são considerados de adaptabilidade média ou ampla. Genótipos com coeficientes significativamente maior que um ( $\beta_i > 1,0$ ), são considerados especificamente adaptados a ambientes favoráveis, enquanto que genótipos com coeficientes de regressão menor que um, ou tendendo a zero ( $\beta_i < 1,0$ ), são mais adaptáveis a ambientes desfavoráveis. Por outro lado, a estabilidade produtiva para Eberhart e Russell (1966) tem por conceito a capacidade de os genótipos apresentarem comportamento altamente previsível perante os estímulos do ambiente. Utiliza-se as variâncias dos desvios da regressão ( $\sigma_{di}^2$ ) para avaliar a estabilidade dos genótipos nos ambientes. Portanto, genótipos com desvio da regressão igual a zero ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ) são considerados de alta estabilidade. Por outro lado, variância do desvio da regressão diferente de

zero ( $\sigma_{di}^2 \neq 0$ ) são considerados genótipos de menor estabilidade (EBERHART e RUSSELL, 1966). Dessa forma, segundo este método, um genótipo ideal deve apresentar alta média, coeficiente de regressão igual a um ( $\beta_I = 1,0$ ) e variâncias dos desvios de regressão mais próximos a zero ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ), ou seja, aquele com resposta positiva à melhoria das condições do ambiente (adaptabilidade) e de comportamento altamente previsível (estabilidade).

A utilização deste método para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de genótipos é grande pela literatura, além de ser usado em comparação com demais métodos (SCAPIM et al., 2000; MURAKAMI et al., 2004; OLIVEIRA et al., 2017b; CARGNELUTTI FILHO e GUADAGNIN, 2018). Scapim et al. (2000) avaliaram a interação genótipos  $\times$  ambientes em 20 cultivares de milho e observaram que o método proposto por Eberhart e Russell (1966) apresentou as mesmas estimativas de estabilidade do modelo não-paramétrico de Hüehn (1990). Segundo Oliveira et al. (2017b), o método de Eberhart e Russell (1966) foi selecionado como um dos melhores métodos, pois leva em consideração a adaptabilidade, estabilidade e produtividade dos híbridos de milho simultaneamente.

Oliveira et al. (2017b) avaliaram 25 cultivares de milho, sendo 19 híbridos simples, quatro híbridos triplos, dois híbridos duplos e três híbridos simples modificados, em 11 ambientes diferentes. Mediante o método de Eberhart e Russell (1966) os autores identificaram um híbrido simples altamente adaptado aos ambientes avaliados. Faria et al. (2017) avaliaram 29 cultivares de milho, sendo 19 híbridos simples, seis triplos, três duplos e um híbrido simples modificado em cinco ambientes diferentes. Segundo os autores o método de Eberhart e Russell (1966) permitiu identificar quatro híbridos simples mais produtivos, estáveis e de ampla adaptabilidade aos ambientes. Para adaptabilidade a ambientes desfavoráveis, o método destaca um híbrido duplo de ampla adaptabilidade a estas condições (FARIA et al., 2017).

### **2.5.2. Método GGE biplot Proposto por Yan et al. (2000)**

Um método que vem ganhando muito destaque nos últimos anos é o GGE biplot (*Genotype plus Genotype by Environment*) proposto por Yan et al. (2000). Este método é baseado nos modelos multiplicativos. Uma das bases utilizadas na avaliação de adaptabilidade e estabilidade, por estes modelos, é a análise de componentes principais (ACP), que tem por essência a aplicação do método de decomposição por valores singulares. Ou seja, realiza-se a decomposição linear do caractere contida em uma matriz de dados de maneira interativa, a fim de resumir as informações contidas em um número menor de vetores explicativos (YAN et al., 2000). Além disso, a magnitude da interação  $G \times A$  é estimada em função da resposta de cada

caráter na combinação em um único modelo entre a análise de componentes principais e uma análise de variância (ANOVA) (ZOBEL et al., 1988).

Segundo Gabriel (1971), o gráfico biplot é baseado em dados centrados no ambiente. Este método remove o efeito principal do ambiente e integra o efeito principal genotípico (G) ao efeito da interação  $G \times A$  de um conjunto de dados (YAN et al., 2000). Isso permite a identificação das semelhanças entre genótipos testados em vários ambientes, com base na capacidade dos mega ambientes de discriminar os genótipos. De acordo com Yan et al. (2000), são plotados os desempenhos médios dos genótipos no GGE biplot, portanto, não permite inferir a capacidade dos genótipos responderem aos estímulos dos ambientes. Desta forma, o conceito de adaptabilidade para o método de GGE biplot, difere em relação ao método proposto por Eberhart e Russell (1966). Do ponto de vista do conceito de adaptabilidade do GGE biplot, possibilita-se a identificação de genótipos com desempenhos superiores em ambientes específicos, por meio da presença de vetores ambientais e genótipos superiores em setores do biplot (YAN et al., 2000; YAN e HUNT, 2001). A estabilidade produtiva dos genótipos pode ser estimada através da decomposição dos valores singulares focados no genótipo, ou seja, os valores singulares são particionados nos desempenhos dos genótipos (YAN et al., 2007). Como o GGE biplot representa somente  $G + G \times A$ , o eixo da abcissa do biplot se aproxima das contribuições dos genótipos a G e o eixo da ordenada deve aproximar as contribuições dos genótipos para  $G \times A$ . Portanto, a projeção do genótipo em relação ao eixo da abcissa condiz a sua estabilidade ou instabilidade (YAN et al., 2000; YAN, 2002; YAN et al., 2007). Dessa forma, o conceito de estabilidade produtiva para o método de GGE biplot diz respeito a contribuição do efeito da interação  $G \times A$  no desempenho dos genótipos ao longo dos ambientes avaliados (YAN et al., 2007).

A análise do método do GGE biplot é realizada graficamente, o que permite avaliar parâmetros como: (a) capacidade de distinguir genótipo (capacidade de discriminação); (b) representar a região alvo (representatividade), em que um local representativo implica que os genótipos selecionados para um determinado local provavelmente teriam o mesmo desempenho em regiões semelhantes; e (c) distância biplot de um local ideal (índice desejado), no qual os locais testados são avaliados pela sua “distância” vetorial no biplot a partir de um ideal (YAN, 2001; YAN e HUNT, 2001; YAN e TINKER, 2006). Segundo Carvalho et al. (2016), a avaliação com o método do GGE biplot permite gerar informações sobre os genótipos com ampla adaptabilidade e estabilidade. Além disso, segundo os mesmos autores, o método permite identificar mega ambientes. O termo mega ambiente é definido como ambientes que apresentam padrão de interação  $G \times A$ , ou seja, um grupo de ambientes homogêneos, o que proporciona

poucas alterações no ranking do desempenho dos genótipos (GAUCH e ZOBEL, 1997; YAN et al., 2000). Segundo Mushayi et al. (2020), o GGE biplot permite a avaliação e identificação de genótipos superiores com base nos resultados de múltiplos ambientes, o que é vital para o progresso e alocação de cultivares de milho. Segundo Rezende et al. (2020), o GGE biplot permite classificar com maior precisão alguns genótipos de milho que se apresentavam estáveis, mas que não foram atribuídos ao método proposto por Cruz et al. (1989). Para Santos et al. (2017), este método permite selecionar com maior precisão, linhagens de milho pipoca com maior eficiência no uso de nitrogênio. Segundo Bhartiya et al. (2017), a identificação de genótipos de soja com rendimentos estáveis é facilitada, bem como na adaptabilidade dos genótipos a ambientes específicos com o método GGE biplot.

Sserumaga et al. (2018) avaliaram 43 híbridos simples de milho, derivados de linhagens duplo haploides, juntamente com sete cultivares locais. Os híbridos foram avaliados em três ambientes em déficit hídrico e oito ambientes de ótimas condições. Os autores concluem mediante o método do GGE biplot que os híbridos duplo haploides apresentaram alto rendimento e desempenho estável nas condições de déficit hídrico, quando comparado as cultivares locais. Rezende et al. (2020) avaliaram um total de 55 híbridos experimentais de milho de ciclo precoce e 65 de ciclo intermediário. Os híbridos foram avaliados em sete ambientes em déficit hídrico e 24 ambientes normais. Para os autores, o GGE biplot identificou três híbridos de ciclo precoce e quatro híbridos de ciclo intermediário adaptados as condições de déficit hídrico. Além disso, o modelo GGE biplot permitiu identificar ambientes discriminativos e representativos (REZENDE et al., 2020). Mushayi et al. (2020) avaliaram 117 híbridos de milho, sendo 100 híbridos derivados do cruzamento entre linhagens tropicais e temperadas e 17 híbridos comerciais. Os híbridos foram avaliados em cinco ambientes distintos. Os autores concluem com base no método do GGE biplot que oito híbridos se destacaram quanto a ampla adaptação em todos os ambientes testados, os quais são superiores aos híbridos comerciais testados. Além disso, identificaram a formação de mega ambientes entre os ambientes avaliados.

### **2.5.3. Método de Modelos Mistos Proposto por Resende (2007)**

De um modo geral, os métodos apresentados anteriormente, de regressão linear e modelos multiplicativos, além dos métodos baseados na análise de variância e não-paramétricos, utilizam no procedimento biométrico efeito fixo para genótipo. Isto é limitante para análise de experimentos desbalanceados, heterogeneidade de variâncias e modelos experimentais não ortogonais (RESENDE, 2007). Por outro lado, ao utilizar modelos mistos,

nos quais os efeitos para genótipo são assumidos como aleatórios, os efeitos genéticos podem ser preditos mediante o Melhor Preditor Linear não Viesado – BLUP (HENDERSON, 1975). Com modelos mistos é possível avaliar estudos de interação  $G \times A$ , o qual exige muitos ensaios e que estão rotineiramente propícios a perda de parcelas experimentais e heterogeneidade de variações ambientais (CARVALHO et al., 2016). Em virtude desta abordagem, Resende (2007) propôs o método que utiliza de modelos mistos para avaliar a interação  $G \times A$ , o qual tem se destacado.

Utilizando modelos mistos, Resende (2007) propôs em seu método a análise dos valores genotípicos (geralmente rendimento produtivo), adaptabilidade e estabilidade genotípica, simultaneamente, com base no método da Média Harmônica do Desempenho Relativo dos Valores Genotípicos (MHPRVG). Além disso, Resende (2007) propõe a seleção simultânea com base no rendimento e estabilidade, o qual descreve o método da Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG). Para adaptabilidade, o método proposto para a seleção é a Performance Relativa dos Valores Genotípicos (PRVG). Portanto, o MHPRVG combina os métodos PRVG e MHVG simultaneamente, capitalizando ou penalizando os genótipos de acordo com as respostas dos métodos individuais (RESENDE, 2007). Ou seja, o MHPRVG leva em consideração a média do genótipo e a variação dessa média ao longo dos ambientes. Quanto maior a variação menor vai ser a estimativa da média harmônica. Desta forma, o conceito de estabilidade dos modelos mistos difere do método de Eberhart e Russell (1966), pois quanto maior a média harmônica, mais estável é o genótipo, ou seja, não apresenta variação ao longo dos ambientes, além de considerar juntamente o desempenho do genótipo.

Mediante o método MHPRVG, Mendes et al. (2012) avaliaram 40 populações *per se* de milho, três populações bi-parentais e dois híbridos duplos em 49 ambientes distintos. Os autores concluíram que os híbridos duplos e populações bi-parentais apresentaram melhor desempenho produtivo que as populações *per se* em relação adaptabilidade e estabilidade. Portanto, o método MHPRVG mostrou-se adequado para identificar cultivares de milho superiores em relação a adaptabilidade e estabilidade (MENDES et al., 2012). Faria et al. (2017) avaliaram 29 cultivares de milho e identificaram com base no método de MHPRVG, oito híbridos simples de milho e um híbrido duplo de alta adaptabilidade. O método permite ainda identificar híbridos de adaptabilidade e estabilidade a ambientes favoráveis e desfavoráveis (FARIA et al., 2017), o que é de fundamental importância para os programas de melhoramento de milho. Oliveira et al. (2017a) com este mesmo método, avaliaram 30 cultivares de milho, sendo um híbrido simples e um duplo, 12 populações *per se* e 16 variedades sintéticas, em sete ambientes distintos. Segundo os autores, o híbrido simples apresentou superioridade produtiva e alta

estabilidade. Além disso, uma população *per se* destacou-se por apresentar adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (OLIVEIRA et al., 2017a). Em feijoeiro, Santos et al. (2016) e Santos et al. (2019) demonstraram que este método é capaz de identificar os mesmos genótipos identificados via GGE biplot. Entretanto, a vantagem do método proposto por Resende (2007), em relação ao GGE biplot, é a análise mediante modelos mistos o que permite a utilização de dados de experimentos desbalanceados.

### **3. Objetivos**

#### **3.1. Objetivo Geral**

Quantificar a interação genótipos  $\times$  ambientes, a adaptabilidade e a estabilidade produtiva de híbridos e populações de milho tropical em diferentes condições ambientais.

#### **3.2 Objetivos Específicos**

Quantificar os efeitos da interação genótipos  $\times$  ambientes de 196 híbridos e 55 populações de milho tropical.

Comparar os métodos de Eberhart e Russell (1966), GGE biplot e modelos mistos, na quantificação da adaptabilidade e estabilidade de 196 híbridos e 55 populações de milho.

Identificar genótipos com melhor desempenho e estabilidade produtiva em condições ambientais de terras baixas, baixa disponibilidade de nitrogênio e condições adequadas de cultivo.

Inferir sobre a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho de base genética estreita e base genética ampla, em ambientes contrastantes de cultivo.

## 4. Material e Métodos

### 4.1 Material Genético

Para a execução deste trabalho foram avaliados 190 híbridos experimentais oriundos do cruzamento entre 20 linhagens endogâmicas de milho pertencentes ao banco de germoplasma do Programa Milho<sup>®</sup>, programa de melhoramento genético de milho da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Além disso, foram utilizados seis híbridos comerciais como testemunha, com o intuito de comparar o desempenho entre os híbridos experimentais do programa com os comerciais. Em relação as populações, foram avaliadas 45 populações bi-parentais oriundas do cruzamento entre 10 populações *per se*. As mesmas 10 populações *per se* foram utilizadas como testemunha, afim de comparar o desempenho das populações bi-parentais. Portanto, avaliou-se um total de 196 híbridos e 55 populações de milho tropical.

### 4.2 Execução Experimental

Os 190 híbridos experimentais, juntamente com seis híbridos comerciais utilizados como testemunhas, bem como as 45 populações bi-parentais, juntamente com as 10 populações *per se*, foram avaliados em três locais diferentes da Zona da Mata de Minas Gerais (MG). As avaliações foram realizadas durante dois anos consecutivos, compreendendo as safras 2018/19 e 2019/20. Os experimentos foram conduzidos em três locais: i) Sítio do Tanque (21°31'37" S, 42°47'47" W, altitude de 224 m), pertencente a um produtor rural, localizado em Piacatuba, Leopoldina-MG; ii) Estação Experimental de Coimbra (20°50'30" S, 42°48'30" W, altitude 713 m), pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, localizada em Coimbra-MG, neste local foram conduzidos os experimentos em dois ambientes distintos, sendo o primeiro disposto em baixa disponibilidade de nitrogênio (N) e o segundo em condições de adubação recomendada para N; e iii) Estação Experimental da Horta Nova (20°45'40" S, 42°49'26" W, altitude de 661 m) pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, localizada em Viçosa-MG. Portanto, os híbridos e as populações foram avaliados em oito ambientes distintos.

Os oito ambientes foram codificados para uma maior facilidade na discussão e apresentação dos dados (Tabela 1). Neste contexto, adotou-se a seguintes codificações: I) LEO19 e II) LEO20 compreendendo os ambientes localizados no Sítio do Tanque - Leopoldina, para as safras 2018/19 e 2019/20, respectivamente. Estes ambientes foram caracterizados por apresentar baixa altitude, ou seja, ambientes de terras baixas. III) COBN19 e IV) COBN20 sendo os ambientes localizados na Estação Experimental de Coimbra, para as safras 2018/19 e 2019/20, respectivamente. Estes ambientes foram caracterizados por apresentar baixa

disponibilidade de N. V) COAN19 e VI) COAN20, ambientes localizados na Estação Experimental de Coimbra, para as safras 2018/19 e 2019/20, respectivamente. Estes ambientes foram caracterizados por apresentar condições adequadas de cultivo. Por fim, VII) HN19 e VIII) HN20 localizadas na Estação Experimental da Horta Nova, para as safras 2018/19 e 2019/20, respectivamente. Estes ambientes também foram caracterizados por apresentar condições adequadas de cultivo.

Para a adubação nos ambientes com nível recomendado de N foi aplicado  $380 \text{ Kg ha}^{-1}$  de N-P-K, 8-28-16, no sulco de plantio. Para a adubação de cobertura foi realizada a aplicação de  $380 \text{ Kg ha}^{-1}$  de Ureia, em estádio V6, aproximadamente 30 dias após o plantio. Para os ambientes com baixo nível de N foi aplicada adubação com  $380 \text{ Kg ha}^{-1}$  de N-P-K (8-28-16) no sulco de plantio, entretanto sem adubação de cobertura. Os demais tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região (GALVÃO et al., 2015).

O delineamento experimental utilizado para as avaliações dos híbridos foi o látice quadrado  $14 \times 14$  com duas repetições. A parcela foi constituída de uma linha de quatro metros de comprimento, com espaçamento entre elas de 0,80 m, totalizando uma área útil de  $3,2 \text{ m}^2$ . Para os experimentos de avaliações de populações foi utilizado o delineamento de alfa-látice  $11 \times 5$  com três repetições. A parcela foi constituída de duas linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento entre elas de 0,80 m, totalizando uma área útil de  $8,0 \text{ m}^2$ . A semeadura foi realizada na primeira quinzena de novembro dos anos de 2018 e 2019. Aproximadamente 25 dias após o plantio, foi realizado o desbaste das parcelas, com o intuito de padronizar o estande de plantas em todo experimento. O estande de plantas para os experimentos de híbridos após o desbaste foi de 62,5 mil plantas  $\text{ha}^{-1}$ . Para os experimentos de populações o estande de plantas foi de 55,0 mil plantas  $\text{ha}^{-1}$ .

O caractere avaliado foi a produtividade de grãos (PG), sendo obtida através da colheita manual de todas as espigas que compõem a parcela, separadamente, e debulha em debulhadores elétricos. Os grãos das parcelas foram pesados e imediatamente após a pesagem foi mensurada a umidade. O resultado foi expresso em quilograma por hectare ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), com umidade corrigida para 14,5%.

### **4.3 Análises Genético-Estatísticas**

#### **4.3.1 Análise de Variância (ANOVA)**

Após obtenção, tabulação e organização dos dados fenotípicos, foi realizado teste de normalidade dos resíduos, mediante teste de Shapiro-Wilk. Uma vez atendido a esse

pressuposto, foi realizada análise de variância (ANOVA) para cada um dos oito ambientes, com o pacote R “agricolae” (DE MENDIBURU, 2020). Essa análise teve por intuito avaliar a existência de variabilidade genotípica entre os híbridos e populações de milho. As análises individuais para o delineamento em látice-quadrado e alfa-látice foram realizadas segundo o modelo estatístico:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

em que:  $y_{ijk}$  é o valor observado obtido do  $i$ -ésimo genótipo avaliado no  $k$ -ésimo bloco, dentro da  $j$ -ésima repetição;  $\mu$  é uma constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada para dado local;  $g_i$  é o efeito fixo do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, 196$ ; e  $i = 1, 2, \dots, 55$ );  $r_j$  é o efeito fixo da  $j$ -ésima repetição ( $j = 1, 2$ ; e  $j = 1, 2, 3$ );  $b_{k(j)}$  é o efeito aleatório do  $k$ -ésimo bloco dentro da  $j$ -ésima repetição ( $k = 1, 2, \dots, 14$ ;  $j = 1, 2$ ; e  $k = 1, 2, \dots, 11$ ;  $j = 1, 2, 3$ ); e  $e_{ijk}$  é o erro aleatório associado à observação  $y_{ijk}$ .

A análise de variância conjunta, foi realizada para os ambientes que apresentaram homogeneidade das variâncias residuais (PIMENTEL-GOMES, 2000). As variâncias foram consideradas homogêneas quando a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (QMR) das análises individuais for menor que 7,0 segundo Pimentel-Gomes (2000). Uma vez atendido a este pressuposto, foi realizado a análise de variância conjunta, com o pacote R “agricolae” (DE MENDIBURU, 2020), segundo o modelo estatístico:

$$y_{ijkl} = \mu + g_i + a_l + ga_{il} + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + e_{ijkl}$$

em que:  $y_{ijkl}$  é o valor observado obtido do  $i$ -ésimo genótipo avaliado no  $l$ -ésimo ambiente, no  $k$ -ésimo bloco, dentro da  $j$ -ésima repetição;  $\mu$  é uma constante inerente a todas as observações;  $g_i$  é o efeito fixo do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, 196$ ; e  $i = 1, 2, \dots, 55$ );  $a_l$  é o efeito fixo do  $l$ -ésimo ambiente ( $l = 1, 2, \dots, 8$ );  $ga_{il}$  é o efeito fixo da interação do  $i$ -ésimo genótipo com o  $l$ -ésimo ambiente;  $r_{j(l)}$  é o efeito fixo da  $j$ -ésima repetição dentro do  $l$ -ésimo ambiente;  $b_{k(jl)}$  é o efeito aleatório do  $k$ -ésimo bloco dentro da  $j$ -ésima repetição no  $l$ -ésimo ambiente; e  $e_{ijkl}$  é o erro aleatório associado à observação  $y_{ijkl}$ .

#### 4.3.2 Componente Quadrático e Coeficiente de Determinação Genotípico

O componente quadrático genotípico ( $\phi_G$ ), da interação genótipos  $\times$  ambientes ( $\phi_{G \times A}$ ) e variância do erro ( $\sigma_E^2$ ) foram estimados a partir dos quadrados médios de genótipo (QMG), da interação genótipos  $\times$  ambientes (QMGA) e do resíduo (QMR), segundo Cruz et al. (2012):

$\phi_G = \frac{QMG - QMR}{ar}$ ,  $\phi_{G \times A} = \frac{QMGA - QMR}{r}$  e  $\sigma_E^2 = QMR$ , em que:  $a$  é o número de ambientes; e  $r$  é o número de repetições. O coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) foi calculado pela

proporção do componente quadrático genotípico sobre o componente quadrático fenotípico total. Para as análises individuais foi estimado segundo Cruz et al. (2012):  $H^2 = \frac{\phi_G}{\phi_G + \left\{ \frac{\sigma_E^2}{r} \right\}}$ , em que:  $\phi_G$  é o componente quadrático genotípico;  $\sigma_E^2$  é a variância do erro; e  $r$  é o número de repetições.

O coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) entre os ambientes foi estimado usando os componentes quadráticos de acordo com Cruz et al. (2012):  $H^2 = \frac{\phi_G}{\phi_G + \left\{ \frac{\phi_{G \times A}}{a} \right\} + \left\{ \frac{\sigma_E^2}{ar} \right\}}$ , em que:

$\phi_G$  é o componente quadrático genotípico;  $\phi_{G \times A}$  é o componente quadrático da interação genótipo  $\times$  ambiente;  $\sigma_E^2$  é a variância do erro;  $a$  é o número de ambientes; e  $r$  é o número de repetições.

#### 4.3.3 Correlações Genéticas Entre os Ambientes

A correlação genética ( $r_g$ ) entre os ambientes foi estimada segundo Cooper et al. (1996):  $r_g = \frac{r_{p(12)}}{(H_1 + H_2)^{1/2}}$ , em que:  $r_{p(12)}$  é a correlação fenotípica entre as características medidas nos ambientes 1 e 2;  $H_1$  e  $H_2$  são os coeficientes de determinação genotípico para as características medidas nos ambientes 1 e 2, respectivamente.

Foi efetuada ainda análise de agrupamento utilizando o método de variâncias mínimas de Ward (WARD, 1963). O agrupamento dos ambientes foi baseado nas correlações genéticas entre os ambientes, com o pacote R “adeget” (JOMBART, 2008).

#### 4.3.4 Adaptabilidade e Estabilidade dos genótipos

##### *Método proposto por Eberhart e Russell (1966)*

Para as estimativas de adaptabilidade e estabilidade proposto por Eberhart e Russell (1966), foi utilizado o software estatístico Genes (CRUZ, 2013). As análises foram baseadas no seguinte modelo de regressão linear:  $y_{ij} = \beta_{oi} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$ , em que:  $y_{ij}$  é a média do genótipo  $i$ , no ambiente  $j$ ;  $\beta_{oi}$  é a constante da regressão e representa a média geral do genótipo  $i$ ;  $\beta_{1i}$  é o coeficiente da regressão linear, que mede a resposta do  $i$ -ésimo genótipo à variação do ambiente;  $I_j$  é o índice ambiental codificado;  $\delta_{ij}$  é o desvio da regressão e;  $\bar{\varepsilon}_{ij}$  é o erro experimental médio.

O parâmetro de adaptabilidade segundo Eberhart e Russell (1966) é definido como a capacidade de os genótipos apresentarem melhorias em seu desempenho perante estímulos do ambiente. Este parâmetro é estimado através do coeficiente de regressão linear ( $\beta_{1i}$ ) de cada

genótipo em relação ao índice ambiental. Por outro lado, a estabilidade produtiva é definida como a capacidade de os genótipos apresentarem comportamento altamente previsível perante os estímulos do ambiente. A estabilidade é estimada através das variâncias dos desvios da regressão ( $\sigma_{di}^2$ ). Portanto, genótipos com adaptabilidade geral foram aqueles que possuíram coeficientes de regressão iguais a um ( $\beta_I = 1,0$ ); genótipos com coeficientes significativamente maior que um ( $\beta_I > 1,0$ ), foram aqueles adaptados a ambientes favoráveis; genótipos com coeficientes de regressão menor que um ( $\beta_I < 1,0$ ), foram genótipos considerados mais adaptáveis a ambientes desfavoráveis. Para estabilidade, genótipos com desvio da regressão igual a zero ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ) foram considerados de alta estabilidade, entretanto desvio da regressão diferente de zero ( $\sigma_{di}^2 \neq 0$ ) foram considerados genótipos de menor estabilidade. Com base em melhorar as estimativas deste modelo proposto, o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) foi uma medida auxiliar de comparação entre os genótipos. Esta estimativa reflete o grau de ajuste do modelo aos rendimentos observados para cada um dos genótipos. Levando em consideração que a estimativa do valor de  $R^2$  possa variar de 0 a 100%, infere-se que estimativas de  $R^2$  acima de 85%, para a cultura do milho, são consideradas elevadas (OLIVEIRA et al., 2004).

### ***Método GGE biplot***

Para a análise de adaptabilidade e estabilidade mediante método de GGE biplot (*Genotype plus Genotype by Environment*) proposto por Yan et al. (2000) foi utilizado o modelo que não dissocia o efeito genotípico (G) do efeito da interação genótipos  $\times$  ambientes (G $\times$ A). Este modelo mantém G e G $\times$ A juntos em dois termos multiplicados permitindo avaliar o desempenho superior dos genótipos, de acordo com o modelo proposto por Yan et al. (2000):  $y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{j1} + g_{i2}e_{j2} + \varepsilon_{ij}$ , em que:  $y_{ij}$  é o desempenho esperado do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;  $\mu$  é a constante geral de observações;  $\beta_j$  é o efeito principal do ambiente  $j$ ;  $g_{i1}$  e  $e_{j1}$  são os efeitos do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, respectivamente; e  $\varepsilon_{ij}$  é o efeito do resíduo não explicado por ambos os efeitos. Dessa forma, é possível identificar genótipos superiores em ambientes específicos, por meio da presença de vetores ambientais e genótipos em setores do biplot (YAN e HUNT, 2001).

A estabilidade produtiva e adequação dos ambientes para seleção dos genótipos foram avaliados com base na análise gráfica, gerada por meio da dispersão simples de  $g_{i1}$  e  $g_{i2}$  para avaliar os genótipos e de  $e_{j1}$  e  $e_{j2}$  para avaliar os ambientes com base na decomposição de valores singulares focados no genótipo, de acordo com o modelo proposto por Yan et al. (2000):  $y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$ , em que:  $y_{ij}$  é o desempenho esperado do genótipo  $i$

no ambiente  $j$ ;  $\mu$  é a constante geral de observações;  $\beta_j$  é o efeito principal do ambiente  $j$ ;  $\lambda_1$  e  $\lambda_2$  são os autovalores mais altos do primeiro e segundo componente principal: ACP1 e ACP2, respectivamente;  $\xi_{i1}$  e  $\xi_{i2}$  são os autovetores do  $i$ -ésimo genótipo de ACP1 e ACP2, respectivamente;  $\eta_{j1}$  e  $\eta_{j2}$  são os autovetores do  $j$ -ésimo ambiente do ACP1 e ACP2, respectivamente, e  $\varepsilon_{ij}$  é o erro associado ao modelo (YAN et al., 2000; YAN, 2001). Dessa forma, é possível identificar os genótipos com estabilidade ou instabilidade produtiva, com base na projeção dos genótipos em relação ao eixo da abcissa. Essa projeção corresponde a contribuição do efeito da interação G×A no desempenho do genótipo ao longo dos ambientes (YAN et al., 2007).

A análise de GGE biplot foi realizada com os pacotes R “GGEBiplots” (DUMBLE, 2017) e “gge” (WRIGHT e LAFFONT, 2017). O método GGE biplot permite (i) classificar os genótipos com base na média vs. estabilidade; (ii) demonstrar o padrão “which-won-where”, de modo que permite identificar no biplot qual genótipo teve melhor desempenho em qual ambiente; e (iii) identificar a discriminação e representatividade dos ambientes através do comprimento dos vetores ambientais e ângulos entre eles.

### **Método de modelos mistos**

Para análise de adaptabilidade e estabilidade mediante método proposto por Resende (2007), foi utilizado o seguinte modelo:  $y = X_r + Z_g + W_b + T_i + e$ , em que:  $y$  é o vetor de dados;  $r$  é o vetor dos efeitos fixos de repetição somados à média geral;  $g$  é o vetor do efeito aleatório para genótipos;  $b$  é o vetor dos efeitos aleatórios para blocos;  $i$  é o vetor dos efeitos aleatórios da interação genótipos × ambientes;  $e$  é o efeito dos erros aleatórios; e  $X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $T$  são matrizes de incidência para  $r$ ,  $g$ ,  $b$  e  $i$ , respectivamente.

A média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) foi estimada para selecionar os genótipos de melhor desempenho e menor variação entre os ambientes, com base no modelo:  $MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^j \frac{1}{PRVG_{ij}}}$ , em que:  $MHPRVG_i$  é a média harmônica da performance relativa do valor genotípico do genótipo  $i$  entre os ambientes;  $n$  é o número de ambientes;  $PRVG_{ij}$  foi calculada através da expressão  $PRVG_{ij} = VG_{ij}/VG_j$ , em que:  $VG_{ij}$  é o valor genético do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ; e  $VG_j$  corresponde à média genotípica no ambiente  $j$ .

Posteriormente à obtenção dos valores de MHPRVG, os mesmos foram multiplicados pela média geral (MG) de rendimento em todos os ambientes, com o intuito de tornar o resultado do caractere na mesma magnitude do estudado (MHPRVG\*MG). Com os resultados obtidos,

os genótipos foram classificados de acordo com os valores genotípicos. Quanto maior o valor genotípico, menor a variação do genótipo ao longo dos ambientes. Além disso, o método considera simultaneamente a estabilidade produtiva, a adaptabilidade e o rendimento dos genótipos (RESENDE, 2007).

Com o intuito de avaliar o desempenho dos genótipos em mega ambientes, classificados como favoráveis e desfavoráveis, os ambientes foram separados de acordo com o seu rendimento médio. Ambientes em que o rendimento médio se apresentou superior à média geral, foram considerados favoráveis. Por outro lado, ambientes com média inferior à média geral, foram considerados desfavoráveis. Formando assim dois mega ambientes distintos. Decorrente disto, foi efetuado novamente a análise de MHPRVG para os dois mega ambientes. Os novos valores de MHPRVG\*MG foram plotados em um diagrama de dispersão, sendo os resultados para mega ambientes favoráveis no eixo da abcissa e desfavoráveis no eixo da ordenada. Desta forma, foi possível analisar, concomitantemente, a adaptabilidade, estabilidade e desempenho produtivo nos mega ambientes contrastantes. O diagrama de dispersão foi dividido em quatro quadrantes distintos, sendo: I) genótipos com mínima adaptabilidade e estabilidade, ou seja, genótipos com alta variação; II) genótipos com adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes favoráveis, ou seja, os genótipos apresentam baixa variação em ambientes favoráveis; III) genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade geral, ou seja, os genótipos apresentam baixa variação ao longo de todos os ambientes; e IV) genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, ou seja, os genótipos apresentam baixa variação em ambientes desfavoráveis (MENDES et al., 2012; FARIA et al. 2017). As análises de MHPRVG foram realizadas com o pacote R “metan” (OLIVOTO e LÚCIO, 2020).

## 5. Resultados

### 5.1. Amplitude, Médias e Análise de Variância (ANOVA)

Observou-se variação na produtividade média de grãos (PG) dos híbridos de milho nos diferentes ambientes (Tabela 2). Essa variou de 9.463 kg ha<sup>-1</sup> (COAN20) a 4.726 kg ha<sup>-1</sup> (COBN19). Em relação as máximas e mínimas dos híbridos, COAN20 apresentou a maior produtividade de grãos (14.564 kg ha<sup>-1</sup>) e o ambiente HN19 a menor, sendo apenas 7,5% do desempenho da máxima produtividade. De um modo geral, houve tendência de menor produtividade para a safra de 2019 em relação a 2020. Quando se comparou os ambientes contrastantes, ocorreu uma redução de aproximadamente 15 e 40% para os ambientes de terras baixas (LEO19 e LEO20) e baixa disponibilidade de nitrogênio (N) (COBN19 e COBN20), respectivamente. Houve efeito de híbridos ( $P < 0,0001$ ) em todos os ambientes avaliados. O coeficiente de variação (CV) experimental variou de 12,58 (HN19) a 28,88% (COBN19). Em relação ao coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) os híbridos apresentaram uma variação de 0,45 a 0,74 nos ambientes de HN20 e LEO19, respectivamente.

Com relação as avaliações de populações de milho, identificou-se variação na PG entre 8.408 kg ha<sup>-1</sup> (COAN20) a 5.158 kg ha<sup>-1</sup> (COBN20) (Tabela 2). Para PG máximo e mínimo, COAN20 apresentou a maior produtividade de grãos (10.739 kg ha<sup>-1</sup>) e o ambiente de COBN19 a menor, o que representa apenas 32% do desempenho da máxima produtividade. Houve tendência de maior produtividade para a safra de 2020 em relação a 2019. Em comparação aos ambientes contrastantes, nos dois anos avaliados, verificou-se uma redução de 16 e 26%, em média para PG nos ambientes de terras baixas (LEO19 e LEO20) e baixa disponibilidade de N (COBN19 e COBN20), respectivamente. Com relação a significância, somente no ambiente HN19 não se encontrou efeito para populações. Entretanto, os demais ambientes avaliados apresentaram efeito significativo para PG ( $P < 0,001$ ). O CV experimental variou de 11,22 (LEO19) a 22,76% (HN20). O  $H^2$  variou de 0,52 (COBN20) a 0,76 para o ambiente de LEO19.

Com os resultados da análise de variância por ambiente (individual), verificou-se que a razão entre o maior e o menor quadrado médio dos resíduos das análises individuais foi inferior a sete para a avaliação de híbridos e populações, o que indica homogeneidade das variâncias residuais (Tabela 3). Em função disso, foi possível a realização da análise conjunta, a qual revelou significância ( $P < 0,0001$ ) para o efeito de genótipos (G), ambientes (A) e interação GxA para híbridos e populações avaliadas. O coeficiente de variação experimental (CV) foi de 19,28% para os híbridos e 15,70% para populações. O coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) foi de 0,80 para híbridos e 0,84 para populações.

## 5.2. Correlação Genética Entre os Ambientes

As estimativas de correlação genética entre os ambientes se apresentaram todas positivas, tanto para híbridos quanto para populações de milho. Para híbridos as estimativas de correlação genética variaram de 0,144, entre COBN19 e COAN20, a 0,870, entre COAN20 e HN20 (Tabela 4). De modo geral, as estimativas de correlação genética entre os ambientes na safra 2019/20 foram maiores em relação às estimativas da safra 2018/19. Entre as safras, as estimativas de correlação genética tenderam a ser intermediárias. Por outro lado, nos ambientes contrastantes quanto à disponibilidade de N, observou-se baixa magnitude da correlação genética entre os ambientes COBN19 e COAN20 (0,144), entre COBN19 e HN19 (0,281), bem como entre HN19 e COBN20 (0,347). Para os ambientes contrastantes referente a terras baixas, as estimativas variaram de 0,489 (entre LEO19 e COAN20) a 0,728 (entre LEO20 e COAN20). Em relação as populações, as estimativas de correlações genéticas, em geral, foram maiores do que as observadas nos híbridos, e variaram de 0,484 (entre LEO20 e COBN19) a 0,999 (entre HN20 e COAN20). As estimativas entre os ambientes da safra 2018/19 foram semelhantes as estimativas da safra 2019/20. Entre as safras, as menores correlações foram evidenciadas entre os ambientes LEO19 e LEO20 (0,633), LEO19 e COBN20 (0,581), COBN19 e LEO20 (0,484) e entre COBN19 e COBN20 (0,546). Tais correlações foram, de modo geral, referentes a ambientes de safras diferentes. Por outro lado, entre os ambientes contrastantes quanto a disponibilidade de N e terras baixas, as estimativas de correlação genética variaram de 0,809 (entre LEO19 e COAN20) a 0,916 (entre COBN19 e COAN19), sendo altas correlações genéticas.

A correlação genética entre os ambientes, baseada na produtividade dos híbridos e populações de milho, foi utilizada para análise de agrupamento e classificação dos ambientes quanto a dissimilaridade (Figura 1). Para os híbridos, observou-se a formação de três grupos de ambientes. Para o primeiro, agruparam-se os ambientes COAN20, COBN19 e LEO20. O segundo, é formado apenas pelo ambiente HN20. Os demais ambientes (COBN20, HN19, LEO19 e COAN19) alocaram-se no terceiro grupo. Em relação ao agrupamento das populações, embora também foram formados três grupos, os ambientes foram agrupados quanto aos ambientes contrastantes. Os ambientes contrastantes quanto a disponibilidade de N e terras baixas foram agrupados em um único grupo. O primeiro grupo constitui-se dos ambientes correspondentes a terras baixas e baixa disponibilidade de N, nas duas safras avaliadas (COBN20, LEO19, LEO20 e COBN19), enquanto o terceiro grupo constitui-se pelos ambientes COAN20 e COAN19. Assim como para híbridos, o ambiente HN20 foi o único constituinte do grupo 2.

### 5.3. Adaptabilidade e Estabilidade

Para as estimativas de adaptabilidade e estabilidade nas populações de milho, o ambiente HN19 não foi considerado no estudo, pois o mesmo não apresentou significância para a fonte de variação genótipos (Tabela 2). Portanto, as populações foram avaliadas com base na produtividade de grãos em sete ambientes. Por outro lado, os híbridos foram avaliados em oito ambientes, pois todos os ambientes apresentaram significância quanto a fonte de variação genótipos.

#### *Método proposto por Eberhart e Russell (1966)*

De acordo com as estimativas de adaptabilidade e estabilidade, segundo método proposto por Eberhart e Russell (1966), os híbridos de milho foram separados em relação aos seus desempenhos (Tabela 5). Assim, 16 híbridos foram classificados com adaptabilidade a ambientes favoráveis ( $\beta_{li} > 1$ ). Entre os cinco híbridos de milho de maior média, quatro apresentaram coeficiente de determinação ( $R^2$ ) superior a 85%. Além disso, entre os cinco híbridos de maior média, verificou-se três híbridos experimentais oriundos do programa de melhoramento da UFV. Segundo o método, 13 híbridos experimentais apresentaram  $\beta_{li}$  significativamente menor que um ( $\beta_{li} < 1$ ), o que indica adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. Entretanto, estes híbridos, em sua grande maioria, apresentaram baixo  $R^2$ , ou seja, baixa previsibilidade. Entre os híbridos avaliados, 15% apresentaram baixa instabilidade produtiva, ou seja, esses genótipos apresentaram baixa previsibilidade ( $\sigma_{ai}^2 \neq 0$ ). O método Eberhart e Russell (1966) permite identificar os híbridos de amplo desempenho produtivo e previsíveis mediante análise simultânea dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade ( $\beta_{li}$  e  $\sigma_{ai}^2$ ) (Tabela 5). Entre os 10 híbridos de maior média, constatou-se maior desempenho dos genótipos VML083/VML090 (H140), DKB390PRO3 (H6), VML124/VML165 (H183) e VML003/VML016 (H7). Além disso, estes híbridos apresentaram valores consideráveis de coeficiente  $R^2$ , o que indica alta previsibilidade. Ressaltam-se ainda os híbridos experimentais do programa de melhoramento de milho da UFV, sendo que estes apresentaram nove dentre as dez maiores médias para ampla adaptabilidade e estabilidade.

Para as estimativas de adaptabilidade e estabilidade produtiva das populações, segundo método de Eberhart e Russell (1966), os genótipos foram classificados de acordo com o seu desempenho (Tabela 6). As populações bi-parentais UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 (P36) e BR105/IPR164 (P18) foram classificadas com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ( $\beta_{li} > 1$ ). Além disso, apresentaram  $R^2$  elevado, o que indica alta previsibilidade. Em

relação a adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ( $\beta_{li} < 1$ ), as populações bi-parentais IPR164/ENCAPER203 (P55) e UFVM100(HS)C1/ALAVARÉ (P38) se sobressaíram por apresentarem  $\beta_{li}$  significativamente menor que um. Por outro lado, para a estabilidade produtiva das populações, foram identificadas cinco populações com instabilidade produtiva, ou seja, esses genótipos apresentaram baixa previsibilidade ( $\sigma_{di}^2 \neq 0$ ). As populações de amplo desempenho produtivo e previsíveis são identificadas mediante análise simultânea dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade ( $\beta_{li}$  e  $\sigma_{di}^2$ ). Destacam-se as populações UFVM200/ALAVARÉ (P43), ALAVARÉ/IPR164 (P53), UFVM200(HS)C1/ALAVARÉ (P47) e BRSOLDAMANHÃ/ALAVARÉ (P50). Nove entre as dez populações de ampla adaptação e estabilidade referem-se às populações bi-parentais.

### ***Método GGE biplot***

Para híbridos, os dois primeiros componentes principais explicam 56% (PC 1 = 44,0 e PC 2 = 12,0%) da variação total dos ambientes testados (Figura 2). O polígono 'which-won-where' formado pelo GGE biplot, indica o híbrido de melhor desempenho para cada ambiente presente em um mesmo setor. A presença de dois ou mais ambientes em um mesmo setor, demonstra que um único genótipo, presente no vértice do polígono, apresenta maior rendimento para estes ambientes. Com base neste estudo, os oito ambientes foram alocados em três diferentes setores. A partir disto, foi possível identificar a formação de um mega ambiente. Portanto, para o ambiente COBN19 os híbridos experimentais VML083/VML090 (H140) e VML084/VML165 (H153) se localizaram no vértice desse setor. Como também para o ambiente COAN19 o híbrido experimental VML083/VML124 (H144) se apresentou no vértice. Para os demais ambientes alocados em um mesmo setor formando um mega ambiente, o híbrido comercial BM709PRO2 (H4) e o experimental VML083/VML165 (H147) se apresentaram no vértice do setor, o que evidenciou alto desempenho destes genótipos para o mega ambiente.

O biplot fornece ainda a identificação da discriminação e representatividade entre os ambientes testados (Figura 2). A discriminação dos ambientes foi baseada no tamanho dos vetores ambientais. Vetores longos apresentam alta discriminação dos genótipos e vetores menores, baixa ou nenhuma discriminação. Além disso, o ângulo formado entre os vetores de dois ambientes relaciona-se ao coeficiente de correlação entre eles. Ângulo agudo entre os vetores indica correlação positiva. Ângulo obtuso indica correlação negativa e ângulo reto, sem correlação. Portanto, os vetores dos ambientes COBN19 e COAN20 foram identificados como altamente discriminantes para os híbridos testados, conforme evidenciado pelos grandes vetores ambientais. Entretanto, estes mesmos vetores apresentaram ângulo de 90°, o que indicou que

não teve correlação entre os ambientes. Por outro lado, os vetores dos ambientes HN19 e LEO20 se sobrepõem, o que evidencia a maior correlação entre os ambientes avaliados. O ambiente HN20 apresentou ângulo agudo em relação aos vetores dos ambientes HN19 e LEO20, portanto verificou-se alta correlação entre estes ambientes. Da mesma forma para os vetores dos ambientes LEO19 e COBN20, os quais também apresentaram um ângulo agudo, o que indica alta correlação entre os vetores ambientais. Entre os vetores dos ambientes HN19; LEO20; HN20 e os ambientes LEO19; COBN20 observou-se um ângulo maior, o que proporcionou menor correlação entre estes ambientes.

Para as análises de GGE biplot aplicada na avaliação das populações de milho, o biplot formado explica 71,6% (PC 1 = 60,5 e PC 2 = 11,1%) da variação total dos ambientes testados (Figura 2). Com base no polígono 'which-won-where' formado pelo GGE biplot, identificou-se a população de melhor desempenho para cada ambiente presente em um mesmo setor. Diante disso, os sete ambientes foram alocados em dois diferentes setores, o que originou dois mega ambientes. Os dois mega ambientes formados compreendeu o agrupamento dos ambientes em diferentes safras. O primeiro mega ambiente foi formado pelos ambientes da safra 2019/20 (COBN20, LEO20, HN20 e COAN20). Neste mega ambiente, a população bi-parental UFVM200/ALAVARÉ (P43) se apresentou no vértice do setor, dessa forma demonstra bom desempenho para este mega ambiente. Para os ambientes da safra 2018/19 (COAN19, LEO19 e COBN19) agrupados no segundo mega ambiente, a população bi-parental UFVM100/ALAVARÉ (P32) se apresentou no vértice do polígono, dessa forma essa população se demonstra com bom desempenho produtivo. Por outro lado, as populações *per se* ALAVARÉ (P1), BR105 (P2) e ENCAPER203 (P5) foram alocadas nos vértices do polígono. Entretanto, os setores apresentaram-se opostos às projeções dos ambientes. Em relação a discriminação e representatividade, o vetor do ambiente COBN19 se apresentou com maior comprimento, o que proporciona maior discriminação das populações testadas. Observou-se alta correlação entre os vetores ambientais do primeiro mega ambiente, em virtude do ângulo agudo e sobreposição dos vetores ambientais. Para o segundo mega ambiente, verificou-se maior correlação entre os ambientes COAN19 e LEO19. Entretanto, estes ambientes apresentaram menor correlação com COBN19, em virtude do maior ângulo formado entre os vetores ambientais.

As avaliações de estabilidade dos 196 híbridos de milho nos oito ambientes, foram baseadas na média vs. estabilidade do GGE biplot (Figura 3). Neste biplot, os híbridos foram classificados ao longo do eixo da coordenada do ambiente médio (CMA) (abscissa). Este eixo passa pela origem do biplot e pela média dos ambientes, indicado pela posição da seta. A

direção da seta indica o maior valor com base no desempenho médio em todos os ambientes. As projeções dos marcadores dos híbridos no eixo CMA é baseado na produtividade média. A análise GGE biplot aproxima a contribuição do genótipo à interação  $G \times A$ , à qual é uma medida de sua instabilidade. A estabilidade dos híbridos é inferida pela sua projeção no eixo CMA, ou seja, quanto menor a projeção, maior a estabilidade do genótipo, dessa forma, há menor efeito da interação  $G \times A$  no desempenho do genótipo ao longo dos ambientes. De acordo com isso, foram observados 17 híbridos com alta estabilidade, em virtude de suas projeções se sobreporem ao eixo da abscissa CMA. Sete híbridos, entretanto, apresentaram maior instabilidade, pois obtiveram projeções mais longas e distantes do eixo CMA. Por outro lado, os cinco híbridos que se destacam em relação a média vs. estabilidade são o BM709PRO2 (H4), VML083/VML124 (H144), VML083/VML165 (H147), VML016/VML124 (H36) e VML083/VML090 (H140). Dentre estes, os híbridos experimentais H144 e H36 apresentaram projeções curtas, próximas ao eixo CMA, o que indica alta estabilidade produtiva além de alta média.

Da mesma forma, foi utilizada a média vs. estabilidade do GGE Biplot para a avaliação de estabilidade das 55 populações de milho em sete ambientes (Figura 3). De acordo com as projeções das populações, identificou-se oito populações com alta estabilidade, em virtude de suas projeções se sobreporem ao eixo da abscissa CMA. Por outro lado, as populações biparentais UFVM100/ALAVARÉ (P32) e UFVM100(HS)C1/ALAVARÉ (P38) se apresentaram com alta instabilidade produtiva, pois apresentaram projeções mais longas e distantes do eixo CMA. Destacou-se em relação a média vs. estabilidade as populações biparentais UFVM200/ALAVARÉ (P43), ALAVARÉ/IPR164 (P53), UFVM100(HS)C1/IPR164 (P39), UFVM100/ALAVARÉ (P32) e UFVM200(HS)C1/ALAVARÉ (P47). Dentre estas, as populações P43, P53 e P39 se destacam ainda pela alta estabilidade produtiva, por apresentar projeções próximas ao eixo CMA, além de alta média. Por outro lado, as menores médias são identificadas nas populações *per se* ALAVARÉ (P1), BR105 (P2), BRSOLDAMANHÃ (P4) e ENCAPER203 (P5), as quais foram projetadas na direção oposta à seta.

### ***Método de modelos mistos***

Através de modelos mistos, considerou-se a análise da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) para avaliação dos 196 híbridos de milho quanto ao desempenho nos oito diferentes ambientes (Figura 4). A partir do ranqueamento dos híbridos, há superioridade em 21% dos 20 melhores híbridos, com relação à média geral de

MHPRVG\*MG ( $7.470 \text{ kg ha}^{-1}$ ) para os oito ambientes. Com desempenho superior os híbridos BM709PRO2 (H4), VML083/VML124 (H144), VML083/VML165 (H147), VML016/VML124 (H36) e VML083/VML090 (H140) os quais apresentaram, em média, 29% superiores à média geral de MHPRVG\*MG. Por outro lado, os 20 híbridos de desempenho inferior apresentaram, em média, uma redução de 20% em relação ao desempenho geral.

Com base na análise de MHPRVG, foi avaliado o desempenho das 55 populações de milho em sete ambientes (Figura 4). Em relação ao desempenho das 20 melhores populações, as mesmas se apresentaram 8,4% superior à média geral de MHPRVG\*MG ( $6.332 \text{ kg ha}^{-1}$ ). As duas primeiras populações bi-parentais, UFVM200/ALAVARÉ (P43) e ALAVARÉ/IPR164 (P53), apresentaram desempenho superior à média geral equivalente a 21 e 16%, respectivamente. Em contrapartida, as populações *per se* BR105 (P2), ALAVARÉ (P1), BRSOLDAMANHÃ (P4) e ENCAPER203 (P5), apresentaram baixo desempenho. Essas populações se apresentaram 28, 27, 22 e 18% inferiores à média geral de MHPRVG\*MG, respectivamente.

O método MHPRVG também foi aplicado separadamente a duas classes de ambientes. Para isso os oito e sete ambientes avaliados para os híbridos e populações, respectivamente, foram divididos em dois mega ambientes. Estes mega ambientes corresponderam aos ambientes favoráveis e desfavoráveis, com base no rendimento médio em cada local. Para a avaliação de híbridos, os ambientes COAN19, HN19, LEO20, COAN20 e HN20 foram classificados por apresentar produtividade média superior à média geral dos ambientes ( $7.515 \text{ kg ha}^{-1}$ ), sendo considerados ambientes favoráveis. Por outro lado, os ambientes LEO19, COBN19 e COBN20 apresentaram rendimento médio inferior à média geral, os quais foram considerados ambientes desfavoráveis. Para a avaliação das populações, no entanto, os ambientes favoráveis foram COBN20, COAN20 e HN20, pois apresentaram rendimento médio superior à média geral ( $6.342 \text{ kg ha}^{-1}$ ). Os demais ambiente (LEO19, COBN19, COAN19 e LEO20), foram classificados em ambientes desfavoráveis, em virtude dos rendimentos médios inferiores.

Em função da classificação em mega ambientes favoráveis e desfavoráveis, as estimativas dos componentes de variâncias se alteraram entre os dois mega ambientes (Tabela 7). Para a avaliação de híbridos de milho, a estimativa da herdabilidade e acurácia, para os ambientes favoráveis, se apresentaram superiores em relação aos ambientes desfavoráveis. Além disso, o coeficiente de variação residual apresentou-se inferior para os ambientes favoráveis. Entretanto, a grande alteração na média geral, sendo que os ambientes classificados em favoráveis ( $8.644 \text{ kg ha}^{-1}$ ) apresentaram-se superiores em relação aos ambientes desfavoráveis ( $5.635 \text{ kg ha}^{-1}$ ). Com relação as avaliações das populações, não foi verificado

alteração para as estimativas de herdabilidade e acurácia (Tabela 7). Para o coeficiente de variação residual, os ambientes favoráveis apresentaram redução na variação. Por outro lado, a média geral dos ambientes favoráveis ( $7.379 \text{ kg ha}^{-1}$ ) foi superior em relação aos ambientes desfavoráveis. Por fim, foi observado um aumento de 32,6% na produtividade de grãos nos ambientes favoráveis.

Com base nos resultados do método MHPRVG\*MG, aplicado separadamente para os mega ambientes favoráveis e desfavoráveis, efetuou-se a plotagem dos resultados combinados em um diagrama de dispersão (Figura 5). A visualização gráfica do desempenho do genótipo em condições favoráveis e desfavoráveis, permitiu identificar híbridos e populações com estabilidade produtiva, adaptabilidade e rendimento, simultaneamente, para estas condições. Mediante dispersão gráfica, identificou-se a alocação de 33% dos híbridos no quadrante correspondente à adaptabilidade e estabilidade geral, ou seja, que apresentaram baixa variação ao longo de todos dos ambientes (III) (Figura 5). Entre eles, os híbridos VML083/VML124 (H144), BM709PRO2 (H4), VML083/VML165 (H147), VML016/VML124 (H36) e VML083/VML090 (H140) apresentaram maiores projeções no quadrante III. Por outro lado, 16% dos híbridos apresentaram baixa variação em ambientes favoráveis, portanto, foram alocados no quadrante (II). Para adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes desfavoráveis (IV), foram alocados 13% dos híbridos com baixa variação nesses ambientes. Tanto para adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (II) quanto para desfavoráveis (IV) não se verificou híbridos superiores. Entretanto, os híbridos BM709PRO2 (H4), VML083/VML165 (H147) e VML016/VML124 (H36), embora alocados no quadrante de adaptabilidade e estabilidade geral (III), apresentaram alto desempenho e baixa variação para MHPRVG\*MG em ambientes favoráveis. Da mesma forma, embora os híbridos experimentais VML083/VML124 (H144), VML084/VML165 (H153) e VML083/VML090 (H140) estejam alocados no quadrante de adaptabilidade e estabilidade geral (III), são considerados de baixa variação em ambientes desfavoráveis. Os demais híbridos de milho avaliados foram alocados no quadrante I, identificado como o quadrante de mínima adaptabilidade e estabilidade, ou seja, genótipos com alta variação ao longo de todos os ambientes.

Com base nas avaliações de MHPRVG\*MG nas populações de milho testadas em ambientes favoráveis e desfavoráveis, foram identificadas populações nos quatro quadrantes da dispersão gráfica (Figura 5). Observou-se a alocação de 42% das populações no quadrante correspondente a adaptabilidade geral, ou seja, que apresentaram baixa variação ao longo de todos dos ambientes (III). Para os quadrantes II e IV, correspondente a adaptabilidade específica à ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente, verificou-se a alocação de 11% das

populações em cada quadrante, portanto, essas populações apresentaram baixa variação nestas condições. As demais populações avaliadas, foram alocadas no quadrante correspondente à mínima adaptabilidade e estabilidade (I), portanto, estes genótipos são considerados de alta variação. Dentre estas populações, foram identificadas seis populações *per se* BR105 (P2), ALAVARÉ (P1), BRSOLDAMANHÃ (P4), ENCAPER203 (P5), BR106 (P3) e UFVM200 (P9). Do mesmo modo observado na avaliação de híbridos de milho, não se verificou populações com desempenho superior para os ambientes de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (II) e desfavoráveis (IV). Entretanto, a população bi-parental UFVM200/ALAVARÉ (P43), alocada no quadrante correspondente a adaptabilidade geral (III), se destacou por apresentar o melhor desempenho tanto para ambientes favoráveis, quanto para ambientes desfavoráveis. Dessa forma, a população bi-parental P43 apresentou baixa variação ao longo dos ambientes favoráveis e desfavoráveis. Além desta população, as populações bi-parentais UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 (P36), ALAVARÉ/IPR164 (P53) e BRSOLDAMANHÃ/ALAVARÉ (P50) apresentaram alto desempenho para os ambientes favoráveis. Para ambientes desfavoráveis, as populações bi-parentais ALAVARÉ/IPR164 (P53), UFVM200(HS)C1/ALAVARÉ (P47) e UFVM100/ALAVARÉ (P32) apresentaram as menores variações para estas condições.

## 6. Discussão

A presença de ampla variação genética na produtividade de grãos (PG) tanto para híbridos quanto para populações de milho indica possibilidade de seleção de genótipos para condições adequadas de cultivo, ambientes de terras baixas e baixa disponibilidade de N. Em estudos com milho, alguns autores relataram o desempenho distinto de híbridos e populações em diferentes condições ambientais (MAKUMBI et al., 2015; SSERUMAGA et al., 2018; REZENDE et al., 2020). Além disso, os híbridos apresentaram maiores respostas quanto a PG entre ambientes do que as populações. Isso está relacionado com a base genética desses genótipos. Híbridos são derivados do cruzamento de linhagens endogâmicas e apresentam base genética mais estreita, o que lhes confere maior resposta aos estímulos positivos do ambiente (SOUZA, 2018). Por outro lado, as populações possuem base genética mais ampla e, portanto, apresentam menor variação na PG ao longo dos ambientes avaliados.

Em ambientes de terras baixas e de baixa disponibilidade de N a estimativa do coeficiente de variação experimental e coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) tendeu ser menor para híbridos em relação às populações. Isso pode estar relacionado ao maior número de repetições utilizadas nas avaliações das populações. Para Ertiro et al. (2017), os ambientes de escassez hídrica e de baixa disponibilidade de N reduzem a herdabilidade de PG de híbridos. Por outro lado, maiores valores de  $H^2$  são observados em populações conduzidas em ambientes de terras baixas. Estimativas dos coeficientes de  $H^2$  de alta magnitude em ambientes de terras baixas fornecem maiores confiabilidades na seleção dos genótipos superiores, pois a variação fenotípica observada é devido a causas genéticas e, portanto, obtêm-se maiores ganhos genéticos ao aplicar seleção baseada no desempenho dos genótipos. Na análise conjunta, a maior variação é constituída pelos efeitos dos ambientes (A) em relação aos efeitos de genótipos (G) e interação  $G \times A$ . Isso indica que os ambientes foram muito diferentes. Em ensaios de múltiplos ambientes, os efeitos dos ambientes tendem a ser maiores em relação aos efeitos das demais fontes de variação (BADU-APRAKU et al., 2012; MAFOUASSON et al., 2018). Os efeitos da interação  $G \times A$  foram altamente significativos para PG. Isso justifica a aplicação dos métodos de Eberhart e Russell (1966), GGE biplot e modelos mistos para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos híbridos e populações de milho.

As correlações genéticas para PG entre os ambientes foram utilizadas para avaliar as semelhanças entre os ambientes. Neste estudo, todas as estimativas de correlações foram positivas para híbridos e populações de milho. De modo geral, as correlações genéticas reduziram entre os ambientes contrastantes, o que evidencia a alta variação do efeito de ambientes em relação à variação total, observada anteriormente, tanto para híbridos quanto para

populações. Diferentes conjuntos de genes são responsáveis pelo desempenho dos genótipos em ambientes ótimos e em baixa disponibilidade de N, o que influencia diretamente as correlações genéticas (BÄNZIGER et al., 1997; ERTIRO et al., 2020). Os ambientes de terras baixas e a baixa disponibilidade de N foram agrupados em um único grupo para as avaliações de populações. Portanto, esses ambientes contrastantes se apresentaram mais dissimilares com relação ao desempenho das populações. Ou seja, os genótipos apresentaram desempenho distinto nestas condições. Segundo Mukumbi et al. (2015), em populações *per se*, há um padrão de agrupamento de ambientes de acordo com os ambientes contrastantes. Portanto, recomenda-se considerar os ambientes separados em função do desempenho diferente dos genótipos e pela baixa correlação genética com os ambientes de adequado cultivo (MAKUMBI et al., 2015; SSERUMAGA et al., 2016). Por outro lado, para as avaliações de híbridos, os ambientes mais dissimilares foram os ambientes de terras baixas (LEO20), baixa disponibilidade de N (COBN19) e condições adequadas de cultivo (COAN20). Estes resultados corroboram com a constituição da base genética dos híbridos discutido anteriormente, o qual proporciona diferentes respostas aos estímulos do ambiente. Com o método GGE biplot foi possível identificar ambientes representativos e discriminantes. Desta forma, identificou-se os ambientes contrastantes em relação a disponibilidade de N com maior representatividade e que discriminam mais os genótipos, tanto para híbridos quanto para populações. Ambientes com alta capacidade discriminativa e representatividade, otimiza o processo de avaliação de genótipos (BADU-APRAKU et al., 2012; NYOMBAYIRE et al., 2018; MUSHAYI et al., 2020). Segundo Rezende et al. (2020), em um programa de melhoramento de milho são gastos maiores esforços na avaliação de genótipos oriundos de cruzamentos entre linhagens. Portanto, é de fundamental importância identificar diferenças de discriminação e representatividade entre os ambientes, para assim, direcionar as avaliações em ambientes que discriminam mais os genótipos. Dessa forma, os ambientes de terras baixas, baixa disponibilidade de N e os ambientes COAN19 e COAN20 (condições adequadas de cultivo) se apresentaram dissimilares, representativos e com alta discriminação dos genótipos.

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade são diferentes para os métodos de Eberhart e Russell (1966), GGE biplot e modelos mistos, pois são baseados em procedimentos biométricos diferentes. Em função disso, observou-se algumas divergências e complementariedade na identificação dos genótipos superiores com adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis, tanto para híbridos quanto para populações. Para as avaliações dos híbridos, todos os métodos consideraram os mesmos híbridos (BM709PRO2 - H4 e VML083/VML165 - H147) com alto desempenho produtivo,

adaptabilidade e estabilidade. Os métodos de GGE biplot e modelos mistos, ao contrário do método de Eberhart e Russell (1966), permitiram identificar os híbridos experimentais VML083/VML124 (H144) e VML084/VML165 (H153) com adaptabilidade e estabilidade para ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente. O método de modelos mistos considera a estimativa da estabilidade em função da não variação do genótipo ao longo dos ambientes (RESENDE, 2007). Por outro lado, o GGE biplot é baseado na contribuição da interação  $G \times A$  na média vs. estabilidade dos genótipos (YAN et al., 2000). Portanto, os híbridos experimentais H144 e H153 apresentaram alto desempenho produtivo, estabilidade no sentido da não variação e da não contribuição da interação  $G \times A$ , além da capacidade de responder as condições de cultivo. Embora estes híbridos não tenham apresentado um comportamento previsível para o método de Eberhart e Russell (1966), os genótipos apresentaram alta adaptabilidade, ou seja, alta capacidade dos genótipos apresentarem melhorias no desempenho perante os estímulos do ambiente.

Para as avaliações das populações, todos os métodos consideraram o desempenho superior da população bi-parental UFVM200/ALAVARÉ (P43) com adaptabilidade e estabilidade produtiva geral e específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Quanto ao desempenho da população bi-parental UFVM100/ALAVARÉ (P32), o método de modelos mistos considerou este genótipo com desempenho superior e estabilidade específica para ambientes desfavoráveis. Entretanto, os métodos de GGE biplot e Eberhart e Russell (1966) consideram o genótipo não estável. Em função do genótipo apresentar alta contribuição do efeito da interação  $G \times A$  na média vs. estabilidade do biplot e baixa previsibilidade perante os estímulos do ambiente. Portanto, mesmo que o método de modelos mistos considerou o desempenho superior da população P32, a mesma se apresentou com alta instabilidade produtiva. O mesmo é observado para a população bi-parental UFVM100(HS)C1/IPR164 (P39), a qual apresentou baixa estabilidade produtiva, em função da baixa previsibilidade do genótipo ao longo dos ambientes segundo o método de Eberhart e Russell (1966). Entretanto, para GGE biplot a população bi-parental P39 apresentou baixa contribuição do efeito da interação  $G \times A$ , conforme curta projeção do genótipo no eixo da abscissa CMA. Portanto, a baixa previsibilidade observada por Eberhart e Russell (1966), relaciona-se a variação do efeito genotípico da população e não do efeito da interação  $G \times A$  ao longo dos ambientes. A utilização de mais de um método para essas estimativas é importante, pois os métodos podem se complementar, o que proporciona a melhor identificação dos genótipos superiores (FARIA et al., 2017; REZENDE et al., 2020). Com base nos resultados para ambos os tipos de genótipos, a utilização de mais de um método para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade

foi uma estratégia que permitiu maior confiabilidade na interpretação dos dados e pode ajudar o melhorista na tomada de decisão e no estabelecimento de estratégias para futuras avaliações.

Como discutido, encontrou-se semelhanças e complementariedades entre os três métodos utilizados para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade em híbridos e populações de milho. Entre os híbridos mais produtivos, com maior adaptabilidade e estabilidade geral recomendados pelos métodos estão o BM709PRO2 (H4), VML083/VML124 (H144), VML083/VML165 (H147), VML016/VML124 (H36) e VML083/VML090 (H140). Para adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (ambientes de adequado cultivo), os híbridos BM709PRO2 (H4) e VML083/VML165 (H147) foram selecionados por todos os métodos utilizados. Por outro lado, para adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (terras baixas e baixas disponibilidade de N), os métodos recomendaram os híbridos experimentais VML083/VML090 (H140) e VML084/VML165 (H153). A identificação e recomendação de híbridos experimentais com desempenho superior para estes ambientes pode impulsionar a PG de grãos em regiões de cultivo semelhantes. Como constatado por estudos que avaliaram híbridos experimentais em condições contrastantes de cultivo (WOLDE et al., 2018; MUSHAYI et al., 2020; REZENDE et al., 2020). Entre as populações mais produtivas, com adaptabilidade e estabilidade geral recomendadas pelos métodos são UFVM200/ALAVARÉ (P43), ALAVARÉ/IPR164 (P53), UFVM200(HS)C1/ALAVARÉ (P47), UFVM100(HS)C1/IPR164 (P39) e BRSOLDAMANHÃ/ALAVARÉ (P50). Para adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, os métodos recomendaram as populações bi-parentais UFVM200/ALAVARÉ (P43) e UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 (P36). Por outro lado, para adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, as populações bi-parentais UFVM200/ALAVARÉ (P43) e UFVM100/ALAVARÉ (P32) foram selecionadas por apresentarem desempenhos superiores. Estas populações selecionadas podem ser recomendadas para essas condições ambientais de melhor desempenho. Dessa maneira, o cultivo destas populações bi-parentais pode aumentar a PG dos agricultores nestas regiões (MAKUMBI et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2017a).

No presente trabalho, os híbridos experimentais do programa de melhoramento de milho da UFV e as populações bi-parentais se destacaram por apresentar alto desempenho, adaptabilidade e estabilidade em ambientes favoráveis e desfavoráveis. Alguns híbridos experimentais apresentaram desempenhos semelhantes e até mesmo superiores aos comerciais em ambientes favoráveis e desfavoráveis. A identificação de genótipos com alto desempenho em condições de baixa disponibilidade de N e terras baixas (híbridos VML083/VML090 - H140 e VML084/VML165 - H153; populações UFVM200/ALAVARÉ - P43 e ALAVARÉ/IPR164

- P53) é de fundamental importância para impulsionar a PG em regiões com baixo aporte nutricional no solo (MAFOUASSON et al., 2018) e regiões de terras baixas (WANG et al., 2020). Segundo Ertiro et al. (2017), o desempenho superior de genótipos em condições ambientais desfavoráveis pode estar relacionado à presença de alelos favoráveis. Dessa forma, Adu et al. (2018) concluíram que as populações com desempenho superior em condições desfavoráveis podem ser utilizadas para extrair linhagens endogâmicas. Com base nisso, o programa de melhoramento de milho da UFV tem contribuído no desenvolvimento de genótipos com maior adaptabilidade e estabilidade em condições desfavoráveis. Quanto ao desempenho das populações *per se* e bi-parentais, as populações *per se* apresentaram baixo desempenho produtivo e baixa adaptabilidade em comparação as populações bi-parentais. Portanto, as populações *per se* não apresentaram capacidade de responder aos estímulos ambientais, corroborando com resultados obtidos por Mendes et al. (2012).

A adaptabilidade e estabilidade de genótipos a ambientes contrastantes, como os utilizado neste estudo: terras baixas, baixa disponibilidade de N e condições ambientais adequadas para cultivo, estão relacionadas a base genética dos genótipos. Genótipos que contêm base genética ampla, como as populações, possuem capacidade de responder a condições adversas ocorrente durante o ciclo produtivo (SOUZA, 2018). Portanto, apresentam maior adaptabilidade e estabilidade produtiva em condições ambientais desfavoráveis. Oliveira et al. (2017a) observaram maior adaptação das populações de base genética ampla em ambientes desfavoráveis. Entretanto, genótipos que contêm base genética mais estreita, como os híbridos, apresentam alto desempenho em condições adequadas de cultivo devido sua menor plasticidade em condições adversas ocorrentes durante o ciclo (SOUZA, 2018). Com base nisso, foi possível verificar neste estudo o desempenho superior dos híbridos em condições adequadas de cultivo. Entretanto, entre os ambientes contrastantes, terras baixas e baixa disponibilidade de N, as respostas dos híbridos foram menores, o que evidenciou a menor plasticidade a condições desfavoráveis. As populações, pelo contrário, apresentaram menor variação produtiva ao longo dos ambientes em condições adequadas de cultivo e contrastantes. Dessa forma, as populações de base genética ampla, de um modo geral, apresentaram maior adaptabilidade e estabilidade produtiva nos ambientes avaliados.

## 7. Conclusão

Os efeitos da interação genótipos  $\times$  ambientes implicam no desempenho dos híbridos e populações ao longo dos ambientes e, dessa forma, fornece informações importantes para o programa de melhoramento de milho tropical.

A utilização de mais de um método de avaliação de adaptabilidade e estabilidade proporciona maior confiabilidade no processo de seleção.

Para adaptabilidade e estabilidade dos genótipos avaliados, se destacaram: i) os híbridos BM709PRO2 (H4) e VML083/VML165 (H147) bem como as populações UFVM200/ALAVARÉ (P43) e UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 (P36) em condições adequadas de cultivo; e ii) os híbridos VML083/VML090 (H140) e VML084/VML165 (H153), e as populações UFVM200/ALAVARÉ (P43) e ALAVARÉ/IPR164 (P53) para ambientes de terras baixas e baixa disponibilidade de N.

Nos ambientes contrastantes as populações de base genética ampla apresentaram maior adaptabilidade e estabilidade em relação aos híbridos de base genética mais estreita.

## 8. Referências

- ADRIAANSE, F. G.; HUMAN, J. J. Effect of time of application and nitrate: ammonium ratio on maize grain yield, grain N concentration and soil mineral N concentration in a semi-arid region. **Field Crops Research**, v.34, n.1, p.57-70, 1993.
- ADU, G. B.; ALIDU, H.; AMEGBOR, I. K.; ABDULAI, M. S.; NUTSUGAH, S. K.; OBENG-ANTWI, K.; KANTON, R. A. L.; BUAH, S. S.; KOMBIOK, M. J. ABUDULAI, M.; ETWIRE, P. M. Performance of maize populations under different nitrogen rates in northern Ghana. **Annals of Agricultural Sciences**, v.63, n.2, p.145-152, 2018.
- ALAM, M. A.; SEETHARAM, K.; ZAIDI, P. H.; DINESH, A.; VINAYAN, M. T.; NATH, U. K. Dissecting heat stress tolerance in tropical maize (*Zea mays* L.). **Field Crops Research**, v.204, p.110-119, 2017.
- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v.4, p.503-508, 1964.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v.46, p.269-269, 1992.
- BADU-APRAKU, B.; AKINWALE, R. O.; AJALA, S. O.; MENKIR, A.; FAKOREDE, M. A. B.; OYEKUNLE, M. Relationships among traits of tropical early maize cultivars in contrasting environments. **Agronomy Journal**, v.103, n.3, p.717-729, 2011.
- BADU-APRAKU, B.; AKINWALE, R. O. Cultivar evaluation and trait analysis of tropical early maturing maize under Striga-infested and Striga-free environments. **Field Crops Research**, v.121, n.1, p.186-194, 2011.
- BADU-APRAKU, B.; OYEKUNLE, M.; OBENG-ANTWI, K.; OSUMAN, A. S.; ADO, S. G.; COULIBAY, N.; YALLOU, C. G.; ABDULAI, M.; BOAKYEWAA, G. A.; DIDJEIRA, A. Performance of extra-early maize cultivars based on GGE biplot and AMMI analysis. **Journal of Agricultural Science**, v.150, p.473-483, 2012.
- BADU-APRAKU, B.; FAKOREDE, B.; AKINWALE, R.; ANNOR, B.; ADEWALE, S.; TOYINBO, J.; AKINTIBU, S. Application of the GGE Biplot as a Statistical Tool in the Breeding and Testing of Early and Extra-Early Maturing Maize in Sub-Saharan Africa. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, v.2, n.3, 2020.
- BÄNZIGER, M.; BETRÁN, F. J.; LAFITTE, H. R. Efficiency of high-nitrogen selection environments for improving maize for low-nitrogen target environments. **Crop Science**, v.37, n.4, p.1103-1109, 1997.
- BARI, M. A. A.; CARENA, M. J.; PEREIRA, M. G. Identification of heterotic patterns between expired proprietary, NDSU, and industry short-season maize inbred lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p.274-281, 2016.
- BARKER, T.; CAMPOS, H.; COOPER, M.; DOLAN, D.; EDMEADES, G.; HABBEN, J.; SCHUSSLER, J.; WRIGHT, D.; ZINSELMEIER, C. **Improving drought tolerance in maize**. In:

- JANICK, J. (Ed.), Plant Breeding Reviews, Vol. 25. John Wiley & Sons, Inc., New York, p.173-253, 2005.
- BHARTIYA, A.; ADITYA, J. P.; SINGH, K.; PUSHPENDRA; PURWAR, J. P.; AGARWAL, A. AMMI and GGE biplot analysis of multi environment yield trial of soybean in North Western Himalayan state Uttarakhand of India. **Legume Research - An International Journal**, v.40, n.2, p.306-312, 2017.
- BRIEGER, F. G.; GURGEL, J. T. A.; PATERNIANI, E.; BLUMENSCHNEIN, A.; ALLEONI, M. R. **Races of maize in Brazil and other eastern south American countries**. National Academy of Sciences, Washington, DC. 283p. 1958.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; GUADAGNIN, J. P. Sufficient number of experiments for the adaptability and stability analyses of maize using the Eberhart and Russell method. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.53, n.6, p.673-683, 2018.
- CARVALHO, L. C. B.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; ROCHA, M. M.; OLIVEIRA, C. X. Evolution of methodology for the study of adaptability and stability in cultivated species. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n.12, p.990-1000, 2016.
- COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, v.41, n.8, p.360-367, 1949.
- COMSTOCK, R. E.; MOLL, R. H. **Genotype-environment interactions**. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Eds) Statistical genetics and plant breeding. NAS-NRC, Washington DC, p.164-196, 1963.
- CONAB - Companhia nacional de Abastecimento**. Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2019/20, décimo levantamento. Brasília, julho 2020. Disponível: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/graos>>. Acesso em: 17 de julho de 2020.
- COOPER, M.; DELACY, I. H.; BASFORD, K. E. **Relationships among analytical methods used to analyze genotypic adaptation in multienvironment trials**. In: COOPER, M.; HAMMER, G. L. (Eds) Plant adaptation and crop improvement. CAB International: Wallingford, UK, p.193-224, 1996.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.
- CRUZ C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.1 - 4ª ed., Viçosa-MG: UFV, 544p. 2012.
- CRUZ, C. D.; TORRES RUIZ, R. A.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p.567-580, 1989.
- DADO, R. G. Nutritional benefits of speciality corn grain hybrids in dairy diets. **Journal of Animal Science**, v.77, n.2, p.197-207, 1999.

- DE MENDIBURU, M. F. **Package ‘agricolae’, statistical procedures for agricultural research**. R package version, versão 1.3-3, 2020. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/agricolae/index.html>>. Acessado em: 01 de abril de 2020.
- DIA, M.; WEHNER, T. C.; HASSELL, R.; PRICE, D. S.; BOYHAN, G. E.; OLSON, S.; KING, S.; DAVIS, A. R.; TOLLA, G. E. Genotype  $\times$  environment interaction and stability analysis for watermelon fruit yield in the United States. **Crop Science**, v.56, p.1645-1661, 2016.
- DUMBLE, S. **GGEbiplots: GGE Biplots with ‘ggplot2’**. R package, versão 0.1.1. 2017. Disponível: <<https://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplots>>. Acesso em: 01 de abril de 2020.
- DURÃES, F. O. M. **Limitações fisiológicas do milho nas condições de plantio nas regiões tropicais baixas**. 2006. Artigo em Hypertexto. Disponível em: <[http://www.infobibos.com/Artigos/2007\\_1/limitemilho/index.htm](http://www.infobibos.com/Artigos/2007_1/limitemilho/index.htm)>. Acesso em: 17 de julho de 2020.
- EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, n.1, p.36-40, 1966.
- ERTIRO, B. T.; BEYENE, Y.; DAS, B.; MUGO, S.; OLSEN, M.; OIKEH, S.; JUMA, C.; LABUSCHAGNE, M.; PRASANNA, B. M. Combining ability and testcross performance of drought-tolerant maize inbred lines under stress and non-stress environments in Kenya. **Plant Breeding**, v.136, n.2, p.197-205, 2017.
- ERTIRO, B. T.; OLSEN, M.; DAS, B.; GOWDA, M.; LABUSCHAGNE, M. Genetic Dissection of Grain Yield and Agronomic Traits in Maize under Optimum and Low-Nitrogen Stressed Environments. **International journal of molecular sciences**, v.21, n.2, p.1-16, 2020.
- FARIA, S. V.; LUZ, L. S.; RODRIGUES, M. C.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; DELIMA, R. O. Adaptability and stability in commercial maize hybrids in the southeast of the State of Minas Gerais, Brazil. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, n.2, p.347-357, 2017.
- FERNANDES, F. C. S.; BUZETTI, S.; ARF, O.; ANDRADE, J. A. C. Doses, eficiência e uso de nitrogênio por seis cultivares de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.4, n.2, p.195-204, 2005.
- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.14, p.742-754, 1963.
- GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v.58, p.453-467, 1971.
- GALLAIS, A.; HIREL, B. An approach to the genetics of nitrogen use efficiency in maize. **Journal of Experimental Botany**, v.55, n.396, p.295-306, 2004.
- GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho do Plantio à Colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 351p. 2015.
- GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Elsevier Science Publishers. 1992.

- GAUCH, H.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop Science**, v.37, p.311-326, 1997.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. New York: Springer Science + Business Media, Inc. 663p. 2010.
- HARUNA, A.; ADU, G. B.; BUAH, S. S.; KANTON, R. A. L.; KUDZO, A. I.; SEIDU, A. M.; KWADWO, O. A. Analysis of genotype by environment interaction for grain yield of intermediate maturing drought tolerant top-cross maize hybrids under rain-fed conditions. **Cogent Food & Agriculture**, v.3, p.1-13, 2017.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p.423-447, 1975.
- HÜEHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. **Euphytica** v.47, p.189-194, 1990.
- JOMBART, T. adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers. **Bioinformatics**, v.24, n.11, p.1403-1405, 2008.
- JONG, S. K.; BREWBAKER, J. L.; LEE, C. H. Effects of solar radiation on the performance of maize in 41 successive monthly plantings in Hawaii. **Crop Science**, v.22, n.1, p.13-18, 1982.
- KANG, M. S. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. **Advances in Agronomy**, v.62, p.199-252, 1997.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.193-198, 1988.
- MAFOUASSON, H. N. A.; GRACEN, V.; YEBOAH, M. A.; NTSOMBOH-NTSEFONG, G.; TANDZI, L. N.; MUTENGWA, C. S. Genotype-by-environment interaction and yield stability of maize single cross hybrids developed from tropical inbred lines. **Agronomy**, v.8, n.5, p.1-17, 2018.
- MAZER, S. J.; SCHICK, C. T. Constancy of population parameters for life history and floral traits in *Raphanus sativus* L. I. Norms of reaction and the nature of genotype by environment interactions. **Heredity**, v.67, p.143-156, 1991.
- MEDINA, R. C. Some exact conditional tests for the multiplicative model to explain genotype-environment interaction. **Heredity**, v.69, p.128-132, 1992.
- MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics** v.13, n.1, p.1-18, 1971.
- MENDES, F. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; SOUZA, J. C.; GUIMARÃES, P. E. O.; PACHECO, C. A. P.; MACHADO, J. R. A.; MEIRELLES, W. F.; SILVA, A. R.; PARENTONI, S. N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, n.2, p.111-117, 2012.
- MIELNICZUK, J.; BAYER, C.; BESAN, F. M.; LOVATO, T.; FERNÁNDEZ, F. F.; DEBARBA, L. **Manejo de solo e culturas e sua relação com os estoques de carbono e nitrogênio do solo**. In: CURI, N.; MARQUES, J. J.; GUILHERME, L. R. G.; LIMA, J. M.; LOPES, A. S.; ALVAREZ,

- V. H. (Eds). Tópicos em ciência do solo. Viçosa, MG, Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, v.3. p.209-248, 2003.
- MAKUMBI, D.; DIALLO, A.; KANAMPIU, F.; MUGO, S.; KARAYA, H. Agronomic Performance and genotype  $\times$  environment interaction of herbicide-resistant maize varieties in Eastern Africa. **Crop Science**, v.55, n.2, p.540-555, 2015.
- MURAKAMI, D. M.; CARDOSO, A. A.; CRUZ, C. D.; BIZÃO, N. Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. **Ciência Rural**, v.34, n.1, p.71-78, 2004.
- MURDIA, L.; WADHWANI, R.; WADHAWAN, N.; BAJPAI, P.; SHEKHAWAT, S. Maize utilization in India: an overview. **American Journal of Food and Nutrition**, v.4, n.6, p.169-176, 2016.
- MUSHAYI, M.; SHIMELIS, H.; DERERA, J.; SHAYANOWAKO, I. T.; MATHEW, I. Multi-environmental evaluation of maize hybrids developed from tropical and temperate lines. **Euphytica**, v.216, n.84, p.1-14, 2020.
- NYOMBAYIRE, A.; DERERA, J.; SIBIYA, J.; NGABOYISONGA, C. Genotype  $\times$  environment interaction and stability analysis for grain yield of diallel cross maize hybrids across tropical medium and highland ecologies. **Journal of Plant Sciences**, v.6, n.3, p.101-106, 2018.
- OLIVEIRA, J. S.; SOBRINHO, F. S.; FERNANDES, S. B. V.; WÜNSCH, J. A.; LAJÚS, C. A.; DUFLOTH, J. H.; ZANATTA, J. C.; MOLETTA, J. L.; PEREIRA, A. V.; LEDO, F. J. S.; BOTREL, M. A.; AUAD, M. V. Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no sul do Brasil. **Ciência Rural**, v.34, p.997-1003, 2004.
- OLIVEIRA, I. J.; ATROCH, A. L.; DIAS, M. C.; GUIMARÃES, L. J.; GUIMARÃES, P. E. O. Selection of corn cultivars for yield, stability, and adaptability in the state of Amazonas, Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.52, n.6, p.455-463, 2017a.
- OLIVEIRA, T. R. A.; CARVALHO, H. W. L.; COSTA, E. F. N.; CARVALHO FILHO, J. L. S. Correlation among adaptability and stability assessment models in maize cultivars. **Australian Journal of Crop Science**, v.11, p.516-521, 2017b.
- OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v.11, p.783-789, 2020.
- OYEKUNLE, M.; HARUNA, A.; BADU-APRAKU, B.; USMAN, I. S.; MANI, H.; ADO, S. G.; OLAOYE, G.; OBENG-ANTWI, K.; ABDULMALIK, R. O.; AHMED, H. O. Assessment of early-maturing maize hybrids and testing sites using GGE biplot analysis. **Crop Science**, v.57, p.2942-2950, 2017.
- PAES, M. C. D. **Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho**. Circular técnica 75. Embrapa. Sete Lagoas, MG, 6p. 2006.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Livraria Nobel, Ed. Nobel. 468p. 2000.

- PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, v.36, n.11, p.381-385, 1959.
- RESENDE, M. D. V. **Software Selegen – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 359p. 2007.
- REZENDE, W. S.; BEYENE, Y.; MUGO, S.; NDOU, E.; GOWDA, M.; SSERUMAGA, J. P.; ASEA, G.; NGOLINDA, I.; JUMBO, M.; OIKEH, S. O.; OLSEN, M.; BORÉM, A.; CRUZ, C. D.; PRASANNA, B. M. Performance and yield stability of maize hybrids in stress-prone environments in eastern Africa. **The Crop Journal**, v.8, p.107-118, 2020.
- SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. C. F.; SILVA, J. F.; ALVES, V. B. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. **Bragantia**, v.75, n.3, p.299-306, 2016.
- SANTOS, A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KUROSAWA, R. N. F.; GERHARDT, I. F. S.; FRITSCH NETO, R. GGE Biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. **Ciência e Agrotecnologia**, v.41, n.1, p.22-31, 2017.
- SANTOS, P. R.; OLIVEIRA, T. R. A.; SKEEN, P.; NASCIMENTO, M. R.; SILVA, K. D. C.; ARAÚJO, E. R.; PEREIRA, H. S.; COSTA, A. F. GGE Biplot and REML/BLUP based-analysis of yield stability and adaptability for common beans in multi-environment trials. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.14, n.2, p.1-8, 2019.
- SCAPIM, C. A.; OLIVEIRA, V. R.; CRUZ, C. D.; ANDRADE, C. A. D. B.; VIDIGAL, M. C. G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genetics and Molecular Biology**, v.23, p.387-393, 2000.
- SETIMELA, P. S.; VIVEK, B.; BÄNZIGER, M.; CROSSA, J.; MAIDENI, F. Evaluation of early to medium maturing open pollinated maize varieties in SADC region using GGE biplot based on the SREG model. **Field Crops Research**, v.103, p.161-169, 2007.
- SHIFERAW, B.; PRASANNA, B. M.; HELLIN, J.; BÄNZIGER, M. Crops that feed the world 6. Past successes and future challenges to the role played by maize in global food security. **Food Security**, v.3, p.307-327, 2011.
- SOUZA JR., C. L. **Seleção recorrente**. In: LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds). Melhoramento de milho. Viçosa - MG, p.73-101, 2018.
- SOUZA, J. C. **Cultivares**. In: LIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds). Melhoramento de milho. Viçosa - MG, p.295-306, 2018.
- SSERUMAGA, J. P.; OIKEH, S. O.; MUGO, S.; ASEA, G.; OTIM, M.; BEYENE, Y.; ABALO, G.; KIKAFUNDA, J. Genotype by environment interactions and agronomic performance of doubled haploids testcross maize (*Zea mays* L.) hybrids. **Euphytica**, v.207, n.2, p.353-365, 2016.
- SSERUMAGA, J. P.; BEYENE, Y.; PILLAY, K.; KULLAYA, A.; OIKEH, S. O.; MUGO, S.; MACHIDA, L.; NGOLINDA, I.; ASEA, G.; RINGO, J.; OTIM, M.; ABAL, G.; KIULA, B. Grain-

- yield stability among tropical maize hybrids derived from doubled-haploid inbred lines under random drought stress and optimum moisture conditions. **Crop and Pasture Science**, v.69, n.7, p.691-702, 2018.
- SUNOJ, V. S. J.; SHROYER, K. J.; JAGADISH, S. V. K.; PRASAD, P. V. V. Diurnal temperature amplitude alters physiological and growth response of maize (*Zea mays* L.) during the vegetative stage. **Environmental and Experimental Botany**, v.130, p.113-121, 2016.
- TAI, G. C. C. Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop science**, v.11, n.2, p.184-190, 1971.
- USDA - Departamento de Agricultura dos Estados Unidos**. World Agricultural Production, Global market analysis, 2020. Disponível: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em: 24 de maio de 2020.
- WANG, Y.; TAO, H.; ZHANG, P.; HOU, X.; SHENG, D.; TIAN, B.; WANG, P.; HUANG, S. Reduction in seed set upon exposure to high night temperature during flowering in maize. **Physiologia Plantarum**, v.169, n.1, p.73-82, 2020.
- WARD, J. H. J. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v.58, p.236-244, 1963.
- WEBER, V. S.; MELCHINGER, A. E.; MAGOROKOSHO, C.; MAKUMBI, D.; BÄNZIGER, M.; ATLIN, G. N. Efficiency of managed-stress screening of elite maize hybrids under drought and low nitrogen for yield under rainfed conditions in Southern Africa. **Crop Science**, v.52, n.3, p.1011-1020, 2012.
- WOLDE, L.; KENO, T.; TADESSE, B.; BOGALE, G.; ABEBE, B. Mega-environment targeting of maize varieties using Ammi and GGE bi-plot analysis in Ethiopia. **Ethiopian Journal of Agricultural Sciences**, v.28, n.2, p.65-84, 2018.
- WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Zeitschrift Für Pflanzenzüchtung**, v.52, n.1, p.127-138, 1965.
- WRIGHT, K.; LAFFONT, J. **gge: Genotype plus genotype-by-environment biplots**. R package, versão 1.3. 2017. Disponível: <<https://CRAN.R-project.org/package=gge>>. Acessado em: 01 de abril de 2020.
- YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE bi-plot. **Crop Science**, v.40, n.3, p.597-605, 2000.
- YAN, W.; HUNT, L. A. Genetic and environment causes of genotype by environment interaction for winter wheat yield in Ontario. **Crop Science**, v.41, p.19-25, 2001.
- YAN, W. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. **Agronomy Journal**, v.94, n.5, p.990-996, 2002.
- YAN, W. GGE biplot – a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy journal**, v.93, p.1111-1118, 2001.

- YAN, W.; TINKER, N. A. Bi-plot analysis of multi-environment trial data: Principles and application. **Canadian Journal of Plant Science**, v.86, n.3, p.623-645, 2006.
- YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop science**, v.47, n.2, p.643-653, 2007.
- ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH JR., H. G. Statistical analysis of yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.

**Tabela 1.** Descrição dos oito ambientes utilizados para avaliar os 196 híbridos e 55 populações de milho tropical

Local	Ambiente	Código do Ambiente	Safra	Condição ambiental
Local 1 - Sítio do Tanque – Leopoldina	I	LEO19	2018/19	Terras baixas
	II	LEO20	2019/20	Terras baixas
Local 2 - Estação Experimental de Coimbra	III	COBN19	2018/19	Baixo N
	IV	COBN20	2019/20	Baixo N
	V	COAN19	2018/19	Condições adequadas
	VI	COAN20	2019/20	Condições adequadas
Local 3 - Estação Experimental de Horta Nova	VII	HN19	2018/19	Condições adequadas
	VIII	HN20	2019/20	Condições adequadas

Baixo N, baixa disponibilidade de nitrogênio.

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) de 196 híbridos e 55 populações de milho avaliados em oito ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20

FV	GL	Quadrado Médio							
		LEO19	COBN19	COAN19	HN19	LEO20	COBN20	COAN20	HN20
Híbridos									
Repetição	1	45.880.775	48.056.508	4.381.455	114.131.070	1.276.661	4.103.054	9.290.333	26.147.273
Bloco/Repetição	26	1.500.358	4.386.957	5.952.123	8.160.840	2.763.236	2.703.905	2.400.838	4.471.704
Genótipo	195	2.937.968*	3.860.229*	4.248.073*	4.039.983*	7.563.334*	3.151.882*	5.660.500*	4.809.137*
Resíduo	164	762.544	1.863.372	1.222.484	1.142.953	3.749.598	1.314.500	1.780.207	2.636.306
CV (%)		13,56	28,88	13,20	12,58	23,00	19,82	14,10	19,21
H <sup>2</sup>		0,74	0,52	0,71	0,72	0,50	0,58	0,69	0,45
Mínimo		4.140,46	1.367,55	3.630,47	1.099,91	2.767,53	2.666,08	4.620,33	3.640,00
Média		6.441,62	4.726,94	8.373,76	8.498,36	8.420,19	5.785,37	9.463,36	8.453,37
Máximo		10.132,56	8.479,15	12.847,08	12.348,67	14.310,56	9.507,03	14.564,89	12.640,35
Populações									
Repetição	2	4.690	0,004	0,094	65.120	0,037	57.240	0,003	25.672
Bloco/Repetição	30	345.478	334.859	524.892	150.065	5.540	380.508	0,001	15.206
Genótipo	54	1.729.382*	1.247.044*	2.254.448*	883.256 <sup>ns</sup>	3.799.050*	1.468.489*	2.679.759*	1.683.234*
Resíduo	78	422.359	447.341	817.412	901.103	985.242	710.238	1.177.592	686780
CV (%)		11,22	12,78	13,53	15,41	16,34	16,34	12,91	22,76
H <sup>2</sup>		0,76	0,64	0,56	0,00	0,74	0,52	0,56	0,59
Mínimo		3.553,60	3.427,51	3.963,72	4.805,48	3.446,54	3.476,08	6.218,25	5.238,29
Média		5.791,47	5.234,14	6.682,08	6.159,75	6.076,40	5.158,69	8.408,52	7.046,55
Máximo		7.906,14	6.914,39	8.443,09	7.778,23	9.065,46	6.559,46	10.739,27	8.664,97

\*, significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. <sup>ns</sup>, não significativo. CV, coeficiente de variação. H<sup>2</sup>, coeficiente de determinação genotípico.

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) de 196 híbridos e 55 populações de milho avaliados em oito ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20

FV	Híbridos		Populações	
	GL	QM	GL	QM
Rep./Amb.	8	32.282.854	16	2.041.259
Genótipo (G)	195	14.374.988*	54	7.699.284*
Ambiente (A)	7	1.056.344.941*	7	186.521.250*
G×A	1356	3.074.341*	378	1.296.002*
Resíduo	1525	2.109.462	864	984.154
QMRmaior/QMRmenor		4,92		2,79
CV (%)		19,28		15,70
H <sup>2</sup>		0,80		0,84
Mínimo		4.873,29		4.617,51
Média		7.531,86		6.319,70
Máximo		10.262,25		7.532,69

\*, significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. CV, coeficiente de variação. H<sup>2</sup>, coeficiente de determinação genotípico.

**Tabela 4.** Estimativas das correlações genéticas para produtividade de grãos de 196 híbridos, acima da diagonal, e 55 populações de milho, abaixo da diagonal, avaliados em oito e sete ambientes, respectivamente. Safras 2018/19 e 2019/20

	LEO19	COBN19	COAN19	HN19	LEO20	COBN20	COAN20	HN20
LEO19		0,453	0,561	0,380	0,777	0,356	0,489	0,764
COBN19	0,923		0,550	0,281	0,343	0,579	0,144	0,395
COAN19	0,890	0,916		0,479	0,616	0,440	0,521	0,589
HN19	-	-	-		0,494	0,347	0,490	0,606
LEO20	0,633	0,484	0,904	-		0,655	0,728	0,806
COBN20	0,581	0,546	0,875	-	0,612		0,678	0,866
COAN20	0,809	0,816	0,817	-	0,816	0,876		0,870
HN20	0,819	0,802	0,867	-	0,799	0,896	0,999	

Correlação de Cooper et al. (1996).

**Tabela 5.** Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade segundo método proposto por Eberhart e Russell (1966) para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) de 196 híbridos de milho, avaliados em oito ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20

Híbrido	Código	Média ( $\beta_{0i}$ )	$\beta_{1i}$	$\sigma_{di}^2$	R <sup>2</sup> <sub>i</sub> (%)
Híbridos com maior média adaptados a ambientes favoráveis					
BM709PRO2	H4	10.262	1,92**	-633.395 <sup>ns</sup>	96,15
VML083/VML165	H147	9.944	1,85**	674.315 <sup>ns</sup>	86,01
VML083/VML084	H139	9.015	1,66**	1.883.948 <sup>+</sup>	74,81
VML083/VML095	H141	8.950	1,50*	-484.176 <sup>ns</sup>	92,03
30F53VYH	H1	8.485	1,81**	680.676 <sup>ns</sup>	85,43
Híbridos com maior média adaptados a ambientes desfavoráveis					
VML084/VML165	H153	8.876	0,32**	2.254.963 <sup>++</sup>	8,76
VML016/VML024	H26	8.740	0,46*	865.155 <sup>ns</sup>	26,04
VML016/VML158	H38	7.726	0,52*	-703.176 <sup>ns</sup>	68,55
VML003/VML144	H20	7.527	0,49*	1.216.886 <sup>ns</sup>	24,96
VML024/VML090	H80	7.242	0,50*	19.715 <sup>ns</sup>	42,09
Híbridos não estáveis com maior média					
VML083/VML124	H144	10.009	0,84 <sup>ns</sup>	1.441.846 <sup>+</sup>	46,82
VML016/VML124	H36	9.763	1,33 <sup>ns</sup>	1.595.731 <sup>+</sup>	67,81
VML144/VML165	H186	9.143	1,00 <sup>ns</sup>	2.039.413 <sup>+</sup>	50,28
VML083/VML084	H139	9.015	1,66**	1.883.948 <sup>+</sup>	74,81
VML084/VML165	H153	8.876	0,32**	2.254.963 <sup>++</sup>	8,76
Híbridos com maior média e ampla adaptabilidade e estabilidade					
VML083/VML090	H140	9.435	0,63 <sup>ns</sup>	-30.638 <sup>ns</sup>	54,41
DKB390PRO3	H6	9.357	1,39 <sup>ns</sup>	294.787 <sup>ns</sup>	81,68
VML124/VML165	H183	9.222	1,19 <sup>ns</sup>	336.699 <sup>ns</sup>	75,79
VML003/VML016	H7	9.218	1,29 <sup>ns</sup>	-684.860 <sup>ns</sup>	92,66
VML024/VML083	H78	9.076	1,16 <sup>ns</sup>	447.498 <sup>ns</sup>	73,69
VML016/VML090	H32	9.073	1,11 <sup>ns</sup>	948.051 <sup>ns</sup>	65,72
VML084/VML124	H152	9.022	1,17 <sup>ns</sup>	298.655 <sup>ns</sup>	75,82
VML016/VML022	H25	8.986	1,29 <sup>ns</sup>	404.719 <sup>ns</sup>	78,01
VML017/VML124	H53	8.925	0,98 <sup>ns</sup>	454.462 <sup>ns</sup>	66,31
VML022/VML144	H70	8.889	0,95 <sup>ns</sup>	673.983 <sup>ns</sup>	62,15

<sup>ns</sup>, não significativo. \*\* e \*, significativamente diferente de 1, pelo teste t, a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente. ++ e +, significativamente diferente de 0, pelo teste F, a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente.

**Tabela 6.** Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade segundo método proposto por Eberhart e Russell (1966) para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) em 55 populações de milho, avaliados em sete ambientes. Safras 2018/19 e 2019/20

População	Cód.	Média ( $\beta_{0i}$ )	$\beta_{1i}$	$\sigma_{di}^2$	$R^2_i$ (%)
Populações com maior média adaptados a ambientes favoráveis					
UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1	P36	6.971	1,52*	-177.450 <sup>ns</sup>	96,04
BR105/IPR164	P18	6.483	1,42*	229.534 <sup>ns</sup>	85,02
Populações com maior média adaptados a ambientes desfavoráveis					
IPR164/ENCAPER203	P55	6.653	0,58*	307.577 <sup>ns</sup>	45,26
UFVM100(HS)C1/ALAVARÉ	P38	6.151	0,55*	-72.503 <sup>ns</sup>	65,52
Populações não estáveis com maior média					
UFVM100(HS)C1/IPR164	P39	7.190	1,26 <sup>ns</sup>	1.493.843 <sup>++</sup>	57,81
UFVM100/ALAVARÉ	P32	7.075	0,76 <sup>ns</sup>	649.448 <sup>+</sup>	47,98
IPR164	P6	6.522	1,17 <sup>ns</sup>	435.199 <sup>+</sup>	73,78
UFVM200/ENCAPER203	P45	6.518	0,97 <sup>ns</sup>	454.447 <sup>+</sup>	65,53
UFVM200/UFVM200(HS)C1	P41	6.273	0,99 <sup>ns</sup>	453.469 <sup>+</sup>	66,42
Populações com maior média e ampla adaptabilidade e estabilidade					
UFVM200/ALAVARÉ	P43	7.778	1,12 <sup>ns</sup>	284.317 <sup>ns</sup>	76,46
ALAVARÉ/IPR164	P53	7.406	0,77 <sup>ns</sup>	138.490 <sup>ns</sup>	66,70
UFVM200(HS)C1/ALAVARÉ	P47	7.200	1,17 <sup>ns</sup>	8.813 <sup>ns</sup>	86,52
BRSOLDAMANHÃ/ALAVARÉ	P50	7.106	1,12 <sup>ns</sup>	-207.438 <sup>ns</sup>	94,26
BR106/UFVM200	P22	7.087	1,06 <sup>ns</sup>	201.091 <sup>ns</sup>	77,01
BR106/IPR164	P26	6.894	0,79 <sup>ns</sup>	-107.180 <sup>ns</sup>	81,54
BR105/UFVM200	P14	6.862	1,38 <sup>ns</sup>	137.412 <sup>ns</sup>	86,65
UFVM200(HS)C1/IPR164	P48	6.835	1,11 <sup>ns</sup>	-81.988 <sup>ns</sup>	88,73
UFVM200(HS)C1	P10	6.773	1,11 <sup>ns</sup>	-256.461 <sup>ns</sup>	96,50
UFVM200/IPR164	P44	6.751	0,77 <sup>ns</sup>	-233.664 <sup>ns</sup>	90,96

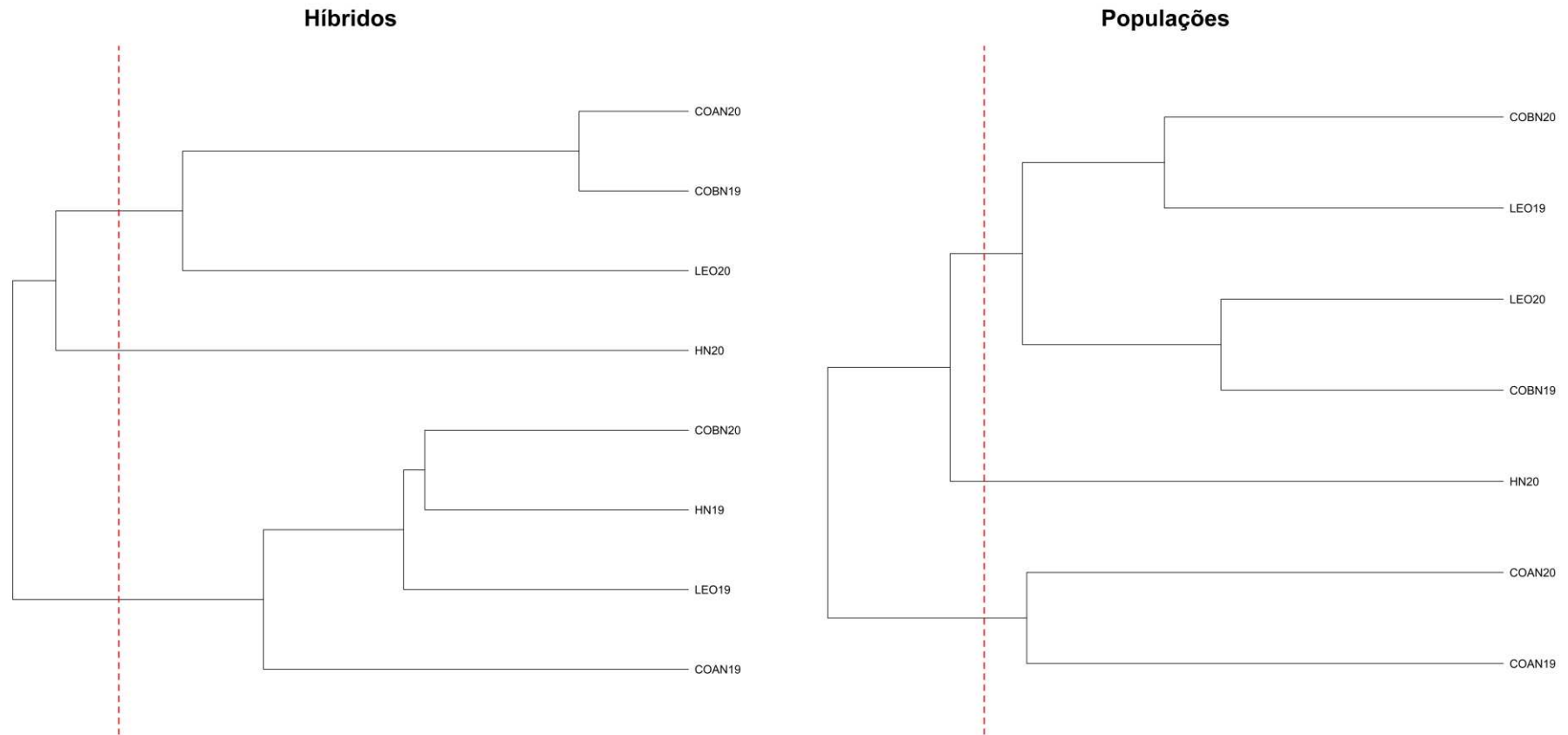
<sup>ns</sup>, não significativo. \*, significativamente diferente de 1, pelo teste t, a 5% de probabilidade. ++, +, significativamente diferente de 0, pelo teste F, a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente.

**Tabela 7.** Estimativas dos componentes de variância para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) de 196 híbridos e 55 populações de milho nos ambientes favoráveis e desfavoráveis, obtidos por meio da metodologia REML/BLUP

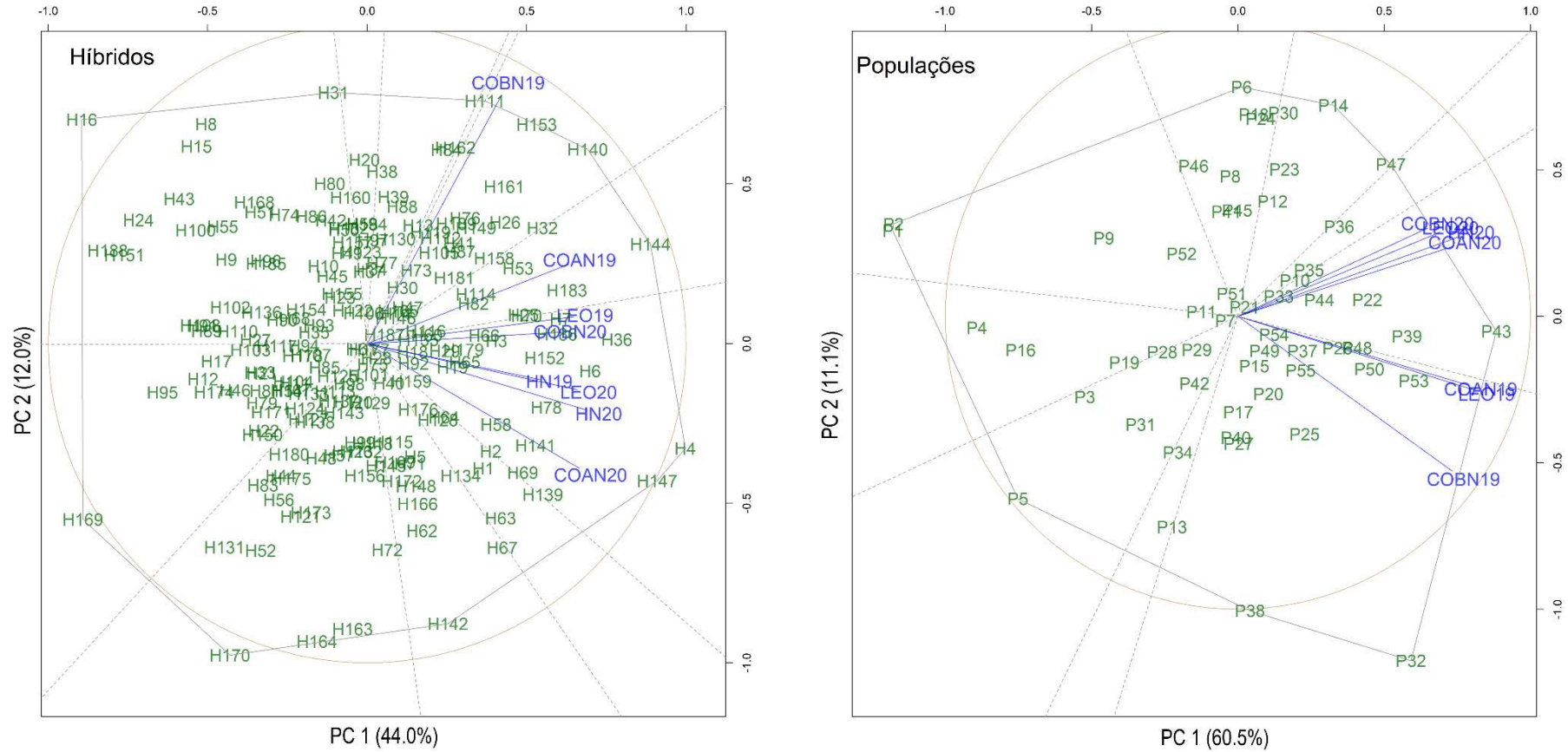
Parâmetros	Estimativas	
	Ambientes favoráveis	Ambientes desfavoráveis
	Híbridos	
$\hat{\sigma}_p^2$	3.931.015	2.444.065
$\hat{\sigma}_g^2$	1.013.299	449.335
$\hat{\sigma}_{g \times a}^2$	497.845	486.141
$\hat{\sigma}^2$	2.060.566	1.287.292
$h_{mg}^2$	0,77	0,54
Acurácia	0,88	0,74
$r_{ga}$	0,19	0,27
CV <sub>r</sub> (%)	16,60	20,10
Média Geral (kg ha <sup>-1</sup> )	8.644,02	5.635,46
	Populações	
$\hat{\sigma}_p^2$	1.470.000	1.415.462
$\hat{\sigma}_g^2$	397.662	339.258
$\hat{\sigma}_{g \times a}^2$	847	154.904
$\hat{\sigma}^2$	957.677	629.201
$h_{mg}^2$	0,79	0,79
Acurácia	0,89	0,89
$r_{ga}$	0,0008	0,20
CV <sub>r</sub> (%)	13,30	14,30
Média Geral (kg ha <sup>-1</sup> )	7.379,05	5.565,17

$\hat{\sigma}_p^2$  = Variância fenotípica;  $\hat{\sigma}_g^2$  = variância genotípica;  $\hat{\sigma}_{g \times a}^2$  = variância da interação genotípicos × ambientes;  $\hat{\sigma}^2$  = variância residual;  $h_{mg}^2$  = herdabilidade da média genotípica;  $r_{ga}$  = correlação entre valores genotípicos entre ambientes; CV<sub>r</sub> = coeficiente de variação residual.

**Figura 1.** Agrupamento dos ambientes com base nas correlações genéticas entre oito e sete ambientes para híbridos e populações de milho, respectivamente.

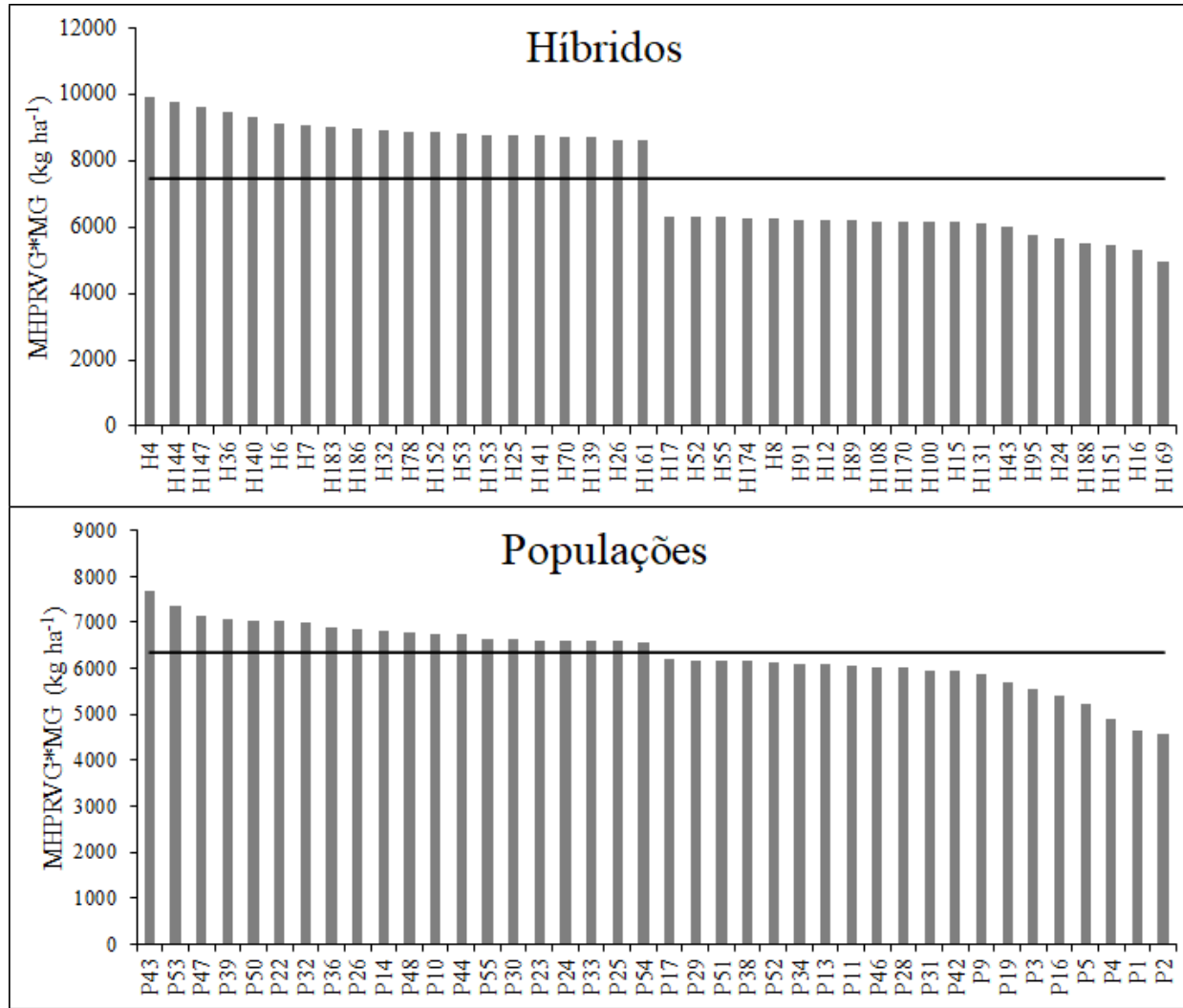


**Figura 2.** Polígono do GGE biplot com base em escala simétrica, com a previsão de 'which-won-where' e discriminação e representatividade dos ambientes para produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>) de 196 híbridos e 55 populações de milho avaliados em oito e sete ambientes, respectivamente. Safras 2018/19 e 2019/20





**Figura 4.** Adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos de MHPRVG\*MG para os 20 superiores e inferiores híbridos e populações de milho, com relação ao desempenho avaliado em oito e sete ambientes, respectivamente. Safras 2018/19 e 2019/20



**Figura 5.** Diagrama de dispersão de MHPRVG\*MG para produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 196 híbridos e 55 populações de milho nos ambientes favoráveis e desfavoráveis. I-mínima adaptabilidade e estabilidade; II-adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes favoráveis; III-adaptabilidade e estabilidade geral; e IV-adaptabilidade e estabilidade específica a ambientes desfavoráveis

