

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

HELBER MOREIRA DOS REIS

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS x AMBIENTES E DESEMPENHO PRODUTIVO DE
HÍBRIDOS TRIPLOS DE MILHO EM AMBIENTES TROPICAIS DO BRASIL**

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2023**

HELBER MOREIRA DOS REIS

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS x AMBIENTES E DESEMPENHO PRODUTIVO DE
HÍBRIDOS TRIPLOS DE MILHO EM AMBIENTES TROPICAIS DO BRASIL**

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

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2023**

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

T

R375i 2023

Reis, Helber Moreira dos, 1992-

Interação genótipos x ambientes e desempenho produtivo de híbridos triplos de milho em ambientes tropicais do Brasil / Helber Moreira dos Reis. – Viçosa, MG, 2023.

1 dissertação eletrônica (44 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndice.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Agronomia, 2023.

Referências bibliográficas: f. 29-37.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2023.629> Modo de acesso: World Wide Web.

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Interação genótipo-ambiente. 3. Produtividade agrícola. I. Lima, Rodrigo Oliveira de, 1982-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 631.52

Bibliotecário(a) responsável: Euzébio Luiz Pinto CRB-6/3317


HELBER MOREIRA DOS REIS

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS x AMBIENTES E DESEMPENHO PRODUTIVO DE
HÍBRIDOS TRIPLOS DE MILHO EM AMBIENTES TROPICAIS DO BRASIL**


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

APROVADA: 13 de julho de 2023.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 **HELBER MOREIRA DOS REIS**
Data: 10/10/2023 19:00:23-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Helber Moreira dos Reis
Autor

Documento assinado digitalmente
 **RODRIGO OLIVEIRA DE LIMA**
Data: 10/10/2023 17:56:01-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Rodrigo Oliveira de Lima
Orientador

AGRADECIMENTOS

A Deus, por manter minha fé e guiar as minhas escolhas.

Aos meus pais, Rita e Ilmar, pelo amor incondicional, por todo apoio e incentivo. Às minhas irmãs, Sendy e Sâmya, pelos conselhos e amizade. A Aline, que sempre esteve ao meu lado, pela compreensão e companheirismo. A todos os familiares e amigos, agradeço pelas orações e torcida. Sem vocês eu não chegaria até aqui.

A Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós Graduação em Fitotecnia pela grande contribuição na minha formação profissional e pessoal.

Ao meu orientador, Prof. Rodrigo Oliveira de Lima, pelas oportunidades e ensinamentos, por toda paciência, dedicação e amizade.

Aos professores, Kaio Olímpio e Flaviane Ribeiro, e ao pesquisador Hércio Duarte pela participação na banca e sugestões para o trabalho.

Aos funcionários do vale da agronomia e das unidades de experimentação de Coimbra e da Horta Nova por todo suporte durante a condução dos experimentos.

A toda equipe do Programa Milho - UFV, pela oportunidade de aprendizagem, troca de experiências, apoio, amizade e auxílio durante a execução do projeto. Ao doutorando Alison Uberti por toda ajuda, disponibilidade e colaboração com o trabalho. Ao Luiz Luz e ao Wemerson Resende pela contribuição durante a condução dos experimentos. A união desse time é o que traz vitórias e sucesso. Aos amigos que estiveram comigo nessa jornada, pela força e amizade.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Muito obrigado!

BIOGRAFIA

Helber Moreira dos Reis, filho de Rita de Cássia Moreira e Aquino Bernardino Reis (*in memoriam*), nasceu em Viçosa – MG, em 31 de janeiro de 1992.

Ingressou na Universidade Federal de Viçosa em 2015, onde se graduou em Agronomia, obtendo o título em 2021.

Em 2021 iniciou o Mestrado no Programa de Pós Graduação em Fitotecnia na mesma instituição, submetendo-se à defesa em junho de 2023.

RESUMO

REIS, Helber Moreira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2023. **Interação genótipos x ambientes e desempenho produtivo de híbridos triplos de milho em ambientes tropicais do Brasil.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

A seleção de cultivares de milho estáveis e adaptados às diversas condições de cultivo são muito importantes para maximizar a produtividade de grãos. Entretanto, a seleção de cultivares com ampla adaptação aos ambientes de cultivo é dificultada pela interação genótipos \times ambientes (G \times A) e, conseqüentemente, a identificação de cultivares adequados aos diversos ambientes de cultivo requer avaliação desses em múltiplos ambientes. Os híbridos triplos de milho apresentam uma base genética mais larga que os híbridos simples e, assim, podem ser uma excelente opção para ambientes com alguma limitação. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho produtivo e a interação G \times A de híbridos triplos de milho desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Viçosa em ambientes tropicais do Brasil. Para isso, 160 híbridos triplos de milho e cinco híbridos comerciais, utilizados como testemunhas, foram avaliados em oito ambientes tropicais no Brasil. Foi utilizado o delineamento em blocos incompletos (alfa látice 15x11) com duas repetições. Cada parcela foi composta de duas linhas de quatro metros espaçadas em 0,8 metros. Os caracteres avaliados foram o número de dias até o florescimento masculino e feminino, altura da planta, altura de inserção da espiga e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos às análises de variâncias individuais e conjunta. Posteriormente, foram realizadas estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade produtiva dos híbridos através dos métodos *Genotype Main Effects Plus Genotype Environment Interaction* (GGE biplot) e Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG). Observou-se diferença significativa ($P < 0,01$) para os genótipos (G), ambientes (A) e para o efeito da interação G \times A para todos os caracteres avaliados. Com base no método GGE biplot identificou-se quatro mega-ambientes, e os híbridos HT143 (94V3138), HT22 (94V3017), HT116 (94V3111) e as testemunhas C02 (B2433PWU) e C04 (BM709PRO2) como os mais adaptados a esses ambientes. Além desses híbridos, verificou-se ainda, com base no método MHPRVG, os híbridos HT23 (94V3018) e HT31 (94V3026) com ampla estabilidade nos ambientes avaliados. Conclui-se que há híbridos triplos com potencial agrônomo para serem cultivados em ambientes tropicais do Brasil.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Adaptabilidade e estabilidade. GGE biplot.

ABSTRACT

REIS, Helber Moreira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2023. **G x E and yield performance of three way cross maize hybrids in tropical environments of Brazil.** Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

The selection of stable and adapted maize cultivars to various growing conditions is crucial to maximize grain productivity. However, the selection of cultivars with broad adaptation to growing environments is hindered by genotype x environment (G x E) interaction, and therefore, identifying suitable cultivars for various growing environments requires evaluating them in multiple environments. Three way cross maize hybrids have a broader genetic base than simple hybrids and thus can be an excellent option for environments with some productivity limitations. Thus, the aim of this study was to evaluate the productive performance and G x E interaction of three way cross maize hybrids developed by the genetic improvement program of the Federal University of Viçosa in tropical environments of Brazil. For this purpose, 160 three way cross maize hybrids and five commercial hybrids used as checks were evaluated in eight tropical environments in Brazil. The incomplete block design (alpha lattice 15x11) with two replications was used. Each plot consisted of two rows of four meters spaced 0.8 meters apart. The evaluated traits were the number of days until male and female flowering, plant height, ear insertion height, and grain yield. The data were subjected to individual and joint variance analyses. Subsequently, the parameters of adaptability and productive stability of hybrids were estimated using the Genotype Main Effects Plus Genotype Environment Interaction (GGE biplot) and Harmonic Mean of Relative Performance of Genetic Values (HMRPGV) methods. Significant differences ($P < 0.01$) were observed for genotypes (G), environments (E), and for the effect of G x E interaction for all evaluated traits. Based on the GGE biplot method, four mega-environments were identified, and hybrids HT143 (94V3138), HT22 (94V3017), HT116 (94V3111), and checks C02 (B2433PWU) and C04 (BM709PRO2) were identified as the most adapted to these environments. In addition to these hybrids, the HT23 (94V3018) and HT31 (94V3026) hybrids were found to have broad stability in the evaluated environments based on the HMRPGV method. It is concluded that there are triple hybrids with agronomic potential to be grown in tropical environments of Brazil and evaluated in future Crop Value and Use trials.

Keywords: *Zea mays* L. Adaptability and stability. GGE biplot.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	8
2. REVISÃO DE LITERATURA	10
2.1. A cultura do milho	10
2.2. Cultivares de milho.....	11
2.3. Ambientes contrastantes de plantio	12
2.4. Interação genótipos x ambientes.....	13
2.5. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade.....	14
2.5.1. Método GGE biplot.....	15
2.5.2. Método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG).....	17
3. OBJETIVOS.....	18
3.1. Objetivo geral	18
3.2. Objetivos específicos	18
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	18
4.1. Material genético	18
4.2. Execução experimental	18
4.3. Caracteres avaliados	19
4.4. Análises genético-estatísticas	20
4.4.1. Análise de Variância (ANOVA)	20
4.4.2. Componente quadrático e coeficiente de determinação genotípico.....	21
4.4.3. Adaptabilidade e estabilidade dos genótipos	21
5. RESULTADOS	23
5.1. Amplitude, médias e Análise de Variância (ANOVA).....	23
5.2. Análise de adaptabilidade e estabilidade	24
5.2.1. Método GGE biplot.....	24
5.2.2. Método MHPRVG	26
6. DISCUSSÃO.....	27
7. CONCLUSÃO.....	29
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays L.*) é um cereal muito versátil e com facilidade de adaptação aos mais diversos ambientes. Assim, ele está entre os cereais de maior importância econômica, social e cultural (MÔRO e FRISTSCHÉ-NETO, 2017). De acordo com o relatório da FAO (Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura) de 2022, o milho continua sendo uma das culturas mais amplamente cultivadas e importantes do mundo em termos de área de cultivo, produção e rendimento de grãos. Na safra 2022/23, foram produzidas 1,22 bilhões de toneladas de grãos de milho no mundo (USDA, 2022). Os Estados Unidos (382,9 milhões de toneladas), China (272,6 milhões de toneladas) e o Brasil (127,22 milhões de toneladas) são os três maiores produtores mundiais e tem contribuído anualmente com aproximadamente 70% da produção mundial (USDA, 2022). A produção brasileira do cereal apresentou um acréscimo de 11,2% na safra 2022/23 em comparação à safra anterior devido, principalmente, ao aumento de 3,5% na área plantada e de 7,5% na produtividade do setor (CONAB, 2022). No Brasil, a primeira safra de milho é semeada entre os meses de setembro e dezembro, com colheita prevista para os meses de janeiro a maio (CONAB, 2022). Já a segunda safra de milho é semeada logo após a colheita da soja, entre os meses de fevereiro e março, com colheita prevista entre os meses de junho e agosto (CONAB, 2022). A segunda safra corresponde a aproximadamente 86 milhões de toneladas (77%) da produção total de milho no Brasil (CONAB, 2022), evidenciando a relevância dessa safra para a produção total de milho no país. O aumento na produtividade de grãos pode ser obtido através da escolha da cultivar com elevado potencial genético, que é o ponto chave para o sucesso de uma lavoura de milho (CRUZ et al., 2012). Para o cultivo de milho, são utilizados dois tipos de cultivares: os híbridos e as variedades de polinização aberta (VPAs). De acordo com Souza (2018), os híbridos são caracterizados por apresentarem uma base genética mais reduzida, uma vez que são resultantes do cruzamento entre linhagens endogâmicas. Eles podem ser classificados em híbridos simples, triplos ou duplos, de acordo com o número de genitores utilizados no cruzamento. Além disso, os híbridos exibem maior potencial produtivo, apresentam maior adaptabilidade a ambientes favoráveis e são mais responsivos aos fatores ambientais. Em relação aos híbridos triplos, resultado do cruzamento de um híbrido simples e uma linhagem, apresentam menor custo de produção que os híbridos simples, são bastante uniformes e seu potencial produtivo é intermediário entre os híbridos simples e duplos. Portanto, são recomendados para serem utilizados em sistemas de produção que utilizam de média a alta tecnologia. Em contrapartida, as VPAs apresentam base genética mais ampla e,

consequentemente, são muito heterogêneas. Além disso, elas tendem a apresentar maior estabilidade dos que os híbridos, quando semeadas em vários ambientes.

Devido à vasta extensão territorial, o Brasil apresenta uma ampla diversidade climática, variações significativas na fertilidade do solo, disponibilidade hídrica desigual entre as regiões, bem como desigualdades nos sistemas de produção e níveis tecnológicos. Essa enorme variedade de ambientes de cultivo resulta em diferenças na produtividade de grãos entre as regiões produtoras de milho e dificulta a recomendação de cultivares (COELHO et al., 2004; DURÃES, 2006; CRUZ et al., 2012; MALDANER et al., 2014). Entre os principais fatores limitantes para o desenvolvimento da cultura do milho e a obtenção de altas produtividades no Brasil, destacam-se: baixa fertilidade dos solos, que exige uso intensivo de fertilizantes, principalmente nitrogenados; variações na temperatura, que podem afetar fisiologicamente a planta, como nas trocas gasosas e condutância estomática (BRITO et al., 2013; GUIMARÃES et al., 2014); além do baixo volume de precipitação em algumas regiões, podendo resultar em perdas de até 58% na produção de grãos (BATTISTI et al., 2012). Segundo Silva et al. (2021), a escassez de água pode causar perdas significativas na produção de milho, principalmente em regiões com baixo volume de precipitação, com impactos negativos na economia e na segurança alimentar. Portanto, uma alternativa para aumentar a produtividade de grãos é o uso de híbridos mais responsivos, eficientes na utilização de N e adaptáveis a essas condições.

Consequentemente, os programas de melhoramento genético do milho estão adotando estratégias para oferecer cultivares com alta produtividade, estabilidade de produção, eficientes no uso de nitrogênio (N) e com adaptabilidade em diversos ambientes (SOUZA, 2018). Essas estratégias incluem: i) estudos de herança de características relacionadas à eficiência; ii) triagem de germoplasma; iii) desenvolvimento de linhagens e híbridos eficientes, especialmente em condições de estresse; e iv) avaliação de genótipos em ambientes contrastantes. Dessa forma, há uma maior possibilidade de selecionar genótipos de milho com alto potencial produtivo, eficiência no uso de N e adaptação às condições ambientais tropicais.

Com o objetivo de auxiliar os produtores rurais na escolha adequada do híbrido de milho, os programas de melhoramento genético têm procurado identificar cultivares com melhor desempenho, ampla adaptabilidade e estabilidade de produção, além de adaptabilidade específica a cada região. Para isso, os híbridos são avaliados em condições que representam a região onde serão recomendados (CARDOSO et al., 2010; FARIA, 2017). Entretanto, muitos programas de melhoramento genético são conduzidos em condições de cultivo ideais, onde há

disponibilidade de água e nutrientes, o que reduz as possibilidades de seleção de genótipos mais eficientes em condições ambientais desfavoráveis e adaptados às condições edafoclimáticas do Brasil. Diante disso, o presente estudo propõe a avaliação de híbridos triplos de milho em diferentes ambientes tropicais do país.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura do milho

O milho (*Zea mays L.*) é um dos cereais mais importantes em todo o mundo devido à sua versatilidade de uso e características nutricionais. Os grãos são compostos principalmente por carboidratos, fibras e proteínas, sendo considerado um alimento altamente energético e muito utilizado na alimentação humana e animal (PAES, 2008). Além disso, o milho está presente nas indústrias de alta tecnologia, utilizado como fonte de matéria prima na fabricação de inúmeros produtos, como na produção de embalagens biodegradáveis, elementos espessantes e colantes, bem como na produção de etanol (MÔRO e FRISTSCHÉ-NETO, 2017; DUARTE et al., 2004). Para o ano de 2022, foram destinadas cerca de 11 milhões de toneladas de milho para fabricação de etanol no Brasil, o que gerou uma produção total de 4,2 bilhões de litros de etanol. Estima-se que até 2028 a produção de etanol a partir do milho alcance oito bilhões de litros, o que responderá por 20% de toda produção de etanol no país (HENRIQUE et al., 2020).

Durante a dispersão e domesticação da cultura pelo continente americano, o milho sofreu inúmeras modificações adaptativas que favoreceram o seu cultivo em muitas regiões do mundo (TEIXEIRA e TRINDADE, 2021). Em decorrência deste vasto cultivo, a produção mundial de milho atingiu 1,21 bilhões de toneladas na safra 2021/22 (USDA, 2022). O Brasil ocupa o terceiro lugar na produção mundial, com 113,13 milhões de toneladas, atrás dos Estados Unidos da América (EUA), com 382,9 milhões de toneladas e da China, com 272,6 milhões de toneladas (USDA, 2022).

O milho é cultivado em grande parte do território brasileiro, mas a produção de milho do Brasil está concentrada, principalmente, nas regiões Centro-Oeste (64,2 milhões de toneladas), Sul (21,5 milhões de toneladas) e Sudeste (12,1 milhões de toneladas; CONAB, 2022). Devido à sua vasta extensão territorial, o país apresenta condições edafoclimáticas muito contrastantes. Além disso, os diferentes sistemas de produção, níveis tecnológicos e vários outros fatores influenciam a produção de milho no Brasil, fazendo com que haja essa divergência entre as regiões produtoras (COELHO et al., 2004; MALDANER et al., 2014).

2.2. Cultivares de milho

Cultivar é o termo utilizado para descrever um conjunto de indivíduos pertencentes à mesma espécie vegetal, os quais apresentam características distintas, homogeneidade e estabilidade. Quando se trata de escolher a cultivar ideal para uma lavoura de milho, é importante considerar fatores como o potencial de produção, a adaptabilidade e estabilidade ao sistema de cultivo (SOUZA, 2018). Existem dois tipos de cultivares de milho: híbridos e variedades de polinização aberta (VPAs).

Os híbridos são obtidos por meio do cruzamento entre linhagens endogâmicas contrastantes que pertencem a grupos heteróticos diferentes, a fim de explorar a heterose (BORÉM e MIRANDA, 2017). Eles são os cultivares mais comumente utilizados para plantio de milho, devido à exploração da heterose e, conseqüentemente, ao aumento do vigor. De acordo com Souza (2018), os cultivares híbridos possuem uma base genética mais restrita devido ao cruzamento de duas, três ou até quatro linhagens endogâmicas. Esses cruzamentos resultam nos híbridos simples, triplos e duplos, que diferem principalmente devido ao aumento da variabilidade genética, resultante do uso de mais linhagens como genitores.

As VPAs, por sua vez, são formadas por polinização livre ou acasalamento aleatório de um grupo de indivíduos selecionados e são cultivadas predominantemente por agricultores de baixo nível tecnologia. Na perspectiva genética, as VPAs são cultivares que mantêm o equilíbrio de Hardy-Weinberg, ou seja, na ausência de seleção, mutação e migração, as frequências gênicas e genotípicas permanecem constantes ao longo das gerações (BORÉM e MIRANDA, 2017). Isso permite o reuso das sementes, sem redução no potencial produtivo, o que resulta em uma redução significativa nos custos de produção em relação ao uso de híbridos (SOUZA JUNIOR, 2001). Além disso, as VPAs apresentam alta variabilidade genética, que lhes confere a capacidade de contornar situações de estresse biótico e abiótico (LÓPEZ-CASTILLO et al., 2018).

Segundo Faria et al. (2017), os híbridos triplos de milho, que apresentam base genética mais ampla, tendem a ser mais adaptados às condições desfavoráveis de cultivo. Devido à sua estrutura genética, os híbridos triplos de milho apresentam maior estabilidade biológica. Entretanto, seu desempenho produtivo pode ser inferior ao dos híbridos simples, dependendo das condições ambientais (ALLARD E BRADSHAW, 1964). Os híbridos triplos têm maior heterogeneidade e homeostase populacional do que os híbridos simples, tornando-os mais adaptados às condições de estresse.

2.3. Ambientes contrastantes de plantio

Uma vez que há diversas regiões produtoras de milho no Brasil e que essa produção é caracterizada pela divisão em duas épocas de plantio, a compreensão das exigências edafoclimáticas durante o desenvolvimento da cultura é crucial para a obtenção de altas produtividades. Nesse contexto, torna-se necessário que os fatores abióticos, como disponibilidade de água, luz e nutrientes (PENARIOL et al., 2003; CRUZ et al., 2010; PORTO et al., 2011) e fatores bióticos, como a incidência de pragas e doenças (BISON et al., 2003; OLIVEIRA et al., 2010; COSTA et al., 2012a), não sejam limitantes para o cultivo do milho.

A compreensão dos elementos que exercem influência no crescimento da cultura do milho na segunda safra é crucial para se obter altas produtividades. Entre esses fatores, destaca-se o estresse provocado pela redução da disponibilidade hídrica e diminuição da radiação solar (FANCELLI et al., 2015; GALVÃO et al., 2015). A água é fundamental para diversos processos fisiológicos da planta, incluindo a fotossíntese, pois age como substrato para as reações iniciais da fotólise, liberando o poder redutor necessário para a fixação do gás carbônico durante o ciclo de Calvin (TAIZ e ZEIGER, 2015). Em condições de estresse hídrico, ocorre uma redução significativa na capacidade da conversão de energia luminosa em biomassa, bem como uma diminuição na condutância estomática, inibindo as reações fotossintéticas e reduzindo a produtividade de grãos (BENESOVÁ et al., 2012; SHAHBANDARI, M. et al., 2021). Estudos mostram que longos períodos de estiagem em estádios fenológicos críticos da planta de milho podem levar a perdas superiores a 70% no rendimento de grãos (BERGAMASCHI et al., 2004). Em áreas propensas à seca no nordeste da Nigéria, Izge et al. (2011) avaliaram 20 híbridos triplos de milho e concluíram que três deles apresentaram elevada produtividade de grãos associada a um alto potencial genético para maturidade precoce, indicando que esses híbridos possuem genes que conferem resistência à seca. Além disso, os resultados confirmaram que o estresse hídrico nos estádios iniciais do desenvolvimento da cultura acarreta maiores perdas de produtividade de grãos.

De maneira semelhante, a temperatura e a radiação solar são parâmetros cruciais para o desenvolvimento do milho, uma vez que eles afetam diretamente os processos metabólicos da cultura (JONG et al., 1982; SUNOJ et al., 2016). Temperaturas extremas, abaixo de 10°C ou acima de 30°C, mantidas por longos períodos, restringem o crescimento vegetativo, reduzem a taxa fotossintética e prejudicam a produção de carboidratos e o enchimento dos grãos (BEM-ASHER et al., 2008; LIZASO et al., 2018). Além disso, a redução prolongada da

intensidade de luz solar pode atrasar a maturação dos grãos e causar diminuição na produtividade de grãos (CRUZ et al., 2006; DURÃES, 2006).

Outro fator ambiental importante que pode desfavorecer a produtividade de grãos é a baixa disponibilidade de nutrientes no solo, visto que o estresse provocado pela falta de nutrientes pode promover diminuição significativa no desenvolvimento das plantas (MAFOUASSON et al., 2018). Nesse contexto, as projeções indicam um aumento global no consumo de fertilizantes de aproximadamente 69 milhões de toneladas até 2030, e o N pode compor até 70% dessa quantidade (TENKORANG e LOWENBERG-DEBOER, 2009). O N é constituinte de diversos compostos orgânicos essenciais para a planta, que estão associados, principalmente, aos processos fotossintéticos, de respiração celular e absorção iônica (TAIZ e ZEIGER, 2015; WASAYA et al., 2017). Ele também é um dos elementos constituintes da enzima Ribulose 1,5 bifosfato (Rubisco), a qual é responsável pela carboxilação do gás carbônico (CO₂) para posterior, produção de carboidratos na planta. O uso eficiente de N pode diminuir os custos com fertilizantes, reduzir as perdas por lixiviação, volatilização e aumentar a produtividade de grãos. Vários estudos têm sido conduzidos com objetivo de identificar materiais genéticos mais eficientes no uso de N e também mais tolerantes ao baixo N no solo (BALIGAR et al., 2001; HAEGELE et al., 2013; RODRIGUES et al., 2017). Entretanto, segundo Santos et al. (2019), devido a complexidade genética e forte interação com o ambiente, o desenvolvimento de cultivares eficientes no uso de N torna-se um grande desafio. Abe et al. (2013) avaliaram a performance de híbridos de milho em condições contrastantes de N e constataram que os híbridos se diferem na capacidade de absorção e armazenamento de N, assim como no acúmulo e produção de biomassa. Considerando a influência de fatores ambientais e a grande variação dos ambientes de cultivo, é imprescindível o desenvolvimento de cultivares de milho adaptados a condições específicas, onde há previsibilidade da ocorrência de estresse, sendo necessário considerar características como tolerância à seca, resistência a pragas e doenças, bem como alta produtividade em diferentes solos e regiões (DHAKAL et al., 2022).

2.4. Interação genótipos x ambientes

O Brasil é um país de grande extensão territorial e em praticamente todo território há o cultivo do milho. A heterogeneidade de solo, altitude, radiação solar, precipitação e temperatura influenciam o desenvolvimento da cultura e faz com que haja muita diferença de produtividade de grãos entre as regiões produtoras de milho no Brasil (COELHO et al., 2004; MALDANER et al., 2014). Assim, genótipos avaliados em diferentes ambientes podem

apresentar comportamento distinto diante das diferentes condições ambientais, o que evidencia a interação genótipos x ambientes (G x A; ROBERTSON, 1959; KANG, 1997; CRUZ et al., 2012). Com base nisso, há a necessidade de avaliar os híbridos de milho em diferentes ambientes para a seleção dos genótipos mais adequados para o plantio.

De acordo com Robertson, 1959, a interação G x A pode ser classificada como simples ou complexa. A interação simples não apresenta desafios ao melhorista, pois não há variação na classificação dos genótipos em diferentes ambientes. Ou seja, os híbridos que apresentarem melhor desempenho em um ambiente específico manterão a superioridade em outros ambientes. No entanto, na interação complexa, há falta de correlação ou correlação baixa no desempenho dos genótipos entre diferentes ambientes. Isso significa que alguns genótipos podem apresentar desempenho inferior em um ambiente e desempenho superior em outro ambiente (ALLARD e BRADSHAW, 1964; CRUZ et al., 2012).

A inconsistência do desempenho dos genótipos em resposta aos estímulos ambientais dificulta a seleção e a recomendação de cultivares em um programa de melhoramento (CRUZ et al., 2012; HARUNA et al., 2017). É uma prática comum restringir as análises e interpretações da interação G x A à análise de variância e comparação das médias entre os diferentes ambientes (ZOBEL et al., 1988). No entanto, essas análises fornecem apenas estimativas das variâncias associadas a cada componente do modelo estatístico e não oferecem uma visão mais detalhada da origem da interação. Para contornar as dificuldades geradas pela interação G x A na seleção e recomendação de híbridos de milho, uma alternativa é combinar essas análises com métodos de adaptabilidade e estabilidade para identificar genótipos com desempenho mais previsível e responsivo às diferenças ambientais.

2.5. Métodos para análise de adaptabilidade e estabilidade

A adaptabilidade dos genótipos refere-se à sua capacidade de responder positivamente aos estímulos do ambiente e é avaliada com base no desempenho médio. Por outro lado, a estabilidade está relacionada à capacidade dos genótipos de apresentarem um comportamento constante e previsível diante das variações ambientais (MACHADO, 2008; CRUZ et al., 2012). Há diversas metodologias disponíveis para analisar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em diferentes ambientes. Tais metodologias incluem abordagens baseadas apenas em análises de variância, conforme descrito por PLAISTED e PETERSON (1959), métodos de regressão linear, como propostos por FINLAY e WILKINSON (1963), EBERHART e RUSSELL (1966), TAI (1971) e CRUZ et al. (1989), métodos não-paramétricos, como apresentados por LIN e BINNS (1988), HÜEHN (1990) e ANNICCHIARICO (1992), bem como modelos multiplicativos que unem a análise de variância com a análise de componentes

principais. Entre esses últimos, os métodos mais frequentemente utilizados são o GGE biplot (Genotype Main effects plus Genotype Environment Interaction), proposto por Yan et al. (2000), e o AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction), proposto por Mandel (1971) e popularizado por Zobel et al. (1988). Além disso, existe o método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG), que se baseia em modelos lineares mistos (REML/BLUP; RESENDE, 2007) e possibilita analisar a produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos cultivares em experimentos desbalanceados.

A escolha de um dos métodos sugeridos para a estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade está condicionada a aspectos relevantes, como a quantidade de genótipos e ambientes avaliados, o tipo de informação desejada e as características dos conjuntos de dados analisados (DELIMA e BORÉM, 2018). Embora vários estudos tenham sido realizados sobre adaptabilidade e estabilidade na seleção e posicionamento de híbridos de milho (AGUIAR et al., 2003; MURAKAMI et al., 2004; CARGNELUTTI FILHO et al., 2007; CARDOSO et al., 2010; SANTOS et al., 2011; MENDES et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2013, UBERTI et al., 2023), ainda há poucos trabalhos disponíveis na literatura que utilizam híbridos triplos de milho e ambientes tropicais do Brasil (BALESTRE et al., 2009; DHAKAL et al., 2022).

2.5.1. Método GGE biplot

O método GGE biplot foi originalmente proposto por Gabriel (1971) como uma ferramenta gráfica para apresentar resultados da análise de componentes principais. Tal proposta forneceu uma base para um pacote de software denominado (*Genotype plus Genotype by Environment*; YAN et al., 2000). A análise dos componentes principais é integrada na análise do GGE biplot para decompor de forma linear o caractere contido em uma matriz de dados, o que sintetiza as informações contidas em um menor número de vetores explicativos (Yan et al., 2000). O método GGE biplot considera apenas o efeito de genótipo (G) e da interação (G x A) como relevantes para avaliação dos genótipos (GAUCH e ZOBEL, 1997). Dessa forma, o modelo integra os dois efeitos simultaneamente e remove o efeito principal do ambiente, o que possibilita a identificação de genótipos com comportamento semelhante em vários ambientes. Sob a perspectiva do conceito de adaptabilidade, o método GGE biplot permite identificar genótipos com maior desempenho em ambientes específicos devido à existência de vetores ambientais e genótipos superiores em áreas específicas do biplot (YAN et al., 2000; YAN e HUNT, 2001). A estabilidade produtiva pode ser avaliada por meio da decomposição de valores singulares que se concentram nos

genótipos, ou seja, os valores singulares são divididos no desempenho dos genótipos (YAN et al., 2007). O eixo x do gráfico biplot deve estar próximo das contribuições dos genótipos para G, enquanto o eixo y se aproxima das contribuições dos genótipos para a interação G x A, uma vez que o método representa apenas os efeitos de G + G x A. Como resultado, a projeção dos genótipos em relação ao eixo da abscissa determina sua estabilidade ou instabilidade, enquanto o eixo da ordenada reconhece a influência da interação no desempenho dos genótipos em diferentes ambientes avaliados (YAN et al., 2007).

Com a análise do gráfico biplot é possível avaliar parâmetros como: i) a capacidade de discriminação dos genótipos pelo ambiente; ii) regiões alvo onde os genótipos selecionados para um local específico demonstram desempenho semelhante em regiões similares; e iii) distância vetorial no biplot de um local ideal a partir de um índice desejado (YAN e HUNT, 2001; YAN e TINKER, 2006). Além disso, o método GGE biplot permite identificar genótipos com ampla adaptabilidade, estabilidade e ambientes homogêneos (mega-ambientes), que proporcionam poucas alterações no ranking dos genótipos (CARVALHO et al., 2016). Segundo Badu-Apraku et al. (2011), este método permite a identificação de cultivares de milho precoce com melhor desempenho produtivo em ambientes de seca, baixo N e *Striga sp.* Para Shiri et al. (2010), o método biplot foi empregado com o objetivo de avaliar a tolerância à seca em híbridos de milho. O estudo consistiu na avaliação do desempenho de diferentes híbridos sob condições de seca, com o intuito de comparar sua tolerância. Os resultados obtidos indicaram que o método biplot é uma ferramenta eficiente para avaliar a tolerância à seca em híbridos de milho e identificar aqueles com melhor desempenho sob condições de estresse hídrico. Essa abordagem pode ser útil no desenvolvimento de estratégias para o melhoramento genético do milho, visando à obtenção de variedades mais adaptadas a condições de seca. Oyekunle et al. (2017) avaliaram 32 híbridos de milho de maturidade precoce com endosperma branco e tolerantes à seca em 28 ambientes, nos países de Gana e Nigéria. Para os autores, a análise de GGE biplot permitiu identificar três híbridos de maior produtividade e mais estáveis, em ambos os países. Além disso, foi observada a formação de mega-ambientes entre os ambientes analisados. Sserumaga et al. (2016) conduziram uma avaliação com 43 híbridos simples de milho derivados de linhagens duplo haploides e seis cultivares locais em três ambientes com escassez de água e oito ambientes com condições ideais de cultivo. Os autores concluíram através da análise do método GGE biplot que híbridos simples manifestaram alta produtividade e desempenho consistente em condições de seca, quando comparados a cultivares locais.

2.5.2. Método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG)

A metodologia de MHPRVG proposta por Resende (2007) utiliza o Melhor Preditor Linear não Viesado – BLUP para prever os efeitos genéticos, isto é, corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não viesada os valores genotípicos. Além disso, o método permite avaliar a interação G x A em experimentos desbalanceados e pode ser empregado em qualquer número de ambientes (RESENDE, 2007). Com modelos mistos, é possível fazer inferências, como: i) seleção de cultivares específicos para cada ambiente; ii) seleção de cultivares estáveis; iii) seleção de cultivares responsivos, ou seja, com grande capacidade de adaptação à melhoria do ambiente; e iv) seleção com base na produtividade, estabilidade e adaptabilidade, simultaneamente (RESENDE, 2007).

Com base no método MHPRVG, Resende (2007) propôs analisar a adaptabilidade, estabilidade e o rendimento produtivo de genótipos. Este método é resultado da combinação simultânea do método da Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG) e o método da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (PRVG). Em outras palavras, a abordagem da MHPRVG considera a média dos genótipos e a variação dessa média entre os ambientes, penalizando os genótipos com base nas respostas de cada método individualmente (RESENDE, 2007). Dessa forma, genótipos mais estáveis e com melhor desempenho são aqueles que apresentam maiores estimativas de MHPRVG.

O método MHPRVG tem sido amplamente utilizado na análise de produtividade, adaptabilidade e estabilidade em diversas culturas, tais como arroz (BORGES et al., 2010), cana-de-açúcar (BASTOS et al., 2007), café (ROCHA et al., 2016) e milho (MENDES et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2017b; FARIA et al., 2017; UBERTI et al., 2023). Em relação ao feijoeiro, Santos et al. (2019) evidenciaram que o método MHPRVG possui a capacidade de identificar genótipos com desempenho semelhante ao método GGE Biplot. Na cultura do milho, Mendes et al. (2012) utilizaram o método de modelos mistos para avaliar a interação G x A de 45 cultivares em 49 ambientes diferentes, e observaram que o método MHPRVG foi eficaz na identificação de híbridos superiores em relação à adaptabilidade e estabilidade. Faria et al. (2017) também utilizaram o método MHPRVG para avaliar 29 cultivares de milho, e identificaram oito híbridos simples e um híbrido duplo com alta adaptabilidade. Além disso, o método permite a identificação de híbridos com adaptabilidade e estabilidade em ambientes favoráveis e desfavoráveis (FARIA et al., 2017; Oliveira et al., 2017b), o que é crucial para a seleção e recomendação de cultivares de milho em programas de melhoramento.

3. OBJETIVOS

3.1. Objetivo geral

Avaliar a interação G x A e o desempenho produtivo de híbridos triplos de milho desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético de milho da Universidade Federal de Viçosa em ambientes tropicais do Brasil.

3.2. Objetivos específicos

Quantificar a variação genética entre híbridos triplos de milho cultivados em ambientes tropicais do Brasil.

Estudar a relação entre os ambientes usados para avaliação dos híbridos triplos de milho

Avaliar o desempenho produtivo, a adaptabilidade e a estabilidade de híbridos triplos de milho em ambientes tropicais do Brasil com emprego dos métodos de GGE biplot e MHPRVG.

Selecionar híbridos triplos de milho produtivos e estáveis para recomendação para ambientes tropicais do Brasil.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material genético

Foram avaliados 160 híbridos triplos de milho, desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético de milho da Universidade Federal de Viçosa (UFV), mais cinco híbridos comerciais, incluindo híbridos simples e triplos, como testemunhas: DKB230PRO3, BM709PRO2, B2688PW, B2433PWU, 22S18TOP3.

4.2. Execução experimental

Os 160 híbridos triplos e os cinco híbridos comerciais usados como testemunhas foram avaliados em oito ambientes tropicais do Brasil durante as safras de 2020/21 e 2021/22 (Tabela 1). Os experimentos foram conduzidos nos seguintes locais: Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão (UEPE) de Coimbra (20°50'30"S, 42°48'30" W, altitude de 713 m), vinculado ao Departamento de Agronomia da UFV, situado em Coimbra-MG. Nesses locais, foram realizados quatro experimentos: dois em cada safra – um em condições com baixa condição de N no solo e o outro em condições ambientais recomendadas de N; UEPE da Horta Nova (20°45'40"S, 42°49'26"W, altitude de 661 m), vinculado ao Departamento de Agronomia da UFV, localizada em Viçosa-MG, no qual foi realizado um experimento em condição adequada de fertilidade; campo experimental da empresa Sempre Agtech[®], localizado em Santa Helena de Goiás-GO (17°45'35,5"S 50°30'23,1"W, altitude de 562 m),

conduzido em ambiente com condição adequada de manejo; campo experimental da empresa Inova Genética LTDA, situado em Cristalina-GO (16°11'50" S 47°28'24"W, altitude de 994 m) e em Lucas do Rio Verde-MT (13°14'44" S 56°00'11" W, altitude de 417 m). Nesses dois últimos locais, os experimentos foram conduzidos durante a segunda safra de milho ("safrinha") e sem restrição nutricional.

Para facilitar a discussão e a apresentação dos dados obtidos, os oito ambientes tiveram as seguintes codificações: E1 e E6, ambientes localizados na UEPE de Coimbra-MG, nas safras 2020/21 e 2021/22, respectivamente, e caracterizados por possuírem níveis recomendados de N no solo; E2 e E7, ambientes também localizados na UEPE de Coimbra-MG, nas safras 2020/21 e 2021/2022, respectivamente, mas caracterizados por apresentarem baixo teor de N no solo (30 kg ha⁻¹); E3, localizado na UEPE da Horta Nova em Viçosa-MG, na safra 2020/21, com níveis recomendados de N para o desenvolvimento da cultura do milho; E4 e E5, ambientes localizados em Cristalina-GO e Lucas do Rio Verde-MT, respectivamente, na safra 2021/22, são caracterizados por apresentarem baixa disponibilidade hídrica e redução na incidência de radiação solar, características próprias da segunda safra na região Centro-Oeste brasileira; E8, localizado em Santa Helena de Goiás-GO, na safra 2021/22, com condições adequadas para o desenvolvimento da cultura do milho. Em relação à adubação nos ambientes com nível recomendado de N foi efetuada aplicação de 380 kg ha⁻¹ do formulado N-P-K 08-28-16, no sulco de plantio. Além disso, foi realizada uma adubação de 380 kg ha⁻¹ de ureia em cobertura, quando as plantas apresentaram seis folhas completamente expostas (V6). Nos ambientes com baixa disponibilidade de N, foi realizada apenas a adubação de plantio (380 kg ha⁻¹ do formulado N-P-K 08-28-16), ou seja, sem adubação de cobertura. O manejo e as demais práticas culturais foram feitos seguindo as orientações técnicas para o cultivo de milho (GALVÃO et al., 2015).

O delineamento experimental utilizado em todos os ensaios foi de blocos incompletos (alfa-látice 11x15) com duas repetições. Cada parcela foi composta de duas linhas de quatro metros de comprimento. A semeadura foi realizada no mês de outubro para os experimentos realizados na safra de 2020/21 e 2021/22, entre os meses de fevereiro e março, para os experimentos realizados na segunda safra de 2021/22.

4.3. Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres: florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), que corresponde ao intervalo de dias entre a data de plantio e a data em que 50% das plantas da parcela apresentaram emissão de grãos de pólen e estilo-estigma,

respectivamente; altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm), mensuradas através da média da avaliação de três plantas representativas da parcela. As medidas efetuadas constitem na distância, em metros, do nível do solo até a inserção da folha bandeira, para AP, e da distância do solo até o nó de inserção da espiga superior, para AE. Por fim, foi avaliada a produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), determinada por meio da colheita de todas as espigas de cada parcela, seguido da debulha e pesagem dos grãos com mensuração da umidade e correção dos valores obtidos para 14,5%. É importante destacar que apenas a PG foi utilizada para os estudos de interação G x A com emprego dos métodos de GGE biplot e MHPRVG.

4.4. Análises genético-estatísticas

4.4.1. Análise de Variância (ANOVA)

Após a coleta e arranjo dos dados fenotípicos foi realizada a estimação dos parâmetros genéticos. Tal análise teve por finalidade avaliar a presença de variação genotípica entre os híbridos de milho. Dessa forma, foi conduzida uma análise de variância (ANOVA) para cada um dos oito ambientes, com auxílio do pacote R “*agricolae*” (DE MENDIBURU, 2020). As análises individuais para o delineamento em alfa-látice foram realizadas com base no modelo estatístico: $y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$, em que: y_{ijk} é o valor encontrado por meio da observação do i -ésimo genótipo avaliado no k -ésimo bloco, dentro da j -ésima repetição; μ é um valor constante que se aplica a todas as observações, representando a média geral ajustada para cada local específico; g_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 165$); r_j é o efeito fixo da j -ésima repetição ($j = 1, 2$); $b_{k(j)}$ é o efeito fixo do k -ésimo bloco dentro da j -ésima repetição ($k = 1, 2, \dots, 15$; $j = 1, 2$); e e_{ijk} é o erro aleatório relacionado à observação y_{ijk} . Antes de efetuar a análise de variância conjunta verificou-se a homogeneidade das variâncias residuais para que pudesse ser realizado o agrupamento dos ambientes. As variâncias foram tidas como homogêneas caso a relação entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo (QMR) das análises individuais fosse inferior a sete (PIMENTEL-GOMES 2022).

Após testar a homogeneidade das variâncias entre os ambientes, foi feita uma análise de variância conjunta com a intenção de verificar a existência de interação G x A. Por meio do pacote R “*agricolae*” (DE MENDIBURU, 2021). A análise de variância conjunta foi realizada conforme o seguinte modelo estatístico: $y_{ijkl} = \mu + g_i + a_l + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + g a_{il} + e_{ijkl}$, 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; μ é uma constante inerente a todas as observações; g_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 165$); a_l é o efeito fixo do l -ésimo ambiente ($l = 1, 2, \dots, 8$); $r_{j(l)}$ é o efeito fixo da j -ésima repetição dentro do l -ésimo

ambiente; $b_{k(jl)}$ é o efeito fixo do k-ésimo bloco dentro da j-ésima repetição no l-ésimo ambiente; ga_{il} é o efeito fixo da interação do i-ésimo genótipo com o l-ésimo ambiente; e e_{ijkl} é o erro aleatório associado à observação y_{ijkl} .

4.4.2. Componente quadrático e coeficiente de determinação genotípico

O componente quadrático genotípico ($\hat{\Phi}_g$) e o componente da interação genótipos x ambientes ($\hat{\Phi}_{g \times a}$) foram calculados a partir dos quadrados médios de genótipo e da interação genótipos x ambientes, conforme descrito por Cruz et al. (2012): $\hat{\Phi}_g = \frac{QMG-QMR}{ar}$ e $\hat{\Phi}_{g \times a} = \frac{QMGA-QMR}{r}$, sendo a o número de ambientes e r é o número de repetições. O coeficiente de

determinação genotípico ($\hat{H}_{\bar{X}}^2$) baseado na média de híbridos foi estimado de acordo com a

seguinte expressão (CRUZ et al., 2012): $\hat{H}_{\bar{X}}^2 = \frac{\hat{\Phi}_g}{\hat{\Phi}_g + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r}}$ (individual) e $\hat{H}_{\bar{X}}^2 = \frac{\hat{\Phi}_g}{\left[\hat{\Phi}_g + \left\{ \frac{\hat{\Phi}_{g \times a}}{a} \right\} + \left\{ \frac{\hat{\sigma}_e^2}{ar} \right\} \right]}$

(conjunta), em que: $\hat{\Phi}_g$ é a estimativa do componente quadrático genotípico; $\hat{\Phi}_{g \times a}$ é a estimativa do componente quadrático da interação genótipos x ambientes, $\hat{\sigma}_e^2$ é a estimativa da variância do erro, a é o número de ambientes e r é o número de repetições.

4.4.3. Adaptabilidade e estabilidade dos genótipos

Método GGE biplot:

O modelo utilizado para a análise da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos por meio do método GGE biplot proposto por Yan et al. (2000) não separa os efeitos genotípicos (G) dos efeitos da interação genótipos x ambientes (G x A). Esse modelo preserva os efeitos de G e G x A juntos em dois termos multiplicados, o que possibilita avaliar a superioridade dos genótipos. O modelo é descrito como: $y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}a_{j1} + \varepsilon_{ij}$, em que: y_{ij} é o desempenho esperado do genótipo i no ambiente j; μ é a constante geral das observações; β_j é o efeito principal do ambiente j; g_{i1} e a_{j1} são os efeitos do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente, respectivamente; e ε_{ij} é o efeito residual não explicado por ambos os efeitos. Assim, será possível identificar híbridos superiores em ambientes específicos, através da visualização dos vetores ambientais e genótipos em diferentes setores do gráfico biplot (YAN e HUNT, 2001).

A estabilidade produtiva e a adequação dos ambientes para seleção dos genótipos foram avaliados por meio da análise gráfica da dispersão simples de g_{i1}/g_{i2} e de a_{j1}/a_{j2} para avaliar os genótipos e os ambientes, respectivamente. Os dados foram obtidos por meio da decomposição de valores singulares focados no genótipo, conforme o seguinte modelo: $Y_{ij} - \bar{Y}_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$, em que: y_{ij} representa o desempenho esperado do

genótipo i no ambiente j ; μ é a constante geral de observações; β_j é o efeito principal do ambiente j ; λ_1 e λ_2 são os dois autovalores mais elevados dos componentes principais ACP1 e ACP2, respectivamente; ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovetores do i -ésimo genótipo de ACP1 e ACP2, respectivamente; η_{j1} e η_{j2} são os autovetores do j -ésimo ambiente do ACP1 e ACP2, respectivamente, e ε_{ij} é o erro associado ao modelo.

A análise de GGE biplot foi feita utilizando os pacotes R “GGEBiplots” (DUMBLE, 2017) e “gge” (WRIGHT e LAFFONT, 2017). Através da análise é possível i) agrupar os genótipos considerando a média vs. estabilidade; ii) localizar no biplot qual genótipo apresentou melhor desempenho em um determinado ambiente; e iii) observar a discriminação e representatividade dos ambientes através da análise do comprimento dos vetores ambientais e dos ângulos entre eles.

Método MHPRVG:

Para a análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método MHPRVG proposto por Resende (2007), o seguinte modelo foi utilizado: $y = X_r + Z_g + W_b + T_i + e$, em que: o vetor y representa os valores fenotípicos; o vetor r representa os efeitos fixos de repetição somados à média geral, incluindo todas as repetições de todos os ambientes, considerando os efeitos do ambiente e as repetições dentro dos ambientes; o vetor g representa o efeito aleatório para genótipos; b equivale ao efeito aleatório para bloco; i é o vetor dos efeitos aleatórios da interação genótipos x ambientes; e e é o efeito dos erros aleatórios e X , Z , W e T são matrizes de incidência para r , g , b e i , respectivamente.

Com o intuito de selecionar os genótipos com melhor performance e menor instabilidade entre os diferentes ambientes, o MHPRVG foi estimado com base na função: $MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{PRVG_{ij}}}$, 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; $PRVG_{ij}$ é estimado por meio da expressão $PRVG_{ij} = VG_{ij}/VG_j$, em que: VG_{ij} é o valor genotípico do genótipo i no ambiente j ; e VG_j equivale à média genotípica no ambiente j .

Para simplificar a análise dos resultados, os valores MHPRVG foram multiplicados pela média geral (MG) de todos os ambientes (MHPRVG*MG), dessa forma os resultados estão na mesma magnitude dos caracteres estudados. Com base nos resultados obtidos, os genótipos foram categorizados de acordo com os valores genotípicos. Quanto maior for o valor genotípico, menor será a variação do desempenho do genótipo em diferentes ambientes.

Em seguida, os ambientes foram separados em favoráveis e desfavoráveis, com base no desempenho médio dos híbridos em todos os ambientes. Ambientes que apresentaram média dos híbridos superior à média geral foram tidos como favoráveis. Já os ambientes com média abaixo da média geral foram classificados como desfavoráveis. Isso gerou novos valores de MHPRVG*MG para cada grupo de ambientes. Tais valores foram plotados em um diagrama de dispersão, contrastando os ambientes favoráveis (eixo das abcissas) e desfavoráveis (eixo das ordenadas). O diagrama de dispersão foi particionado em quatro quadrantes, sendo: I) genótipos com mínima adaptabilidade e estabilidade; II) genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis; III) genótipos com adaptabilidade geral e elevada estabilidade e IV) genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (MENDES et al., 2012; FARIA et al., 2017). As análises genético-estatísticas foram efetuadas com o auxílio do pacote R “metan” (OLIVOTO e LÚCIO, 2020).

5. RESULTADOS

5.1. Amplitude, médias e Análise de Variância (ANOVA)

A ANOVA em cada ambiente demonstrou que as os híbridos de milho diferem-se estatisticamente ($P < 0,01$) para todos os caracteres em todos os ambientes (tabela 2). A produtividade média de grãos nos oito ambientes foi de 8.248 kg ha⁻¹ e variou muito entre os ambientes: de 4.937 kg ha⁻¹ no E5 (Lucas do Rio Verde-MT, safrinha) a 11.634 kg ha⁻¹ em E6 (Coimbra-MG, alto N). Ao avaliar o rendimento médio dos híbridos em diferentes ambientes contrastantes em cada safra, notamos uma diminuição significativa de 39% em E2 e 49% em E7 (ambos ambientes com baixo teor de N) em comparação com seus ambientes ideais (E1 e E6, respectivamente) e cerca de 43% em E5 em comparação com E4 (ambos ambientes na safrinha). Observou-se variação também na média do florescimento (FM e FF) e altura (AP e AE) dos híbridos nos ambientes, sendo E3 (Viçosa-MG, ótimo) o ambiente no qual as plantas floresceram mais precocemente e apresentaram as maiores alturas, com aproximadamente 63 dias (FM e FF), 256 cm para AP e 139 cm para AE. Em relação aos híbridos triplos a PG variou consideravelmente. Na média dos ambientes, variaram de 5.167 kg ha⁻¹ (E5) a 10.986 kg ha⁻¹ (E6). Eles apresentaram maior variação no E4 (9.947 kg ha⁻¹) e menor no E5 (3.212 kg ha⁻¹). Além disso, o rendimento médio dos HT foram superiores às testemunhas em metade dos ambientes avaliados.

O CV de PG variou de 6,28% (E6) a 16,20% (E2, tabela 2) e apresentou valores superiores a 14% apenas no ambiente de estresse de N (E2). Já para FM e FF variou de 1,39% (FM) no ambiente E7 (Coimbra-MG/2022, baixo N) a 3,06% (FF) em E2 (Coimbra-

MG/2021, baixo N) e para AP e AE o CV variou de 2,88% (AP) em E6 (Coimbra-MG/2022, alto N) a 11,24% (AE) no ambiente E4 (Cristalina-GO, safrinha). Quanto às estimativas do coeficiente de determinação genotípica (\hat{H}_X^2) seus valores foram superiores a 0,5 para todos os caracteres, exceto para AP e AE, nos ambientes E4, E5 e E8.

Depois de constatada a homogeneidade das variâncias ($QMR_{maior}/QMR_{menor} < 7$), foi realizada análise de variância conjunta dos oito ambientes (tabela 3). Nesta, observou-se que houve efeito ($P < 0,01$) de híbridos, ambientes e da interação G x A para todos os caracteres avaliados. No desdobramento da fonte de variação híbridos, observou-se efeito ($P < 0,01$) de híbridos triplos, testemundas e do contraste HT vs Test para quase todos os caracteres, exceto para FF, no qual não apresentou efeito do contraste HT vs Test ($P > 0,01$). No desdobramento da interação G x A, verificou-se efeito ($P < 0,01$) para PG apenas nos contraste HT x A e HT vs Test x A. O CV variou de 1,71% (FM) a 11,48% (PG), e os valores do \hat{H}_X^2 foram superiores a 0,75 para todos os caracteres (Tabela 3). O efeito do ambiente foi responsável por 72,76% da variação total para híbridos, o de genótipo contribuiu com 7,08% e a da interação G x A contribuiu com 13,78% da variação total (Tabela 4).

5.2. Análise de adaptabilidade e estabilidade

Foram realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade nos oito ambientes para os híbridos de milho com emprego de duas metodologias: GGE biplot e MHPRVG. É importante ressaltar que essas análises foram feitas apenas para a produtividade de grãos.

5.2.1. Método GGE biplot

As análises do GGE biplot demonstraram que os dois componentes principais (PC1 e PC2) respondem por 51,12% da variação total da PG (PC1 = 36,06% e PC2 = 15,06%) devido ao genótipo e a interação G x A para os híbridos de milho (Figura 1). Com base no polígono 'which-won-where' foi possível identificar a divisão do polígono em nove setores e os ambientes foram agrupados em quatro setores. Os ambientes E5 (Lucas do Rio Verde-MT, safrinha) e E8 (Santa Helena de Goiás-GO, ótimo), e os ambientes E1 (Coimbra-MG/2021, alto N), E2 (Coimbra-MG/2021, baixo N), E3 (Viçosa-MG/2021, ótimo) e E6 (Coimbra-MG/2022, baixo N) foram agrupados em dois mega-ambientes, respectivamente. Enquanto que os ambientes E4 (Cristalina-GO/2022, safrinha) e E7 (Coimbra-MG/2022, baixo N) se alocaram separadamente em dois setores distintos, portanto não foram agrupados em nenhum mega-ambiente.

Em relação aos vetores ambientes, E4, E6 e E7 obtiveram os maiores comprimentos, sendo caracterizados por serem os ambientes mais discriminativos entre os ambientes

avaliados, entretanto os ambientes E4 e E7 apresentaram os maiores ângulos com o eixo que representa a média dos ambientes. Logo, esses ambientes são bons para discriminar genótipos para ambientes específicos. Por outro lado, E2, E3 e E5 tiveram os vetores de ambiente mais curtos e, portanto, forneceram pouca informação sobre o desempenho dos híbridos. A maioria dos ambientes estão correlacionados positivamente, pois o ângulo formado é menor que 90° , com exceção dos ambientes E4 e E7, cujo ângulo formado é superior à 90° . Essa associação sugere que a interação predominante é do tipo simples, ou seja, indica a existência apenas de diferenças de variabilidade entre os híbridos nos ambientes. Isso favorece a seleção mais confiável de híbridos superiores, pois os rankings baseados no desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes permanecem coincidentes.

Na visão poligonal do gráfico biplot, os híbridos que se apresentaram no vértice em cada setor representam os genótipos com maior desempenho produtivo nos determinados ambientes que estão inseridos naquele setor em particular, enquanto que os genótipos próximos da origem do biplot são pouco responsivos ao ambiente em questão (YAN et al., 2007). Assim, os híbridos 94V3111 (HT116), 94V3017 (HT22) e a testemunha BM709PRO2 (C04), foram os híbridos com melhor desempenho produtivo no mega-ambiente definido pelo grupo de ambientes E5 e E8. Já para o mega-ambiente definido pelos ambientes E1, E2, E3 e E6 o híbrido com melhor desempenho foi o híbrido experimental 94V3138 (HT143). Com relação aos ambientes E4 e E7, que caíram separadamente em setores, o híbrido experimental 94V3070 (HT75), e a testemunha 22S18TOP2 (C01), respectivamente, foram os híbridos com maior desempenho produtivo.

Foi empregado a “média vs. estabilidade” do GGE biplot com base na produtividade de grãos para avaliar o desempenho e a estabilidade produtiva dos 165 híbridos de milho nos ambientes. Através da direção em que a seta horizontal está apontando os híbridos foram classificados com base no seu desempenho. De acordo com as projeções no gráfico biplot, os seis híbridos de maior média foram 94V3138 (HT143), 94V3017 (HT22), 94V3111 (HT116), 94V3018 (HT23), 94V3067 (HT72) e a testemunha BM709PRO2 (C04). Em relação a estabilidade dos híbridos, medida pelas projeções no eixo das ordenadas, observou-se que alguns híbridos tiveram projeções reduzidas no eixo y e podem ser classificados como muito estáveis, entre eles destaca-se: 94V3026 (HT31), 94V3118 (HT 123) e 94V3009 (HT14). Considerando o desempenho produtivo, os híbridos 94V3018 (HT23) e 94V3138 (HT143) foram os melhores entre os híbridos superiores. Consequentemente, esses genótipos tendem a ser os mais próximos dos genótipos ideais em todos os ambientes.

5.2.2. Método MHPRVG

O efeito de híbridos e da interação $G \times A$ foram significativas ($P < 0,01$) para produtividade de grãos pelo teste da razão de verossimilhança, com base em todos os ambientes (Tabela 4). As estimativas de herdabilidade no sentido amplo com base na média (\hat{h}_X^2) e CV% foram de 0,72% e 11,77%, respectivamente. Por apresentarem média dos híbridos menor que a média geral (8.323 kg ha⁻¹), os ambientes E2, E5 e E7 (5.580 kg ha⁻¹) foram classificados como desfavoráveis. Em contrapartida, os ambientes E1, E3, E4, E6 e E8 (9.875 kg ha⁻¹) apresentaram média dos híbridos superior à média geral sendo, portanto, denominados como ambientes favoráveis. Nesses dois grupos de ambientes, realizou-se uma nova análise utilizando modelos mistos e verificou-se que os componentes de variância de híbridos e da interação $G \times A$, foram significativos ($P < 0,01$). As estimativas da \hat{h}_X^2 para a produtividade de grãos foram maiores em ambientes favoráveis do que em ambientes desfavoráveis (0,65 e 0,47, respectivamente). Além disso, os valores de CV para PG foram mais elevados nos ambientes desfavoráveis (14,20%) quando comparados aos ambientes favoráveis (10,70%).

Com base nos valores de MHPRVG*MG para PG, foi possível observar que entre os 20 melhores híbridos em termos de desempenho produtivo, adaptabilidade e estabilidade, apenas um foi um híbrido testemunha (BM709PRO2), os demais foram todos híbridos triplos. Os cinco principais híbridos com melhor desempenho produtivo, adaptabilidade e estabilidade entre os ambientes foram híbridos triplos 94V3138 (HT143), 94V3017 (HT22), 94V3111 (HT116), 94V3018 (HT23) e 94V3067 (HT72; Figura 2).

Os valores da MHPRVG*MG dos híbridos nos ambientes favoráveis e desfavoráveis foram plotados em um gráfico de dispersão e boa parte dos híbridos triplos foi classificada com alta adaptabilidade geral (Figura 3). Mesmo tendo sido alocados no quadrante de adaptabilidade geral, alguns híbridos triplos apresentaram grandes valores de MHPRVG*MG tanto em ambientes favoráveis quanto em ambientes desfavoráveis, podendo ser recomendados em condições ótimas e de estresse. Os híbridos 94V3138 (HT143), 94V3111 (HT116), 94V3035 (HT40) e a testemunha BM709PRO2 (C04) apresentaram os maiores valores de MHPRVG*MG em ambientes favoráveis e devem ser recomendados para o cultivo em condições ótimas de manejo. Enquanto os híbridos 94V3018 (HT23), 94V3026 (HT31), 94V3042 (HT47) e a testemunha B2433PWU (C02) apresentaram melhor desempenho em ambientes desfavoráveis, podendo ser indicados para cultivos em condição de estresse.

6. DISCUSSÃO

Ao avaliarmos a interação $G \times A$, a adaptabilidade e a estabilidade produtiva de híbridos triplos de milho em ambientes tropicais no Brasil, foi possível observar uma ampla variação genotípica entre os híbridos triplos de milho em relação à adaptabilidade e estabilidade produtiva. Associado a níveis intermediários a altos de \hat{H}_x^2 , o que sugere a possibilidade de selecionar híbridos superiores para a produção de grãos com maior confiabilidade (HALLLAUER et al., 2010). Conforme relatado por Ertiro et al. (2017) ao avaliarem o \hat{H}_x^2 para PG de híbridos de milho constataram que estimativas de \hat{H}_x^2 de alta magnitude promove maior confiabilidade na seleção, visto que a variação fenotípica observada entre os híbridos é devido, principalmente a causas genéticas, aumentando o ganho com a seleção. Na análise conjunta, os efeitos significativos dos híbridos, ambientes e da interação híbridos por ambientes mostram que o desempenho produtivo dos genótipos diferem entre os ambientes testados. Isto se deve ao fato de que os alelos que controlam a expressão de uma característica em ambientes ótimos diferem dos alelos que controlam essa mesma característica sob condições de estresse (SOUZA, 2008). O grande impacto dos ambientes e da interação $G \times A$ no desempenho dos genótipos, representando mais de 70% da variação total para os híbridos pode ser atribuído, principalmente, devido a variações na distribuição de chuvas, radiação solar, N disponível e outras condições de estresse. Gauch et al. (1997) relatou que a soma de quadrados para o efeito de ambiente é geralmente mais elevada em alguns experimentos. No entanto, sua influência é considerada menos relevante, já que seus efeitos não influenciam no ranking dos genótipos dentro de um mesmo ambiente. Mafouasson et al. (2018) observaram que em ensaios envolvendo múltiplos ambientes, os efeitos do ambiente geralmente apresentam maior magnitude em comparação aos efeitos das outras fontes de variação. Tais resultados também estão de acordo com estudos com híbridos de milho em ambientes tropicais, nos quais são relatados grande variação ambiental (MAKUMBI et al., 2015; SSERUMAGA et al., 2018). Assim, a seleção com base em PG deve ser específica para o ambiente alvo ou para o mega-ambiente formado, o que justifica a aplicação de métodos para estimar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, tais como o método GGE biplot e MHPRVG*MG.

A avaliação dos genótipos com base no agrupamento dos ambientes em mega-ambientes, bem como a identificação de ambientes-teste para avaliação são estratégias importantes em um programa de melhoramento para explorar a interação $G \times A$, melhorar a eficiência de seleção evitando a eliminação de genótipos que apresentam baixa produtividade

geral com base na média dos ambientes, mas que têm bom desempenho em ambientes específicos (OYEKUNLE et al., 2017). Visando selecionar híbridos com maior adaptação geral aos níveis de N, ambientes com estresse de N devem ser utilizados em avaliações, o que maximiza os ganhos com a seleção (ZUFFO et al. 2021). Muitas pesquisas relatam a utilização de métodos para avaliar a adaptabilidade, estabilidade e desempenho produtivo de híbridos de milho em vários ambientes a fim de melhorar a confiabilidade na seleção de híbridos superiores para um ambiente alvo (FARIA et al., 2017; YAMAMOTO et al., 2021). No presente trabalho utilizou-se os métodos GGE biplot e MHPRVG*MG e ambos apresentaram diferenças, tendo em vista a natureza distinta dos procedimentos biométricos utilizados, já que o método proposto por Resende (MHPRVG*MG) considera a estabilidade em função da baixa variação dos genótipos nos ambientes. Em contrapartida, o método GGE biplot leva em consideração a contribuição da interação G x A na média e estabilidade dos híbridos (YAN et al., 2000). Todavia há bastante similaridade na seleção de híbridos superiores e o uso de múltiplos métodos de adaptabilidade e estabilidade pode aumentar a confiabilidade na seleção dos genótipos de maior desempenho. Além disso, as análises de GGE biplot combinada com modelos mistos permitiu identificar mega-ambientes e selecionar genótipos que apresentassem alta produtividade e estabilidade, além de permitir identificar ambientes testes representativos e discriminantes. Com o método GGE biplot identificamos os ambientes E6 e E7 (contrastantes para disponibilidade de N) com maior capacidade de discriminação dos genótipos, o que possibilita otimizar o processo de avaliação e seleção de genótipos (BADU-APRAKU et al., 2011), visto que pode-se direcionar as avaliações apenas em ambientes nos quais os genótipos são mais discriminados.

A comparação entre os métodos GGE Biplot e MHPRVG revela que ambos foram capazes de discriminar genótipos com base na adaptabilidade geral e no desempenho em diferentes ambientes, o que sugere que ambos podem ser usados como ferramentas eficazes para a seleção de genótipos. Os dois métodos utilizados identificaram entre os híbridos mais produtivos o híbrido experimental HT143 como o de maior adaptabilidade geral, sendo o segundo com maior valor de MHPRVG*MG em ambientes favoráveis e também foi o híbrido com maior rendimento no mega-ambiente I, formado pelos ambientes E1, E2, E3 e E6, todavia não obteve grandes desempenhos produtivo sob condição de estresse. Além do HT143, o híbrido triplo 94V3111 (HT116) foi o terceiro entre os híbridos com maior adaptabilidade geral e com bom desempenho considerando apenas os ambientes favoráveis, além disso, juntamente com o HT22 foram os híbridos com melhor desempenho no mega-

ambiente II, constituído dos ambientes E5 e E8. Outros híbridos triplos, como o HT23 (94V3018) e HT31 (94V3026) obtiveram bons desempenhos em ambientes desfavoráveis, além disso, apresentaram alta estabilidade ao longo dos ambientes avaliados. A identificação e seleção de híbridos com desempenho superior pode elevar a PG em regiões de cultivo semelhantes. Como observado em alguns estudos que avaliaram híbridos de milho em condições contrastantes de cultivo (REZENDE, 2020). Curiosamente, nossos resultados sugeriram que os híbridos triplos desenvolvidos pelo programa de melhoramento da UFV mostraram alta adaptabilidade geral, conseqüentemente nossos híbridos tendem a ser mais adaptados e estáveis em múltiplos ambientes onde a maioria deles superou todas as testemunhas comerciais utilizadas neste estudo. Sendo assim, os híbridos triplos de milho de alto rendimento e estáveis identificados em nosso estudo são cultivares promissoras para futuros ensaios de VCU.

7. CONCLUSÃO

Nossos resultados demonstraram ampla variação genotípica entre os híbridos triplos de milho desenvolvidos pelo programa de melhoramento da UFV, bem como a existência de interações G x A significativas no que se refere a todos os caracteres avaliados em ambientes tropicais no Brasil. Os métodos analisados desempenham um papel fundamental no contexto do programa de melhoramento genético, simplificando a identificação de genótipos com alto potencial produtivo e a escolha de ambientes apropriados para a seleção.

Baseado nos métodos GGE e MHPRVG os híbridos triplos HT143 (94V3138), HT116 (94V3111), HT22 (94V3017) e a testemunha C04 (BM709PRO2) são os híbridos de milho superiores e com ampla adaptação aos ambientes. Além disso, os híbridos HT23 (94V3018) e HT31 (94V3026) apresentaram alta estabilidade e desempenho produtivo, principalmente nos ambientes desfavoráveis, no qual superou a melhor testemunha B2433PWU (C02), com base nos valores de MHPRVG*MG. Esses ótimos híbridos têm potencial agrônômico para serem cultivados em ambientes tropicais do Brasil e devem ser avaliados em futuros ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU).

8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABE, A.; ADETIMIRIN, V. O.; MENKIR, A.; MOOSE, S. P.; OLANIYAN, A. B. Performance of tropical maize hybrids under conditions of low and optimum levels of nitrogen fertilizer application - Grain yield, biomass production and nitrogen accumulation. *Maydica*, v. 58, n. 2, p. 141–150, 2013.

AGUIAR, A.M.; CARLINI GARCIA, L.A.; SILVA, A.R.; SANTOS, M.F.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA JUNIOR, C.L. de. Combining ability of inbred lines of maize and stability of their respective single crosses. *Scientia Agricola*, v.60, p.83-89, 2003.

- 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(1), p.269-278, 1992.
- 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.; 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.
- BALESTRE, M.; SOUZA, J.C.; VON PINHO, R.G.; OLIVEIRA, R.L.; PAES, J.M.V. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9, p. 219-228, 2009.
- BALIGAR, V. C.; N. K. FAGERIA, N. K.; HE, Z. L. Nutrient Use Efficiency in Plants. **Communications in Soil Science and Plant Analysis**, v. 32, n. 7-8, p. 921-950, 2001
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.
- BATTISTI, R.; SENTELHAS, P. C.; PILAU, F. G. Agricultural efficiency of soybean, corn and wheat production in the state of Rio Grande do Sul, Brazil, between 1980 and 2008. **Ciência Rural**, v.42, p.24- 30, 2012.
- BEM-ASHER, J.; GARCIA Y GARCIA, A.; HOOGENBOOM, G. Effect of high temperature on photosynthesis and transpiration of sweet corn (*Zea mays L.*) var. rugosa. **Photosynthetica**, v. 46, n. 4, p. 595-603, 2008.
- BENESOVÁ, M.; HOLÁ, D.; FISCHER, L.; JEDELSKY, P. L.; HNILICKA, F.; WILHELMOVÁ, N.; ROTHOVÁ, O.; KOCOVÁ, M.; PROCHÁZKOVA, D.; HONNEROVÁ, J.; FRIDRICHOVÁ, L.; HNILICKOVA, H. The physiology and proteomics of drought tolerance in maize: early stomatal closure as a cause of lower tolerance to short term dehydration? **Plus One**, v. 7, n. 6, 2012.
- BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G. A.; BERGONCI, J. I.; BIANCHI, C. A. M.; MULLER, A. G.; COMIRAN, F.; HECKLER, B. M. Distribuição hídrica no período crítico do milho e produção de grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 9, set. 2004.
- BISON, O.; RAMALHO, M.A.P.; RAPOSO, F.V. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, n.2 p.348-355, 2003.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 7ª Edição. Viçosa: Editora UFV, 523 p, 2017.

BORGES, V. et al. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, p. 833–841, 2010.

BRITO, M. E. B.; ARAÚJO FILHO, G. D.; WANDERLEY, J. A. C.; MELO, A. S., COSTA, F. B.; FERREIRA, M. G. P. **Crescimento, fisiologia e produção do milho doce sob estresse hídrico**. Bioscience Journal, 2013.

CARDOSO, M.J.; CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; ROCHA, L.M.P.; GUIMARÃES, P.E.O.; OLIVEIRA, I.R.; SANTOS, M.L. **Desempenho de híbridos comerciais de milho no Meio-Norte do Brasil, no ano agrícola 2009/2010**. Boletim de pesquisa e desenvolvimento 99, Ministério da Agricultura Pecuária e abastecimento, 2010.

CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIROS, E.B.; GUADAGNIN, J.P. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, v.66, p.571-578, 2007.

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.

COELHO, A.M.; CRUZ, J.C.; FILHO, I.A.P. **Desafios para obtenção de altas produtividades de milho**. Comunicado Técnico 112, Ministério da Agricultura Pecuária e abastecimento, 2004.

CONAB - Companhia nacional de Abastecimento. Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2022/23, quarto levantamento, Brasília, outubro de 2022. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 29 de janeiro de 2023.

COSTA, D.F.; VIEIRA, B.S.; LOPES, E.A.; MOREIRA, L.C.B. Aplicação de fungicidas no controle de doenças foliares na cultura do milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.11, n.1, p. 98-105, 2012a.

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

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I.A; ALVARENGA, R. C.; NETO, M. M. G.; VIANA, J.H.M.; OLIVEIRA, M.F.; SANTANA, D.P. Manejo da cultura do milho em sistema plantio direto. **Informe Agropecuário**, v.27, n.233, p. 42-53.2006.

CRUZ, J.C.; SILVA, G.H.; PEREIRA FILHO, I.A.; GONTIJO NETO, M.M.; MAGALHÃES, P.C. Caracterização do cultivo de milho safrinha de alta produtividade em 2008 e 2009. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.9, n.2,p.177-188, 2010.

CRUZ C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. V.1 - 4ª ed., p. 544 - Viçosa-MG: UFV, 2012.

DE MENDIBURU, M. F. **Package ‘agricolae’, statistical procedures for agricultural research**. R package version, versão 1.3-5, 2021. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/agricolae/index.html>>. Acessado em: 20 de março de 2022.

DELIMA, R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de milho**. Viçosa: Editora UFV, 396 p, 2018.

DHAKAL, K.; POKHREL, K. R.; BARAL, B. R.; AYER, D. K.; JOSHI, D. Three-way cross white kernel hybrid maize out-yielded commercial variety tested under two contrasting environments. **Journal of Agriculture and Food Research**, v. 7, p. 100-279, 2022.

DUARTE, J. O.; MATTOSO, M. O.; GARCIA, J. C. **Importância Socioeconômica**. 2004. Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONTAG01_8_16820051117.html>. Acesso em: 20 de março de 2022.

DUMBLE, S. **GGEbiplots: GGE Biplots with ‘ggplot2’**. R package, versão 0.1.1. 2017. Disponível em: <<https://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplots>>. Acesso em: 20 de março de 2022.

DURÃES, F. O. M. Limitações fisiológicas do milho nas condições de plantio nas regiões tropicais baixas. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 26, 2006, Belo Horizonte. **Anais**, Sete Lagoas: ABMS: Embrapa Milho e Sorgo, 2006.

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.

FANCELLI, A. L.; Ecofisiologia, Fenologia e Implicações básicas de Manejo. In: GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho do plantio à colheita**. 1 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, p. 50-76, 2015.

FAO. **Crop prospects and food situation**. Rome, Italy: FAO, 2022. 85 p. Disponível em: <http://www.fao.org/3/cb4472en/cb4472en.pdf>. Acesso em: 01 maio 2023.

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.

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.

GAUCH, H.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop Science**, v.37, p.311-326, 1997.

GALVÃO, J. C. C., BORÉM, A., PIMENTEL, M. A. **Milho do plantio à colheita**. 1ª ed. Viçosa, UFV. 351 p, 2015.

GUIMARÃES, P. S.; BERNINI, C. S.; PEDROSO, F. K. J.; PATERNIANI, M. A. G. Z. **Characterizing corn hybrids (*Zea mays* L.) for water shortage by principle components analysis**. *Maydica*, Bergamo, v. 59, n. 1, p. 72-79, 2014.

HAEGELE, J. W.; COOK, K. A.; NICHOLS, D. M.; BELOW, F. E. Changes in N use traits associated with genetic improvement for grain yield of maize hybrids released in different decades. **Crop Science**, Madison, v. 53, p. 1256-1268, 2013.

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.

HENRIQUE, A.; CHERUBIN, N. Etanol de milho avança no Brasil. **Revista RPA News**, 2020. Disponível em: < <https://revistarpanews.com.br/etanol-de-milho-avanca-no-brasil/>>. Acesso em: 01 de dezembro de 2022.

HÜEHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. **Euphytica** v.47, p.189-194, 1990.

IZGE, A. U.; DUGJE, I. Y. Performance of drought tolerant three-way and top cross maize hybrids in Sudan Savanna of North Eastern Nigeria. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v.3(11), p. 269-675, 2011.

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.

LIZASO, J. I.; RUIZ-RAMOS, M.; RODRÍGUEZ, L.; GABALDON-LEAL, C.; OLIVEIRA, J. A.; LORITE, I. J.; SÁNCHEZ, D.; GARCÍA, E.; RODRÍGUEZ, A. Impact of high temperatures in maize: phenology and yield components. **Field Crop Research**, v. 216, p.129-140, 2018.

LÓPEZ-CASTILLO, L.M.; ACOSTA-GALLEGOS, J.A.; GONZÁLEZ-HERNÁNDEZ, V.A.; HERNÁNDEZ-MONTIEL, L.G.; KELLY, J.D.; GONZÁLEZ-CHAVIRA, M.M.;

JIMÉNEZ-MENDOZA, M.E.; RAMÍREZ-VALENCIA, L.R.; LUNA-GONZÁLEZ, A.; DEL RIO, A.H.; KU, L.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J.; BLAIR, M.W. Plant breeding for marginal environments: Adaptation of crops to stress. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 17, n. 11, p. 2421-2433, 2018.

MACHADO, J.C. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos de milho oriundos de um mesmo gênico. **Bragança**, v. 67, n. 3, pág. 627-631, 2008.

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.

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.

MALDANER, L.J.; HORING, K.; SCHNEIDER, J.F.; FRIGO, J.P.; AZEVEDO, K.D.; GRZESIUCK, A.E. Exigências agroclimáticas da cultura do milho (*Zea mays*). **Revista Brasileira de Energia Renováveis**, v.3, p. 13-23, 2014.

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.

MÔRO, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C.; PIMENTEL, M.A.(Ed). **Milho do plantio à colheita**. Viçosa: Ed. UFV, 2017.

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, p. 71-78, 2004.

OLIVEIRA, R.P.; ALVES, P.L.C.A.; NEPOMUCENO, M.P.; YAMAUTI, M.S. Influência do arranjo de plantas em dois híbridos de milho safrinha nas relações de interferência com a comunidade infestante. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.5, n.4, p.450-459, 2010.

OLIVEIRA, R. B. R.; MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA J. M. Adaptability and stability of maize landrace varieties. **Ciências Agrárias**, v. 34, p. 2555-2564, 2013.

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**. In: **A cultura do milho**, Sete Lagoas, MG. Anais... Sete Lagoas, MG: Embrapa, 2008.

PENARIOL, F.G.; FORNASIERI FILHO, D.; COICEV, L.; BORDIN, L.; FARINELLI, R. Comportamento de cultivares de milho semeadas em diferentes espaçamentos entre linhas e densidades populacionais, na safrinha. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.2, n.2,p.52-60, 2003.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15ª Edição. São Paulo: Editora Fealq. 468p, 2022.

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.

PORTO, A.P.F.; VASCONCELOS, R.C.; VIANA, A.E.S.; ALMEIDA, M.R.S. Variedades de milho a diferentes espaçamentos no Planalto de Vitória da Conquista-BA. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, n.2,p.208-214, 2011.

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.

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

ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, A. L.; SOUZA, F. F. Adaptability and stability of Coffea canephora coffee bean yield. **Australian Journal of Crop Science**, v. 10, n. 9, p. 1262-1267, 2016.

RODRIGUES, M. C.; REZENDE, W. M.; SILVA, M. E. J.; FARIA, S. V.; ZUFFO, L. T.; GALVÃO, J. C. C.; DELIMA, R. O. Genotypic variation and relationships among nitrogen use efficiency and agronomic traits in tropical maize inbred lines. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n.3, 2017.

SANTOS, E.L.; GARBUGLIO, D.M.; ARAÚJO, P.M.; GERAGE, A.C.; SHIOGA, P.S.; PRETE, C.E.C. Uni and multivariate methods applied to studies of phenotypic adaptability in maize (*Zea mays L.*). **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 33, p. 633-639, 2011.

SANTOS, A.D; AMARAL, J. A; FRITSCHÉ-NETO, R.; KAMPHORST S.H.; FERREIRA, F.R.A.; AMARAL, J.F.T. Relative importance of gene effects for nitrogen-use efficiency in popcorn. **Plos One**, v.14, p.9, 2019.

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.

SHAHBANDARI, M.; MOHAMMADZADEH, S.; SAEIDI, M.; SHAHBAZI, P.; BEHBOODI, B.; GHAREMANINEJAD, A. Physiological responses of maize genotypes to water stress conditions. **Brazilian Journal of Biology**, v. 83, p. e248577, 2021.

SHIRI, M.; CHOUKAN, R.; ALIYEV, R.T. Avaliação da tolerância à seca de híbridos de milho usando o método biplot. **Trends Appl Sci**, v.5, p.129-137, 2010.

SILVA, J. R.; SANTOS, A. M.; OLIVEIRA, C. L. Escassez de água e sua influência na produção de milho: um estudo sobre regiões de baixo volume de precipitação. **Revista Brasileira de Agricultura Irrigada**, v. 15, n. 4, p. 2346-2357, 2021.

SOUZA JUNIOR, C. L. **Melhoramento de espécies alógamas**. In: NASS, L. L. et al. Recursos genéticos e melhoramento-plantas. Rondonópolis: Fundação MT, p. 159-200, 2001.

SOUZA, LV. Controle genético da produtividade de grãos e eficiência do uso de nitrogênio em milho tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. p.1517-1523, 2008.

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.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Plant physiology and development**. 6. Ed. Sunderland: Sinauer 32 Associates, 888 p, 2015.

TEIXEIRA, F. F.; DOS SANTOS TRINDADE, R. Recursos Genéticos de Milho: Importância e Uso no Melhoramento. **Revista Ifes Ciência**, v. 7, n. 3, p. 01-22, 2021.. Disponível em: <<https://ojs.ifes.edu.br/index.php/ric/article/view/1488>>. Acesso em: 31 jan. 2023.

TENKORANG, F.; LOWENBERG-DEBOER, J. Previsão da demanda global de fertilizantes a longo prazo. **Ciclagem de Nutrientes em Agroecossistemas**. v.83, n.3, p.233-247, 2009.

UBERTI, A.; REZENDE, W. M.; CAIXETA, D. G.; REIS, H. M.; RESENDE, N. C. V.; DESTRO, V.; DELIMA, R. O. Assessment of yield performance and stability of hybrids and populations of tropical maize across multiple environments in southeastern Brazil. **Crop Science**, v. 63, n. 4, p. 1299-1309, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.21038>.

USDA - Departamento de Agricultura dos Estados Unidos. World Agricultural Production, Global market analysis, 2022. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em: 01 de fevereiro de 2023.

WASAYA, A.; TAHIR, M.; ALI, H.; HUSSAIN, M.; YASIR, T. A.; SHER, A.; IJAZ, M.; SATTAR, A. Influence of varying tillage systems and nitrogen application on crop allometry, chlorophyll contents, biomass production and net returns of maize (*Zea mays* L.). **Soil and Tillage Research**, v. 170, p. 18–26, 2017

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: 21 de março de 2022.

YAMAMOTO, E.L.M.; GONÇALVES, M.C.; DAVIDE, L.M.C.; SANTOS, A. D.; CANDIDO, L.S. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de milho em regiões de cultivo do Brasil central. **Revista Ceres**, 68, 201-211, 2021.

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.; 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.

ZUFFO, L.T.; LUZ, L.S.; DESTRO, V.; SILVA, M.E.J.; RODRIGUES, M.C.; LARA, L.M.; FARIA, S.V.; DELIMA, R.O. Avaliação da variação genotípica para eficiência de uso de nitrogênio e características associadas em híbridos brasileiros de milho cultivados sob baixo e alto aporte de nitrogênio. **Euphytica**, 217, 1-27, 2021.

Tabelas:**Tabela 1.** Descrição dos ambientes utilizados para avaliação de 160 híbridos triplos e cinco testemunhas de milho em ambientes tropicais do Brasil.

Local experimental	Latitude, longitude e altitude	Código dos ambientes	Safra	Condição de manejo
Local 1 – Coimbra-MG	20°50'30" S, 42°48'30" W, 713 m	E1	2020/21	Ótimo
		E6	2021/22	Ótimo
		E2	2020/21	Baixo N
		E7	2021/22	Baixo N
Local 2 – Viçosa-MG	20°45'40" S, 42°49'26" W, 661 m	E3	2020/21	Ótimo
Local 3 - Cristalina-GO	16°11'50" S, 47°28'24" W, 994 m	E4	2021/22	Segunda Safra
Local 4 - Lucas do Rio Verde-MT	13°14'44" S, 56°00'11" W, 417 m	E5	2021/22	Segunda Safra
Local 5 - Santa Helena de Goiás-GO	17°45'35"S, 50°30'23.1" W, 562 m	E8	2021/22	Ótimo

Tabela 2. Resumo da análise de variância individual com base em Quadrados Médios (QM), coeficiente de variação (CV%), estimativa do coeficiente de determinação genotípico (\hat{H}_x^2) e médias para os caracteres dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹) de 160 híbridos triplos e cinco híbridos testemunhas de milho avaliados em oito ambientes tropicais.

FV	GL	E1					E2					E3					E4				
		FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
Repetição	1	24,00 ^{*/1/}	3,30	4.451,35 ^{**}	1.910,41 ^{**}	194.064.398 ^{**}	2,37	34,69 ^{**}	518,13 [*]	10,37	4.214.437 [*]	110,58 ^{**}	33,40 ^{**}	31,83	3,50	497.722	9,45 [*]	38,50 ^{**}	5,00	120,05	11.612.660 ^{**}
Bloco/Repetição	28	2,30 [*]	5,08 ^{**}	248,63 ^{**}	167,09 [*]	2.585.311 ^{**}	3,41 ^{**}	6,75 [*]	339,61 ^{**}	179,61 ^{**}	2.893.060 ^{**}	1,70 ^{**}	1,51 [*]	122,16 [*]	45,73	1.701.993	1,84	1,55	148,84	120,47	2.124.080
Híbridos	164	6,19 ^{**}	8,30 ^{**}	207,55 ^{**}	155,81 ^{**}	2.695.335 ^{**}	6,63 ^{**}	12,01 ^{**}	2556,70 ^{**}	178,44 ^{**}	1.889.234 ^{**}	2,75 ^{**}	2,82 ^{**}	205,04 ^{**}	189,07 ^{**}	3.071.201 ^{**}	5,10 ^{**}	4,95 ^{**}	248,07 ^{**}	204,61 ^{**}	6.937.818 ^{**}
HT	159	5,86 ^{**}	7,94 ^{**}	202,24 ^{**}	148,37 [*]	2.604.406 ^{**}	6,58 ^{**}	11,79 ^{**}	247,64 ^{**}	169,51 ^{**}	1.836.141 ^{**}	2,50 ^{**}	2,45 ^{**}	196,15 ^{**}	180,44 ^{**}	2.895.768 ^{**}	4,90 ^{**}	4,83 ^{**}	234,11 ^{**}	201,24 ^{**}	6.052.867 ^{**}
Test	4	12,30 [*]	19,11 ^{**}	284,92	356,32	2.122.364	7,57 ^{**}	18,94 ^{**}	514,35 [*]	428,05 [*]	1.259.483	8,96 ^{**}	12,63 ^{**}	242,75 [*]	344,57 ^{**}	7.189.301 ^{**}	10,30 ^{**}	8,80 ^{**}	642,63 ^{**}	318,70 [*]	25.078.905 ^{**}
HT vs Test	1	20,07 [*]	0,00	577,25 [*]	121,12	20.409.026 ^{**}	8,41	4,25	115,41	65,62	13.897.078 ^{**}	4,11	0,09	1.347,65 [*]	586,56 [*]	5.379.337	4,15	0,36	3,51	32,25	32.603.805 ^{**}
Resíduo	136	1,31	1,62	102,59	100,69	894.876	1,50	4,32	85,62	67,17	895.085	0,85	0,82	69,87	48,90	1.295.5262	1,80	1,85	133,05	112,38	1.392.478
CV (%)		1,80	1,99	4,59	8,78	9,10	1,88	3,06	4,55	7,92	16,20	1,46	1,44	3,26	5,03	10,53	2,10	2,14	5,95	11,24	13,76
\hat{H}_x^2		0,79	0,81	0,51	0,35	0,67	0,77	0,64	0,67	0,62	0,53	0,69	0,71	0,66	0,74	0,58	0,65	0,63	0,46	0,45	0,80
Média HT		63,45	63,80	220,40	113,89	10.365	65,17	67,98	202,63	103,23	5.794	63,13	62,97	255,92	138,49	10.784	63,73	63,61	193,63	94,12	8.516
Média Test		64,80	64,20	224,90	115,05	11.314	65,40	67,40	198,95	101,52	6.951	63,20	63,10	261,50	141,12	10.345	64,70	64,40	187,88	91,55	8.922
		E5					E6					E7					E8				
Repetição	1	-	-	1.796,67 ^{**}	1.549,17 ^{**}	263.436	1,54	0,06	1.331,95 ^{**}	727,5 ^{**}	349.455	5,34 [*]	3,30	392,72 [*]	2,20	696.784	-	-	2.275,50 ^{**}	7.330,25 ^{**}	10.198.836 [*]
Bloco/Repetição	28	-	-	346,45 ^{**}	304,46 ^{**}	820.232 [*]	1,79 [*]	1,48 [*]	84,60 [*]	49,35	802.996 [*]	1,82 ^{**}	4,65 ^{**}	418,55 ^{**}	262,15 ^{**}	1.512.347 ^{**}	-	-	246,76	125,72	2.928.765 [*]
Híbridos	164	-	-	306,65 ^{**}	276,07 ^{**}	1.008.390 ^{**}	5,84 ^{**}	5,47 ^{**}	154,05 ^{**}	157,54 ^{**}	2.058.412 ^{**}	7,60 ^{**}	8,90 ^{**}	229,81 ^{**}	194,00 ^{**}	1.298.010 ^{**}	-	-	329,80 ^{**}	204,40 [*]	4.273.383 ^{**}
HT	159	-	-	303,35 ^{**}	262,97 ^{**}	1.001.735 ^{**}	5,32 ^{**}	4,54 ^{**}	151,47 ^{**}	154,07 ^{**}	1.935.096 ^{**}	7,31 ^{**}	8,40 ^{**}	235,67 ^{**}	196,71 ^{**}	1.308.895 ^{**}	-	-	327,55 ^{**}	183,79	3.952.356 ^{**}
Test	4	-	-	394,79	633,07	1.345.637	21,60 ^{**}	35,35 ^{**}	138,21	303,59 ^{**}	3.548.212 ^{**}	20,6 ^{**}	29,9 ^{**}	24,35	128,83	971.859	-	-	455,51	1.020,91 [*]	10.130.689
HT vs Test	1	-	-	292,99	176,57	23.237	24,60 ^{**}	33,18 ^{**}	628,42 ^{**}	126,20	15.706.509 ^{**}	1,23	2,60	119,21	24,10	871.867	-	-	181,72	174,25	31.245.364 ^{**}
Resíduo	136	-	-	158,82	141,52	460.119	1,05	0,85	45,53	39,38	475.613	0,91	2,35	71,78	51,47	556.590,95	-	-	190,84	144,21	1.526.063
CV (%)		-	-	6,16	10,80	13,13	1,50	1,36	2,88	5,00	6,28	1,39	2,18	4,16	6,99	12,85	-	-	5,47	8,76	13,72
\hat{H}_x^2		-	-	0,48	0,49	0,54	0,82	0,84	0,70	0,75	0,77	0,88	0,74	0,69	0,73	0,57	-	-	0,42	0,29	0,64
Média HT		-	-	204,24	110,00	5.167	68,25	67,54	234,58	125,43	10.986	69,00	70,17	203,93	102,86	5.865	-	-	253,55	137,55	9.027
Média Test		-	-	200,50	103,00	4.937	68,97	68,07	238,25	124,70	11.634	69,40	69,70	200,05	110,15	5.526	-	-	252,70	124,60	9.998

^{1/}**, * significativo a $P \leq 0,01$ e $P \leq 0,05$, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta, razão entre os valores do maior e menor quadrado médio do resíduo (QMR_{maior}/QMR_{menor}), coeficiente de variação (CV%), estimativa do coeficiente de determinação genotípico (\hat{H}_x^2) e médias para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹) de 160 híbridos triplos e cinco testemunhas de milho avaliados em oito ambientes tropicais

FV	Quadado Médio (QM)					
	GL	FM	FF	AP	AE	PG
Bloc/Rep/Amb	214	2,15** ^{1/}	3,61**	248,92**	158,52**	1.911.612**
Híbridos	164	23,65**	27,48**	904,17**	793,22**	7.786.099**
HT	159	21,60**	23,85**	830,29**	712,12**	7.003.754**
Test	4	79,60**	127,52**	2.483**	2.919**	14.506.682*
HT vs Test	1	13,65*	4,84 ^{ns}	3.177**	933,78**	91.855.499**
Amb	7	3.135**	3.544**	184.463**	86.202**	1.895.644.189**
Rep/Amb	7	25,54**	18,88**	1.350**	1.456**	27.738.341**
G x A	1.142	2,22**	3,10**	149,73**	111,97**	2.218.318**
HT x A	1.113	2,22**	3,13**	149,08**	111,11**	2.064.618**
Test x A	28	2,55 ^{ns}	2,35 ^{ns}	178,80 ^{ns}	138,48*	6.071.191 ^{ns}
HT vs Test x A	1	2,08 ^{ns}	6,65 ^{ns}	187,56 ^{ns}	116,40 ^{ns}	6.449.938**
Resíduo	1.032	1,24	1,97	104,21	86,60	910.819
QMR_{maior}/QMR_{menor}		2,10	5,27	4,20	3,66	3,32
CV%		1,71	2,14	4,62	8,05	11,48
\hat{H}_x^2		0,91	0,89	0,84	0,86	0,76
Média Geral		65,01	65,59	220,46	115,50	8.248
Média Test		65,67	65,75	220,96	113,24	8.903
Média HT		64,99	65,58	220,44	115,57	8.264

^{1/}** , * significativo a $P \leq 0,01$ e $P \leq 0,05$, respectivamente, pelo teste F. ^{ns}, não significativo.

Tabela 4. Estimativas dos parâmetros genéticos para produtividade de grãos (kg ha^{-1}) de 160 híbridos triplos e cinco testemunhas de milho nos ambientes favoráveis e desfavoráveis, obtidos por meio da metodologia REML/BLUP.

Parâmetros	Estimativas		
	Geral	Ambientes favoráveis	Ambientes desfavoráveis
$\hat{\sigma}_g^2$	320.368** ^{1/}	516.602**	140.686**
$\hat{\sigma}_{g \times a}^2$	504.531**	776.613**	153.305**
$\hat{\sigma}^2$	948.885	1.145.331	637.351
\hat{h}_x^2	0,72	0,65	0,47
CV%	11,77	10,70	14,20
Média Geral	8.323	9.875	5.580

^{1/}**, significativo a $p \leq 0,01$ pelo likelihood ratio test (LRT). $\hat{\sigma}_g^2$ = variância genotípica; $\hat{\sigma}_{g \times a}^2$ = variância da interação genótipos \times ambientes; $\hat{\sigma}^2$ = variância residual; \hat{h}_x^2 = herdabilidade no sentido amplo com base na média; CV = coeficiente de variação.

Figuras

Figura 1A (esquerda): Polígono do GGE biplot com base em escala simétrica com previsão de “which-won-where” e discriminação e representatividade dos ambientes. **Figura 1B (direita):** Média vs. estabilidade dos efeitos principais dos genótipos mais biplot da interação genótipos × ambientes com base na produtividade de grãos (kg ha⁻¹) de 160 híbridos triplos e cinco testemunhas de milho avaliados em oito ambientes tropicais.

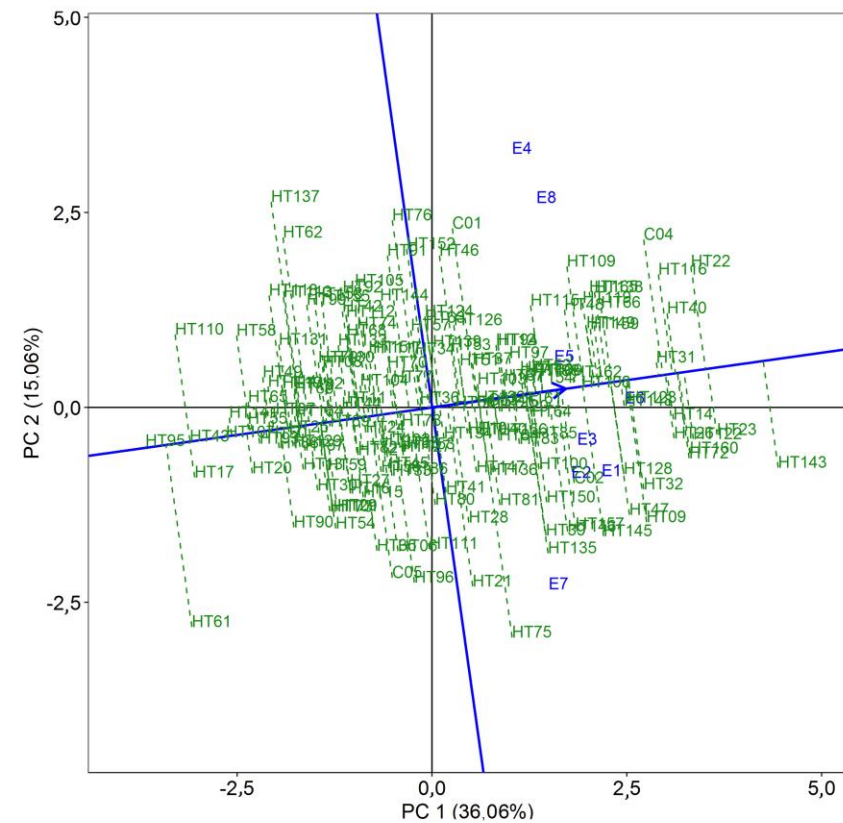
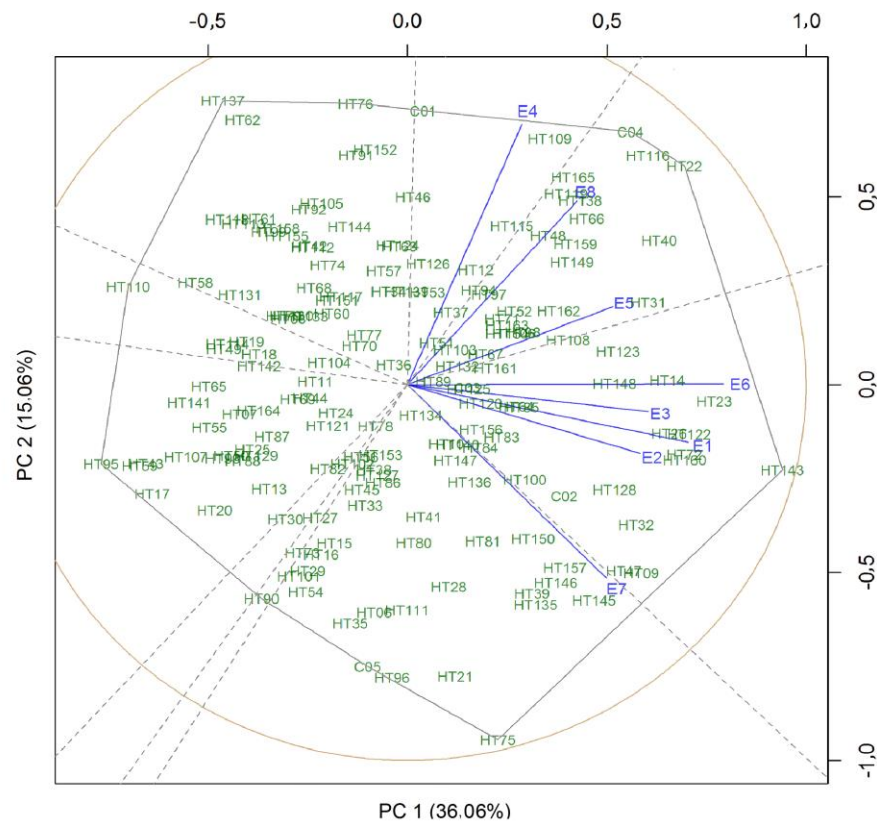


Figura 2. Valores de MHPRVG*MG para produtividade de grãos dos 20 híbridos superiores (azul) e 20 inferiores (vermelho) avaliados em oito ambientes tropicais, com a linha tracejada representando a média dos genótipos.

