

**Universidade Federal de Goiás  
Regional Jataí  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM POPULAÇÕES DE  
MILHO**

**Jeeder Fernando Naves Pinto**  
Engenheiro Agrônomo

JATAI – GOIÁS - BRASIL  
Agosto - 2017

**TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS  
DE TESES E  
DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG**

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a Lei nº 9610/98, o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou *download*, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

**1. Identificação do material bibliográfico:**       **Dissertação**       **Tese**

**2. Identificação da Tese ou Dissertação:**

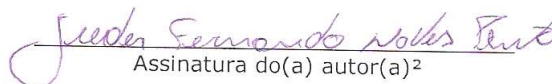
Nome completo do autor: Jeeder Fernando Naves Pinto

Título do trabalho: ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM POPULAÇÕES DE MILHO

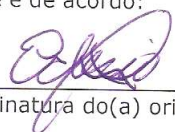
**3. Informações de acesso ao documento:**

Concorda com a liberação total do documento  SIM       NÃO<sup>1</sup>

Havendo concordância com a disponibilização eletrônica, torna-se imprescindível o envio do(s) arquivo(s) em formato digital PDF da tese ou dissertação.

  
Assinatura do(a) autor(a)<sup>2</sup>

Ciente e de acordo:

  
Assinatura do(a) orientador(a)<sup>2</sup>

Data: 19 / 09 / 2017

<sup>1</sup> Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. A extensão deste prazo suscita justificativa junto à coordenação do curso. Os dados do documento não serão disponibilizados durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente
- Submissão de artigo em revista científica
- Publicação como capítulo de livro
- Publicação da dissertação/tese em livro

<sup>2</sup>A assinatura deve ser escaneada.

**Universidade Federal de Goiás  
Regional Jataí  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM POPULAÇÕES DE  
MILHO**

**Jeeder Fernando Naves Pinto**

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Produção Vegetal)

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UFG.

Pinto, Jeeder Fernando Naves  
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM POPULAÇÕES DE  
MILHO [manuscrito] / Jeeder Fernando Naves Pinto. - 2017.  
80 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis.  
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Unidade  
Acadêmica Especial de Ciências Agrárias, Jataí, Programa de Pós  
Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, Jataí, 2017.

Bibliografia.

Inclui gráfico, tabelas.

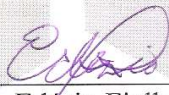
1. Interação Genótipo X Ambiente. 2. Melhoramento. 3. Zea mays L..  
I. Reis, Edésio Fialho dos, orient. II. Título.

CDU 631/635

*Jeeder Fernando Naves Pinto*

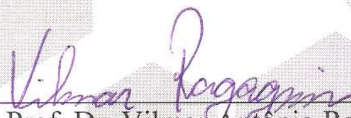
**TÍTULO: “ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM POPULAÇÕES DE MILHO”**

Dissertação DEFENDIDA e APROVADA em 25 de Agosto de 2017, pela Banca Examinadora constituída pelos membros:



---

Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis  
Presidente- REJ/UFG



---

Prof. Dr. Vilmar Antônio Ragagnin  
Membro Externo - REJ/UFG



---

Prof. Dr. Willame dos Santos Candido  
Membro Interno

Jataí - Goiás  
Brasil

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

Jeeder Fernando Naves Pinto, nascido em Jataí-Goiás. Graduado em Agronomia em agosto de 2013, pela UFG Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí. Iniciou o curso de Pós-graduação *stricto sensu* em nível de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, na UFG – Regional Jataí, em agosto de 2015.

“Vencer por meios que não acredito, me trazem resultados que não preciso”.

Mahatma Gandhi

A minha noiva Kelly Fernandes da Silva, aos meus pais Luiz Fernando Alves Pinto e Stael Naves Ferreira Pinto, meus irmãos Jefferson Fernando Naves Pinto e Jenniffer Fernanda Naves Pinto, e minhas avós Beatriz Alves Pinto e Estelita Naves da Silva por toda luta e sacrifício vividos junto a mim nesta caminhada.

Ofereço e dedico.

## **AGRADECIMENTOS**

Primeiramente agradeço a Deus, que me guia e protege meus passos através do meu caminho, me concedendo mais esta conquista.

Aos meus pais Luiz Fernando e Stael Naves, cuja fé em mim me ensinou a ter fé em mim mesmo e em Deus, me ensinado a virtude da honestidade e do respeito pelas pessoas e pela natureza das coisas.

A minha noiva Kelly Fernandes da Silva que sempre esteve ao meu lado, abrindo mão do convívio com a família e do conforto para caminharmos juntos em busca do meu sonho.

Ao meu orientador Professor Dr. Edésio Fialho dos Reis e aos professores Hildeu Ferreira da Assunção, Antônio Paulino da Costa Neto, João Batista Leite Júnior, Carla Gomes Machado, Danielle Fabíola Pereira da Silva e Willame dos Santos Candido, por todo ensinamento e exemplo de dedicação e honestidade com a ciência.

Aos amigos que aqui formei e levarei comigo por toda a vida, Damião Inácio, Maraiza, Gilmar Amaral, Ederson Civardi e Cristiano por todos os ensinamentos, apoio, confiança e respeito.

A todos os professores e técnicos do PPGA-UFG que tiveram uma importante contribuição para minha formação.

## SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO .....	14
2. REVISÃO DA LITERATURA .....	16
2.1. Cultura do milho .....	16
2.2. Fatores que influenciam a produtividade do milho .....	18
2.3. Melhoramento do milho .....	20
2.4. Interação genótipo x ambiente .....	23
2.5. Adaptabilidade e Estabilidade .....	25
3. MATERIAL E METODOS .....	27
3.1. Material experimental – Populações .....	27
3.2. Execução experimental .....	29
3.3. Avaliações filotécnicas .....	31
3.4. Análise estatística dos dados .....	33
3.4.1. Análise de variância (ANOVA) individual .....	33
3.4.2. Análise de variância (ANOVA) conjunta .....	34
3.4.3. Estimacão dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade .....	36
3.4.3.1. A análise da adaptabilidade e estabilidade pelo método Eberhart & Russel (1966).....	36
3.4.3.2. A análise da adaptabilidade e estabilidade pelo método MHPRVG – com base nos Modelos Mistos.....	38
3.5. Estimacão da resposta à seleçao por ambiente.....	40
3.5.1. Com base em produçao de grãos.....	40
3.5.2. Com base em valores genéticos estimados pelo método MHPRVG - REML/BLUP.....	41
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	41
4.1. Influência de fatores climáticos .....	41
4.2. Análise de variância individual .....	43
4.3. Análise de variância conjunta.....	49
4.4. Análise de adaptabilidade e estabilidade .....	51
4.4.1. Metodologia de Eberhart & Russell (1966) .....	51
4.4.2. Metodologia de Modelos Mistos Resende (2016).....	54

4.5. Ganho por seleção .....	57
4.5.1. Com base em produtividade de grãos para cada ambiente.....	57
4.5.2. Com base em valores genéticos utilizando metodologia de modelos mistos .....	61
4.5.2.1. Seleção por ambiente.....	61
4.5.2.2. Seleção conjunta para produtividade, adaptabilidade e estabilidade via MHPRVG .....	66
5. CONCLUSÕES .....	76
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	77

# ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM POPULAÇÕES DE MILHO

**RESUMO** – O milho apresenta papel importante na economia nacional e mundial, aumentando continuamente a sua produção total devido a avanços em tecnologias, e a abertura de novas fronteiras. Assim a utilização de novas fontes de germoplasma é de fundamental importância, para que possa gerar cultivares mais adaptadas a diversidade de ambientes e épocas de plantio. Objetivou-se no presente trabalho avaliar 36 populações de milho, obtidas de métodos que selecionam a partir da capacidade combinatória, em três ambientes contrastantes, visando identificar a existência da interação genótipo por ambientes, classificar as populações quanto a adaptabilidade e estabilidade, através das metodologias de Eberhart & Russell e Modelos Mistos, indicar as melhores populações para formação de composto e comparar as duas metodologias. Os ambientes avaliados foram: A1 - safrinha na área experimental da UFG com incidência de estresse hídrico; A2 - safra em solo arenoso, em área de agricultura familiar e A3 - safra na área experimental da UFG. Foram avaliadas características agrônômicas de interesse. Foi estimado o ganho por seleção e a análise da adaptabilidade e estabilidade para a variável peso de grãos. A população 36 reuniu alta produção, adaptabilidade e estabilidade geral para os três ambientes. A herdabilidade média dos genótipos ( $h_{mg}^2$ ) obteve valor 0,543, indicando a possibilidade de se fazer seleção. A estimativa de acurácia (73,7%) indica confiabilidade na seleção dos genótipos. As duas metodologias, apresentaram resultados semelhantes na classificação das populações quanto a adaptabilidade e estabilidade nos três ambientes, diferindo, apenas, quanto a classificação de algumas populações.

**Palavras-chave:** Interação Genótipo x Ambiente, Melhoramento, *Zea mays* L.

## ADAPTABILITY AND STABILITY IN CORN POPULATIONS

**ABSTRACT** - Corn presents an important function in the national and global economy, continuously increasing its total production due to advances in technologies, and the opening of new frontiers. The use of new sources of germplasm has a fundamental importance, so that it can generate cultivars more adapted to the diversity of environments and period of planting. The objective of this study was to evaluate 36 populations of maize in three contrasting environments obtained from methods that select from the combinatorial capacity, aiming to identify the existence of the genotype interaction by environments, to classify the populations regarding adaptability and stability, through the methodologies of Eberhart & Russell and Mixed Models, indicate the best populations for compound formation and compare the two methodologies. The environments evaluated were: A1-safrinha in the experimental area of the UFG with incidence of water stress; A2 - harvest in sandy soil, in family agriculture area and A3 - harvest in the experimental area of UFG. Agronomic characteristics of interest were evaluated. The gain by selection and the analysis of the adaptability and stability for the grain weight variable were estimated. Population 36 has high production, adaptability and general stability for the three environments. The average heritability of the genotypes ( $h_{mg}^2$ ) was 0.543, indicating the possibility of making selection. The accuracy estimate (73.7%) indicates reliability in genotype selection. The two methodologies presented similar results in the classification of populations regarding adaptability and stability in the three environments, differing only in the classification of some populations.

**Keywords:** Interaction Genotype x Environment, Breeding, *Zea mays* L.

## 1. Introdução

O milho é considerado uma das plantas cultivadas mais antiga e um dos vegetais superiores de interesse agrônômico mais estudado, possuindo a caracterização genética detalhada. Este vem sendo visto como um bom exemplo das modificações ocorridas durante a domesticação (BESPALHOK FILHO, 2016).

A produção do milho tem como destinos a alimentação animal, a indústria de alta tecnologia e o consumo humano, fato este que caracteriza sua grande importância econômica (MAGALHÃES et al, 2002). Seu uso para alimentação animal representa a maior parte de milho em grãos, isto é, cerca de 70% no mundo e 80% no Brasil (ABIMILHO, 2015).

No Brasil, o milho é a segunda cultura mais produzida, estando atrás somente da soja, com uma área cultivada de 17.391,1 milhões de hectares (CONAB, 2017). A semeadura do milho é feita em praticamente todo o ano, mas seu cultivo tem-se dividido em duas safras principais, a primeira safra e a segunda safra (safrinha), onde a primeira safra é caracterizada pela concorrência de área com a soja no Sul e Sudeste do Brasil, onde a semeadura ocorre entre setembro e dezembro e a colheita, de janeiro a maio. Enquanto o milho de segunda safra (safrinha) é produzido principalmente na região Centro-Oeste e no estado do Paraná, em sucessão à cultura da soja, com semeadura entre janeiro e março e colheita entre maio e agosto. Na grande maioria das áreas produtoras, quando cultivado na primeira safra, a cultura tende a receber melhores condições climatológicas e, assim, demonstra, em geral, uma produtividade maior (CONAB, 2017).

Os aumentos de produtividade obtidos têm sido alcançados graças ao eficiente trabalho desenvolvido pelos programas de melhoramento ao longo dos anos, acoplado às melhorias de tecnologias do sistema produtivo. Em virtude da diversidade de ambientes cultivados com o milho faz-se necessário ações de melhoramento visando o desenvolvimento de cultivares adaptadas a diferentes localidades e a épocas de plantio, permitindo a indicação de forma adequada para as diferentes particularidades relacionadas ao sistema produtivo.

No entanto, há um fenômeno natural que agrava esta recomendação conhecida como “interação genótipos por ambientes”. As interações de genótipos por ambientes podem ocorrer devido a respostas diferentes de genótipos em diferentes ambientes ou por expressão semelhante de diferentes genótipos em

diferentes ambientes (COCKERHAM, 1963). Obter estimativas da interação genótipos por ambientes é de suma importância tanto para os melhoristas quanto para os produtores. No caso dos produtores a importância está no fato de que os cultivares que tem o mínimo de interação com ambientes, indica menor risco, pois apresenta comportamento uniforme nos diferentes ambientes, no entanto, deve-se considerar que para ambientes discrepantes essa característica pode não ser vantajosa, uma vez que a recomendação para ambientes específicos pode ser uma boa opção.

Por outro lado, o melhorista deve planejar no programa de melhoramento ações que viabilize, na existência de interações, desenvolvimento de cultivares específicos para determinado ambiente. Assim, é de grande importância o conhecimento do tipo de interação dos genótipos frente às variações ambientais, pois ela reduz a precisão da seleção de genótipos de um ambiente para outro, ou seja, em ambientes contrastantes, o processo de seleção e indicação de cultivares deve levar em consideração essas particularidades, pois havendo interação genótipo por ambiente ( $G \times A$ ) do tipo complexa, ocorre a alteração no ordenamento das populações devido a alteração do ambiente em estudo, o que torna a recomendação dos genótipos nos ambientes mais difícil.

Na presença de interação de genótipos por ambientes, o estudo da adaptabilidade e estabilidade torna-se de importância crucial, pois permite a indicação nos diferentes extratos ambientais. Segundo MARIOTTI et al. (1976) a adaptabilidade é considerada como a capacidade dos genótipos de aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente, sendo esta uma vantagem sob o ponto de vista produtivo; e a estabilidade, segundo CRUZ et al., (2012), é definida como a capacidade de os genótipos expressarem um comportamento altamente previsível em função da qualidade do estímulo ambiental. Este conceito tem obtido grande aceitação atualmente.

Neste sentido objetivou-se no presente trabalho avaliar diferentes populações de milho, originadas de métodos que selecionaram a partir da capacidade combinatória seguidos de recombinação, quanto ao comportamento em três ambientes contrastantes, visando identificar a existência da interação genótipo por ambientes, classificar as populações quanto a adaptabilidade e estabilidade, através das metodologias de Eberhart & Russell que consideram os valores fenotípicos, e Modelos Mistos que consideram os valores genotípicos. Assim indicar, por meio de

processo seletivo, as melhores populações para ambientes específicos na formação de variedade composta para compor novas populações para futuras ações de melhoramento para estes ambientes, ainda, ao fim, comparar as duas metodologias.

## 2. REVISÃO DA LITERATURA

### 2.1. Cultura do milho

O milho (*Zea mays L.*) pertence à ordem Gramineae, família Poaceae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays L.* É uma espécie diploide ( $2n = 20$ ), monóica e alógama, que tem seu centro de origem no México. Tendo como espécie ancestral o Teosinto, com origem a mais de 8000 anos e cultivada em muitas partes do mundo. O milho apresenta crescimento mais compacto e maior dificuldade na dispersão natural, quando comparado com o Teosinto, pois os grãos estão aderidos ao sabugo e são envolvidos e protegidos pela palha (BESPALHOK FILHO, 2016). Segundo dados o milho é o cereal mais produzido no mundo, ficando à frente de trigo e arroz, a safra mundial de milho, para 2017, é esperada em 1.037 bilhão de toneladas USDA, (2017).

No Brasil o cultivo do milho tem se dividido entre milho primeira safra tendo como os maiores produtores, responsáveis por 87% da produção nacional, os estados do Paraná, Minas Gerais, Rio Grande do Sul, São Paulo, Santa Catarina, Goiás e Bahia, e, milho segunda safra (safrinha) tendo como maiores produtores, responsáveis por 98% da produção nacional, os estados do Mato Grosso, Paraná, Mato Grosso do Sul, Goiás e Bahia (CONAB, 2017). Neste cenário a maior parte da produção brasileira (81%) concentra-se nas regiões Centro-Sul, onde o Sul contribui com 23,89%, o Sudeste com 12,88% e o Centro-Oeste com 44,38% (CONAB, 2017).

Segundo dados da CONAB, (2017), para o ano agrícola 2016/17, a área brasileira cultivada com milho primeira safra está estimada em 5,541 milhões de hectares com uma produção que deverá alcançar 30,151 milhões de toneladas, resultando em uma produtividade estimada de  $5,4 \text{ tha}^{-1}$ . Por sua vez, o milho segunda safra (safrinha), possui área estimada em 11,824 milhões de hectares, com uma produção que pode alcançar 63,522 milhões de toneladas, devendo atingir  $5,3 \text{ tha}^{-1}$  de produtividade (CONAB, 2017).

O município de Jataí se destaca como o 2º maior produtor nacional de milho em valor de colheita e área cultivada, com mais de 200.000 ha<sup>-1</sup>, no cenário estadual Jataí se destaca como maior produtor, tendo uma média de produtividade do milho de 7,3 tha<sup>-1</sup> (IBGE, 2016). Indicando ser superior à média de produtividade nacional de milho, que é de 5,4 tha<sup>-1</sup> (CONAB, 2017).

Jataí pertence à Mesorregião do Sul Goiano, localizado na Microrregião do Sudoeste de Goiás, situado entre as coordenadas de latitude: 17º 52' 53"S e longitude: 51º 42' 52"W. Sendo a área total do município de 7174,1 Km<sup>2</sup>. E delimitado entre as bacias do Araguaia e do Paraná, situado na Serra do Caiapó. Sua rede hidrográfica pertence à bacia do Paraná, sendo constituída de afluentes da margem direita do Parnaíba, tendo destaque o Rio Claro e o Rio Doce (afluente) (JATAÍ, 2017).

O clima de Jataí apresenta duas estações bem definidas uma seca que se estende de maio a setembro e outra chuvosa se estendendo de outubro a abril, com índices pluviométricos de 1800 mm, porém mal distribuídos ao longo do ano. Baseado na classificação de Köppen, (1918) Jataí está incluído como clima megatérmico Aw “ (Tropical de savana com inverno seco e verão quente e chuvoso) ” (MARIANO, 2005).

Segundo Silva & Andrade, (2012), a temperatura média é de 25°C, no verão, e a precipitação (mm) média mensal no verão é de aproximadamente 300 mm. O período de maior precipitação vai de novembro a janeiro com somatório de 828 mm, correspondendo a 46% da precipitação de todo o ano. O período seco do ano (abril a setembro) possui temperatura média de 23°C. Durante o inverno, estão os três meses mais secos: junho, julho e agosto, que juntos somam cerca de 49 mm de precipitação, ou seja, representam apenas 3% das chuvas de todo o ano.

A análise dos dados climatológicos, bem como a leitura das precipitações auxilia no planejamento do cultivo, tendo em vista os severos períodos de estiagem e déficit hídrico principalmente durante os meses de maio a setembro período que afeta a safrinha, a qual é semeada de janeiro a março. Já em relação ao período que compreende os meses de dezembro a abril, o clima da região apresenta boa oferta hídrica, registrando excedente neste período.

Jataí tem área cultivada com soja de 285.000 hectares, e rendimento de 2,9 tha<sup>-1</sup>. A área cultivada com milho é de 219.000 hectares com produtividade média

7,3  $\text{tha}^{-1}$  (IBGE, 2016). A precocidade da cultivar de soja é muito importante, pois cada dia de antecipação da colheita da soja pode significar um ganho relevante de produtividade do milho. A sucessão soja/milho tem crescido principalmente nos estados do Paraná, Mato Grosso do Sul, Sudoeste de Goiás e Mato Grosso. Segundo relatos de Silva Neto (2017) o cultivo da safrinha é favorecido nestas regiões pois o regime de chuvas é mais prolongado e as temperaturas menos frias no final do ciclo do milho o autor afirma ainda que a sucessão soja/milho, além de possibilitar a otimização do solo, maquinários e mão-de-obra, permite que a soja obtenha preços melhores devido a colheita antecipada de variedades precoces.

A possibilidade de uma boa safra de milho na safrinha é altamente influenciada pelas condições climáticas (chuva e temperatura), principalmente na fase vegetativa e reprodutiva da cultura. O cultivo da soja deixa resíduos de nitrogênio que são altamente responsivos ao milho, já o milho safrinha possui um sistema radicular mais eficiente do que o da soja na absorção de fósforo, que fica remanescente no solo após a colheita da soja.

## **2.2. Fatores que influenciam a produtividade do milho**

Em condições experimentais os rendimentos são geralmente, maiores que os obtidos em campos comerciais. Isso está relacionado com uma série de limitações típicas do local de cultivo, como desuniformidade da área (condições físicas e químicas do solo, compactação e tipo de solo), desuniformidade na semeadura e umidade irregular do solo. Observa-se alta dependência da cultura de milho às condições ambientais, especificamente da radiação solar, temperatura do ar e da precipitação. As variações de rendimento de grãos entre épocas de semeadura e entre anos estão altamente relacionadas às diferenças observadas nestes fatores (MUNDSTOCK & SILVA, 2005).

A interação adequada entre os fatores abióticos de produtividade (radiação solar, disponibilidade hídrica e temperatura do ar) são preponderantes para obtenção de altos rendimentos de grãos para cada região, embora outros fatores também possam influenciar (MUNDSTOCK & SILVA, 2005).

A temperatura desponta como o mais importante entre todos os fatores ambientais que influenciam o desenvolvimento da cultura do milho. Segundo Ribeiro,

(2011), a duração das fases fenológicas e ciclo da cultura, são inversamente proporcionais a temperatura do ar. O milho não se desenvolve em temperatura mínima ( $T_b$ ) entre 0 e 10 °C e máxima ( $T_B$ ) em torno de 45 °C, sendo que seu desenvolvimento ótimo ocorre em temperaturas de aproximadamente 30 °C. Landau et al., (2017) relatam que no período da floração, a ocorrência de temperaturas médias superiores a 26°C aceleram o desenvolvimento da cultura do milho nesta fase e, as temperaturas inferiores a 15,5°C, retardam o ciclo. Cada grau acima da temperatura média de 21,1°C nos primeiros 60 dias após a semeadura pode acelerar o florescimento entre dois e três dias. O estresse hídrico e temperaturas elevadas (acima de 35 °C) podem reduzir drasticamente a produção. Por dessecação dos grãos de pólen como dos estilo-estigmas (cabelos da espiga) (WESIMANN, 2008).

Na fase vegetativa inicial da cultura curtos períodos de estiagem podem estimular um aumento no desenvolvimento radicular. Para isso é necessário que o solo apresente boa retenção de água e oxigênio abaixo de 15 cm da superfície. As exigências hídricas da cultura do milho para que possa expressar todo seu potencial, são no mínimo de 400 a 600 mm de precipitação pluvial, sendo que seu uso consuntivo, frequentemente, oscila entre 4 a 6 mm/dia (FANCELLI & DOURADO-NETO, 2000).

O milho é altamente suscetível ao estresse hídrico (MAGALHÃES & DURÃES, 2006). A deficiência hídrica provoca alterações no desenvolvimento das plantas de milho, assim a área foliar é responsável por determinar o uso da água pelas plantas e seu potencial de produtividade é severamente inibido quando exposta a déficit hídrico (SANTOS & CARLESSO, 1998).

A produção possui estreita relação com a área foliar, que é uma característica relevante no desenvolvimento inicial de gramíneas, visto que as folhas são fonte de fotoassimilados para o desenvolvimento das raízes, que são estruturas que participam da assimilação de nutrientes e desempenham importante papel na resistência ao déficit hídrico (BONFIM-SILVA et al., 2011).

Durante a fase vegetativa, o déficit hídrico reduz o crescimento do milho, em função da redução de área foliar. Porém, neste período ainda não estão sendo formados os componentes de rendimento sendo o déficit hídrico menos prejudicial neste período (BERGAMASCHI et al., 2006). Assim, os efeitos sobre a produção de

grãos são diminuídos, se as condições hídricas se tornarem favoráveis, o que pode garantir níveis satisfatórios de produtividade de grãos.

Por outro lado, se o déficit hídrico ocorrer no período crítico da cultura, o qual vai do pré-florescimento ao início do enchimento de grãos (MORIZET & TOGOLA, 1984), nessa fase fenológica, o milho é extremamente sensível ao déficit hídrico, em decorrência dos processos fisiológicos ligados ao início do enchimento de grãos (ZINSELMEIER et al., 1995), além da elevada transpiração, decorrente da máxima área foliar. Se o déficit hídrico ocorrer no período crítico, pode haver redução na produtividade de grãos mesmo em anos com as condições climáticas favoráveis (BERGAMASCHI et al., 2004).

A necessidade de identificar e selecionar quais populações tem maior potencial e menor risco de exploração para cada sistema agrícola, fatores ambientais primários que exercem ação indireta (latitude, altitude, chuva, topografia, textura do solo e composição do solo), e ambientais secundários de ação direta (radiação solar, comprimento do dia, temperatura, água no solo, aeração do solo, minerais do solo), é de primordial importância, pois estes fatores afetam os processos fisiológicos e, conseqüentemente, o rendimento da cultura, e as interações dos genótipos com ambientes indicam quais as limitações irão predominar (DURÃES, 2007).

### **2.3. Melhoramento do milho**

O constante aumento populacional no mundo exige maior produção de alimentos. O milho é o alimento básico da população de vários países, sendo utilizado como matéria-prima para indústrias, alimentação animal e humana (SANTOS, 2009). O milho se destaca como o exemplo da utilização do melhoramento e hibridação. A obtenção de Linhagens autofecundadas e sementes híbridas são extremamente fáceis dentro de um programa de melhoramento de milho devido à característica monóica, que a torna apta à realização de cruzamentos controlados e autofecundações (BUENO et al., 2001).

Estima-se que os primeiros métodos de seleção massal datem de 10 mil anos atrás e que, por simples análises fenotípicas, os melhoristas primitivos selecionavam

plantas mais produtivas e vigorosas, promovendo, assim, sustentação alimentar dos humanos e de seus animais domesticados (HALLAUER, 2011). O uso de tipos desejáveis, mais produtivos e vigorosos, provocou a mudança nas frequências gênicas das espécies em uso, embora, as teorias acerca do melhoramento de plantas só tenham progredido após a redescoberta dos clássicos experimentos de Mendel no início do século XX. Deste modo, o melhoramento como arte foi praticado por um longo período proporcionando contribuições muito valiosas na agricultura mundial (NASS et al., 2001).

Hallauer, (2011) conceituou o melhoramento de plantas, como sendo a arte e a ciência de melhorar o padrão genético das plantas para sua utilização econômica. Neste sentido, para o melhoramento de milho, no seu sentido amplo, pode-se dizer que ele é dirigido essencialmente para atender algumas alternativas: a) melhorar o padrão agrônomo das populações; b) sintetizar novas populações; c) incorporar germoplasma, inserindo genes específicos de interesse; d) obtenção de variedade de polinização livre e, e) obtenção de híbridos (GARBUGLIO & ARAUJO, 2006).

O sucesso de um programa de melhoramento depende basicamente da escolha dos germoplasmas que serão incorporados aos trabalhos de seleção. Com o avanço da agricultura altamente tecnificada, o mercado requer cada vez materiais mais uniformes, com alta produtividade, o que pode levar a maior vulnerabilidade genética. O aumento na diversidade de ambientes explorados pela agricultura, e a exigência por materiais mais produtivos nas mais diversas condições climáticas e ambientais, gera a necessidade de se explorar um conjunto cada vez maior de cultivares melhoradas para as condições específicas de cada região, visando a indicação daquelas mais adequadas para maior produção de alimentos.

Dialelos e topcrosses são metodologias que possibilitam a expressão de heterose e permitem avaliar o desempenho das linhagens genitoras com menor influência de erro experimental. O conceito de cruzamentos dialélicos foi apresentado por Hayman, (1954) e Griffing, (1956) como a recombinação da variabilidade genética disponível dentro do programa, ocorrendo a combinação entre todos os genitores, onde com (n) genitores é possível a obtenção de (n<sup>2</sup>) combinações, permitindo a obtenção de novos genótipos.

Segundo Carvalho et al. (2004), a principal restrição oriunda dos cruzamentos dialélicos completos, ocorre quando se tem um grande número de genitores

envolvidos e o número de combinações híbridas a serem avaliadas se torna relativamente grande, tais fatores proporcionam o inconveniente do alto custo, em muitas circunstâncias tornando-se limitante ao programa de melhoramento. O modelo de dialelo parcial foi esclarecido por Kempthorne & Curnow, (1961), método desenvolvido para aumentar o número de genitores que podem ser incluídos nos cruzamentos dialélicos (HALLAUER et al., 2010).

Bernini e Paterniani, (2012) citam que pelo método de análise dialélica é possível estimar parâmetros genéticos úteis na seleção de genitores para hibridação, como a identificação das ações gênicas do controle dos caracteres, identificando ainda as melhores combinações das linhagens a serem utilizadas como genitor masculino e genitor feminino, com objetivo de proporcionar a máxima expressão heterótica nos híbridos. Vencovsky, (1987) também menciona que os cruzamentos dialélicos permitem a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, desta forma aumentando o número de informações para o melhorista e contribuindo para as tomadas de decisões.

O método de topcrosses, proposto por Davis, (1924), que consiste em avaliar um grande número de linhagens em cruzamentos com um testador de base genética ampla, eliminando as linhagens de desempenho inferior, tornando mais eficiente o melhoramento (NURMBERG et al., 2000). Embora aparentemente simples, este método apresenta certa dificuldade na definição do testador adequado para o grupo de linhagens que se deseja avaliar (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987).

Neste sentido, Hallauer & Miranda Filho, (1988) relatam que testadores de base ampla são úteis para obtenção das estimativas da capacidade geral de combinação, enquanto aqueles de base genética estreita são úteis para estimação da capacidade específica de combinação, relatam ainda que o método tem os seguintes objetivos: a) avaliação da capacidade de combinação de linhagens e, b) avaliação do valor genético dos genótipos da população a ser melhorada.

Di Salvo, (2011) relata que atualmente a maior parte do mercado produtor de sementes de milho está direcionado para agricultores que dispõem de alta tecnologia, dando preferência, principalmente, para os híbridos simples, triplos e duplos, não utilizando variedades de polinização aberta, pois esta apresenta produção inferior quando comparadas à um híbrido comercial. No entanto, embora seja menor, existe uma fatia do mercado de sementes de milho que é voltada para

os agricultores com menor nível tecnológico e que, devido às vantagens da utilização das variedades de polinização aberta nessas condições, fazem uso deste tipo de cultivar. Neste sentido variedades sintéticas foram definidas por Lonquist, (1961) como uma população de polinização aberta, derivada do intercruzamento de plantas autofecundadas ou linhagens, sendo posteriormente mantidas por esquemas de seleção massal a partir de plantios isolados. Quando são utilizadas variedades de polinização aberta ao invés de linhagens, como é o caso do presente trabalho a população resultante é chamada de variedade composta (DI SALVO, 2011).

Bueno et al., (2001) relatam que um objetivo básico do melhoramento é: selecionar genótipos com alta produtividade e adaptação a vários ambientes. Porém este objetivo torna-se difícil de analisar a interação  $G \times A$ , onde se tem uma resposta diferente dos genótipos nos vários ambientes, tornando o trabalho do melhorista mais difícil pelo fato dos genótipos terem que ser testados nos ambientes onde serão recomendados (RAMALHO et al. 1989). Para Borém, (2013), é de extrema importância que ao iniciar o programa de melhoramento, seja definido o objetivo, isto é, se o objetivo é desenvolver variedades produtivas em um grande número de ambientes, ou uma variedade altamente adaptada a um ambiente específico.

#### **2.4. Interação genótipo x ambiente**

A agricultura tem buscado a cada dia um maior controle das condições ambientais, seja pela aplicação de fertilizantes, controle de plantas daninhas e insetos, bem como a utilização de ambientes protegidos (BORÉM, 2013). Esta incessante busca tem facilitado a abertura de novas áreas de cultivo, em ambientes distintos dos centros de origem das espécies cultivadas. O cultivo de variedades em diferentes ambientes, pode resultar em desempenho distintos das variedades nos ambientes, isto é, a alteração na performance das variedades, devido a mudança de ambiente, sendo denominada de interação genótipo x ambiente ( $G \times A$ ), (BORÉM, 2013).

Avaliar a interação genótipo x ambiente ( $G \times A$ ) é de grande importância no melhoramento, pois, havendo tal interação, há a possibilidade do melhor genótipo

em um ambiente não ser o melhor em outro, este fato é descrito como interação complexa, que indica a inconsistência da superioridade de genótipos devido a variação ambiental. Outra interação possível é denominada simples, que é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos dentro dos ambientes (CRUZ et al., 2012).

Segundo Borém, (2013), ambiente é todo fator que influencia o desenvolvimento da cultura sem que este seja de origem genética, como regiões, épocas, anos e práticas culturais. O genótipo refere-se à constituição genética do indivíduo, ou seja, aos genes que ele possui (MENDOZA GONZÁLEZ et al., 2014). Já o fenótipo é o resultado da interação entre o genótipo e o ambiente, onde fenótipo se refere as características apresentadas por um indivíduo, sejam elas morfológicas ou fisiológicas (CRUZ et al., 2012).

Bueno et al., (2001) relatam que o fenótipo pode ser afetado pelo ambiente, onde  $F$  (fenótipo) =  $G$  (genótipo) +  $A$  (ambiente), e que um terceiro fator surge quando se trabalha com mais de um genótipo e dois ou mais ambientes, sendo este fator a interação  $G \times A$ . Os componentes da interação  $G \times A$ , podem ser estimados quando se trabalha com mais de um genótipo em mais de um ambiente, fazendo primeiramente a análise de variância individual dentro de cada ambiente, posteriormente sendo feita a análise conjunta dos dados (RAMALHO et al., 1993). Após ser estabelecido o modelo estatístico, deve-se definir se os efeitos são fixos ou aleatórios: sendo fixo quando não puder ser generalizado, utilizando-se as fontes de variação do experimento, e aleatório quando as fontes de variação forem uma amostra da população (RAMALHO et al., 1993).

Para Pimentel-Gomes (2009), a maneira mais comum de se observar as interações ( $G \times A$ ) é a análise conjunta da variância. Onde através desta análise a magnitude das interações  $G \times A$  é avaliada pela variância dos efeitos genótipos por ambientes, a partir da interação  $G \times A$ , é possível focar em adaptação e estabilidade, porém eles não devem ser considerados como um só. Vencovsky et al., (1988) em estudos com milho trabalharam com a adaptabilidade como sendo adaptação ecológica a diferentes ambientes, e estabilidade como sendo a habilidade de genótipos de se adaptarem às condições climáticas, e verificaram que essas duas propriedades não se relacionam quanto ao rendimento de grãos.

Cruz et al., (2012) relatam que estudos da interação genótipos X ambientes, não proporcionam informações específicas sobre o comportamento de cada genótipo frente as variações ambientais. Assim se faz necessário realizar análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais é possível identificar cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, em condições específicas ou amplas.

Na atualidade, há mais de uma dezena de metodologias de análises de adaptabilidade e estabilidade destinada a avaliação de um grupo de material genético. Cada método tem sua utilização mais adequada ou com informações mais detalhadas dependendo do tipo de análise que se pretende adotar.

## **2.5 Adaptabilidade e estabilidade**

Diferentes metodologias para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade tem sido desenvolvidas e, ou, aprimoradas. Estas metodologias baseiam-se em análise de variância, regressão linear, regressão não linear, análises multivariadas e estatísticas não paramétricas (BASTOS et al., 2007), e modelos mistos (RESENDE & DUARTE, 2007).

Dentre os métodos propostos o de Eberhart & Russell, (1966), baseia-se na análise de regressão linear simples, que mede a resposta de cada genótipo frente às variações ambientais. Método utilizado, com bastante sucesso principalmente quando se trabalha com no mínimo 3 ambientes, em diversas culturas, tais como: aveia, arroz, trigo, soja, feijão, sorgo, milho e mandioca (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Esta metodologia considera que tanto os coeficientes de regressão dos valores fenotípicos de cada genótipo, em relação ao índice ambiental, quanto os desvios dessa regressão, proporcionam estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, respectivamente (MATTA, 2016). Segundo Lynch & Walsh, (1998) a aplicação do modelo proposto por Eberhart & Russell, (1966), proporciona uma base para ordenar os genótipos com respeito à sua resposta às mudanças ambientais.

Carvalho et al., (2014) trabalhando com produção de grãos e massa verde de milho no estado do Tocantins, obtiveram efeitos significativos da interação entre

genótipo e experimento, demonstrando a resposta diferencial dos genótipos nos experimentos estudados, justificando assim, a determinação da adaptabilidade e estabilidade para ambas as características, pela metodologia de Eberhart & Russell, (1966)

O método proposto por Resende & Duarte, (2007), utiliza modelos Mistos REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita / Melhor Predição Linear Não-Viesado). A análise por este modelo baseia-se nas estimativas em que, quanto menor for o desvio-padrão do comportamento genotípico através dos ambientes, (safras, anos ou locais), maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através dos ambientes. Assim, a seleção por (MHVG) implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade. Já a adaptabilidade, refere-se ao desempenho relativo dos valores genotípicos (PRVG) nos ambientes. Assim, os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada ambiente e, posteriormente, obtém-se o valor médio dessa proporção nos ambientes (SILVA et al., 2016).

Para Resende (2002) a seleção simultânea para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, pode ser realizada pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos. Método este que permite selecionar simultaneamente pelos três atributos mencionados apresentando, dentre outras, as seguintes vantagens: 1) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; 2) permite lidar com heterogeneidade de variância; 3) permite considerar erros correlacionados dentro de ambientes; 4) fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; 5) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; 6) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; 7) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente.

A análise REML/ BLUP pode ainda permitir inferências adicionais como: seleção de genótipos produtivos, estáveis e responsivos à melhoria do ambiente e seleção por estes atributos conjuntamente (STURION & RESENDE, 2005).

As análises de adaptabilidade e estabilidade é uma forma alternativa de estudo da interação genótipo com o ambiente (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Segundo Borém, (2013), adaptabilidade refere-se à capacidade de um genótipo em

aproveitar as variações ambientais, já a estabilidade e a capacidade do genótipo em apresentar comportamento altamente previsível independente do ambiente. Já Vencovsky & Barriga, (1992), relatam que para a análise de estabilidade ser considerada, é necessário que a análise conjunta dos dados seja significativa para cultivares x ambientes.

Borém, (2013) exemplifica dois tipos de estabilidade: estática e dinâmica. Onde a estabilidade estática refere-se ao comportamento constante, independente da mudança ambiental, sem que ocorra desvio de performance. Já a estabilidade dinâmica, é o comportamento previsível mesmo com a variação ambiental.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Material experimental – Populações**

Foram avaliadas 36 populações (Tabela 1), dos quais 17 são derivados da avaliação de linhagens parcialmente endogâmicas em esquema topcross, outras 14 são originadas de compostos formados pela avaliação em dialelo parcial entre híbridos comerciais e populações semiexóticas, que se refere a introdução de populações exóticas, ou seja, que não são adaptadas a região de estudo e posterior cruzamento com uma população adaptada ao local de estudo (OLIVEIRA et al., 2012). Ainda foram incluídas duas populações pertencentes ao programa de melhoramento da UFG/Regional Jataí sendo o CRE-01 e TGMV, sendo incluídas 3 testemunhas (um híbrido comercial modificado com a tecnologia Leptra® de proteção contra insetos e com gene Roundup Ready™; um híbrido comercial convencional com finalidade de uso milho verde e silagem de planta inteira e ainda uma variedade de polinização aberta).

Para produção do topcross foram utilizadas linhagens parcialmente endogâmicas originadas da população MPA (movimento de pequenos produtores). Foi utilizado a geração F<sub>2</sub> do híbrido comercial AG 6040 como testador (base genética ampla), conforme descrito por Ragagnin, et al., (2015). Após avaliação a campo, foi determinada a capacidade combinatória das linhagens parcialmente endogâmicas, e foram aplicadas três estratégias de seleção: E<sub>1</sub> - cinco híbridos

topcross com maior capacidade de combinação para produção de grãos; E<sub>2</sub> - cinco híbridos topcross de maior capacidade combinatória para redução da altura relativa da espiga e E<sub>3</sub> - cinco híbridos topcross de maior capacidade combinatória para resistência múltipla a doenças (principais doenças da cultura do milho: *Cercospora zea-maydis*, *Exserohilum turcicum*, *Phaeosphaeria maydis*, *Puccinia polysora*). Ouve coincidência de um híbrido que foi selecionado em duas estratégias. Ainda, com base na capacidade combinatória estabelecida nas estratégias E<sub>1</sub>, E<sub>2</sub> e E<sub>3</sub> foram resgatadas sementes das linhagens parcialmente endogâmicas e as mesmas misturadas para gerar três “Bulks” para formação de três sintéticos.

O dialelo parcial foi formado por 5 populações de geração F<sub>2</sub> de híbridos comerciais e 9 populações do grupo NAP (populações desenvolvidas no projeto NAP-Milho - Núcleo de Apoio à Pesquisa do Milho – USP) por recombinação entre acessos do Banco de Germoplasma do CENARGEN/EMBRAPA. Foi feita a predição de compostos, conforme descrito por Silva et al., (2017), sendo indicado a melhor combinação do híbrido comercial para cada população do grupo NAP-Milho nas duas épocas avaliadas (safra e segunda safra). Foram originadas, deste arranjo preditivo, 14 populações.

Ainda compõem o trabalho duas populações pertencentes ao programa de melhoramento da UFG/Regional Jataí designadas como CRE-01 e TGMV. A CRE-01 tem origem no cruzamento entre linhagens endogâmicas (S<sub>4</sub>) do CIMMYT (Colômbia), selecionadas para resistência ao complexo do enfezamento com testadores – 50% do material genético de cada –, sendo o híbrido P3041, resistente ao complexo de enfezamento, foi usado como testador. A população aqui utilizada foi submetida a dois ciclos de seleção recorrente para produção de grãos.

O TGMV tem origem a partir do sintético obtido através de cruzamento de híbridos comerciais com potencial para prolificidade. Foram realizados dois ciclos de seleção recorrente para as condições do Sudoeste Goiano, sendo uma delas com foco em características adequadas para produção de milho verde.

**Tabela 1.** Decodificação e origem dos 36 genótipos, avaliados em três ambientes contrastantes

CODIFICAÇÃO	ORIGEM	Populações <sup>1</sup>
1	Topcross	gen67
2	Topcross	gen14
3	Topcross	gen44
4	Topcross	gen69
5	Topcross	gen48
6	Topcross	gen24
7	Topcross	gen5
8	Topcross	gen59
9	Topcross	gen45
10	Topcross	gen62
11	Topcross	gen1
12	Topcross	gen23
13	Topcross	gen52
14	Topcross	gen54
15	Dialelo	NAPFA x HG81
16	Dialelo	NAPFL x HG81
17	Dialelo	NAPFB x HG81
18	Dialelo	NAPDB x HG75
19	Dialelo	NAPHT x HG55
20	Dialelo	NAPPP x HG81
21	Dialelo	NAPPZ x HG55
22	Dialelo	NAPPM x HG75
23	Dialelo	NAPCS x HG81
24	Dialelo	NAPFA x HG55
25	Dialelo	NAPFL x HG55
26	Dialelo	NAPFB x HG55
27	Dialelo	NAPDB x HG55
28	Dialelo	NAPCS x HG55
29	Sintético topcross	Mistura sementes S <sub>2</sub> doença
30	Sintético topcross	Mistura sementes S <sub>2</sub> produção
31	Sintético topcross	Mistura sementes S <sub>2</sub> altura Relativa da espiga
32	Testemunha	Híbrido transgênico modificado
33	Testemunha	Variedade comercial
34	Testemunha	Híbrido convencional
35	Resistente ao complexo do Enfezamento	CRE-01
36	Prolificidade/Milho verde	TGMV

<sup>1</sup>Populações 1 a 14: Híbridos Topcross (1-5: selecionado para maior produção de grãos; 6-10: selecionado para menor altura relativa da espiga; 5 e 11-14: selecionado para maior tolerância múltipla a doença); populações 15 a 28 composto originado do dialelo (15-23: composto estabelecido em condições de safra normal; 19-22 e 24-28: composto estabelecido em condições de segunda safra); 29: Sintético mistura de 5 famílias S<sub>2</sub> de melhor desempenho para tolerância à doenças foliares; 30: Sintético mistura de 5 famílias S<sub>2</sub> de melhor desempenho para produção de grãos; 31: Sintético mistura de 5 famílias S<sub>2</sub> de menor altura relativa da espiga; 32: Híbrido comercial 30S31H; 33: Híbrido comercial AG1051; 34: Variedade comercial Al-Bandeirantes; 35: população CR01; 36: população TGMV.

### 3.2. Execução experimental

O plantio foi feito em três ambientes contrastantes (Tabela 2), sendo no primeiro ambiente na data de 18 de fevereiro de 2016 no período da safrinha, para o

segundo ambiente o plantio foi realizado em 26 de novembro de 2017 e no terceiro ambiente em 23 de novembro de 2017 ambos no período da safra 2016/2017.

Os dados climatológicos relativos ao período experimental foram obtidos através de registros coletados pelo INMET – Instituto Nacional de Meteorologia, (2017), em estação meteorológica localizada na Universidade Federal de Goiás - Campus Jatobá, situado na cidade de Jataí/Goiás. Foram utilizadas 36 populações (Tabela 1) em três ambientes contrastantes na safrinha de 2016 e safra 2016/2017. O contraste dos ambientes se manifesta pela época de plantio ou tipo de solo.

Assim no primeiro ambiente – A1, que foi afetado por veranico na fase de pré-florescimento e enchimento de grãos, sendo este avaliado durante a segunda safra (safrinha 2016), e o terceiro ambiente – A3, que foi avaliado durante a safra 2016/2017, ambos foram conduzidos na área experimental do Campus da UFG em Jataí-GO, situado na microrregião do Sudoeste Goiano, com 17°53' S e 52°43' W e 680 m de altitude. O solo da área experimental é classificado como Latossolo Vermelho Distroférico, de textura média, com 22,09% de areia, 16,86% de silte e 61,06% de argila, diferindo entre si somente pela época de cultivo.

O segundo ambiente – A2, foi avaliado durante a safra 2016/2017, na área de agricultura familiar em Jataí-GO, situado na microrregião do Sudoeste Goiano, com 17°47'38.1"S 51°47'44.5"W e 680 m de altitude. Sendo um solo arenoso com 86,82% de areia, 3,47% de silte e 9,71 de argila.

**Tabela 2.** Ambientes contrastantes avaliados

<b>Ambientes</b>	<b>Época de Plantio</b>	<b>Área</b>	<b>Solo</b>	<b>Areia%</b>	<b>Silte%</b>	<b>Argila%</b>
<b>A1</b>	Safrinha 2016	UFG	Latossolo	22,09	16,86	61,06
<b>A2</b>	Safra 2016/17	Agricultura Familiar	Arenoso	86,82	3,47	9,71
<b>A3</b>	Safra 2016/17	UFG	Latossolo	22,09	16,86	61,06

Os experimentos foram conduzidos nos ambientes considerados em delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições. As parcelas foram de duas linhas de cinco metros espaçadas de 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, sendo intercalado três testemunhas.

A adubação de plantio foi feita de acordo com análise de solo, sendo utilizada a formulação 04-20-18 e, em cobertura, foram realizadas duas adubações, sendo a primeira em V4, com a formulação NPK 20-00-20, e a segunda uma semana depois,

com sulfato de amônio. Para o controle de pragas foi realizado tratamento de sementes com inseticida fipronil e duas aplicações de Diflubenzuron aos 20 e 35 dias após a semeadura. O controle de plantas daninhas foi feito com duas aplicações de tembotriona e atrazine nas doses de 240 ml e 3 L ha<sup>-1</sup> em pós-emergência do milho e das plantas daninhas aos 20 e 35 dias após a semeadura.

### **3.3. Avaliações fitotécnicas**

Durante a fase vegetativa da cultura foram avaliados os seguintes caracteres:

- I. Altura da planta (AP) – medida em metros, do nível do solo até a inserção da folha bandeira (média de cinco plantas aleatórias de cada linha);
- II. Altura da espiga (AE) – medida em metros, do nível do solo até a inserção da espiga (média de cinco plantas aleatórias de cada linha). Foram utilizadas as mesmas plantas em que se obteve altura de plantas;
- III. Número de dias para florescimento feminino (NDFF) – corresponde ao período compreendido entre a semeadura e o florescimento feminino, que é evidenciado quando 50% de plantas da parcela estiverem com estilo-estigma emitido e visível;
- IV. Número de dias para florescimento masculino (NDFM) - corresponde ao período compreendido entre a semeadura e o florescimento, que é evidenciado quando 50% de plantas da parcela estiverem liberando pólen;
- V. Stande (STANDE) – definido como número de plantas por parcela, obtido por contagem direta de todas as plantas na parcela após o florescimento;
- VI. Número de espigas (NESP) – definido como número de espigas por parcela, obtido por contagem direta após a colheita;
- VII. Comprimento da espiga (CE) – obtido através de medição simples, com régua graduada em cm, de 5 espigas ao acaso, após a colheita;
- VIII. Diâmetro da espiga (DE) – obtido através de medição simples, com régua graduada em cm, de 5 espigas ao acaso, após a colheita, sendo colocadas as 5 espigas uma ao lado da outra, para que seja feita a medição do diâmetro das 5 espigas.

- IX. Número de fileiras por espiga (NL) – obtido através de simples contagem do número de fileiras de grãos na espiga, sendo mensurado 5 espigas por parcela;
- X. Número de grãos por fileira (NG) – obtido através de simples contagem do número de grãos por linha na espiga, sendo mensurado 5 espigas por parcela;
- XI. Peso de espigas (PE) – obtido através da pesagem de todas espigas despalhadas da parcela;
- XII. Peso de grãos (PG) – obtido através da pesagem de todas espigas da parcela debulhadas;

Os dados de PE e PG foram corrigidos para umidade (b.u) de 13%, utilizando a seguinte expressão:

$$P_{13} = \frac{PC(100 - U)}{87}$$

em que:

$P_{13}$ : é o peso de grãos corrigidos para 13%;

PC: é o peso de grãos;

U: é a umidade dos grãos no momento da pesagem em percentagem, de cada parcela constituinte no experimento.

A Umidade de grãos foi medida em porcentagem (b.u), com utilização do aparelho eletrônico G650, da marca GEHAKA AGRI.

XIII. Altura relativa da espiga (ARESP) - é dada pela razão entre altura de planta e altura de espigas e;

XIV. Prolificidade (PROLF) – é dada pela razão entre número de espigas e o estande final;

Os dados de peso de espigas e peso de grãos foram ajustados para o estande ideal de 50 plantas/parcelas, utilizando-se como covariável o estande final. Para correção do estande utilizou-se o método da covariância descrito por Vencosvsky & Barriga, (1992).

### 3.4. Análise estatística dos dados

#### 3.4.1 Análise de variância (ANOVA) individual

A análise de variância (ANOVA) individual (Tabela 3), para todas as características, em cada ambiente utilizado, foi realizada para avaliar a existência de variabilidade genética entre as populações avaliadas, pelo programa Genes (CRUZ, 2013), de acordo com o seguinte modelo, com populações de efeito aleatório e ambientes fixos:

$$\text{Modelo: } Y_{ij} = m + G_i + A_j + E_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$ : Efeito da  $i$ -ésima população no  $j$ -ésimo bloco;

$m$ : Média;

$G_i$ : Efeito da  $i$ -ésima população;

$A_j$ : Efeito do  $j$ -ésimo bloco;

$E_{ij}$ : Erro aleatório na  $i$ -ésima população no  $j$ -ésimo bloco.

**Tabela 3** – Esquema da análise de variância (anova) em cada ambiente

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	F
<b>Blocos/Ambientes</b>	$r - 1$	$SQB$	$QMB$	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
<b>Populações</b>	$g - 1$	$SQT$	$QMT$	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	$QMT/QMR$
<b>Resíduo</b>	$(r - 1)(g - 1)$	$SQR$	$QMR$	$\sigma^2$	
<b>Total</b>	$(rg) - 1$	$SQT_o$			
<b>Média</b>	$m$				
<b>CV%</b>	$\frac{(100\sqrt{QMR})}{\bar{Y}}$				

$r$  = número de blocos;  $g$  = número de populações;  $SQB$  = soma de quadrados de blocos;  $SQT$  = soma de quadrados de populações;  $SQR$  = soma de quadrados de resíduo;  $SQT_o$  = soma de quadrados total;  $QMB$  = quadrado médio blocos;  $QMT$  = quadrado médio populações;  $QMR$  = quadrado médio resíduo;  $CV$  = coeficiente de variação.

A estimação dos parâmetros genotípicos e ambientais foram obtidos pelas seguintes equações:

$$\text{Variância genotípica: } \sigma_g^2 = \frac{QMT - QMR}{r}$$

$$\text{Variância residual: } \sigma^2 = QMR$$

$$\text{Coeficiente de determinação genotípico: } h^2 = \frac{\sigma_g^2}{QMT/r}$$

A ANOVA para os caracteres mensurados (AP, AE, ARES, FF, FM, PROLIF, CE, DE) foram feitas com médias de parcelas e para (PE, PG, NE, NLIN e NGR) com o total da parcela. A análise de variância foi feita de acordo com o modelo em blocos ao acaso conforme Cruz et al., (2012);

### 3.4.2. Análise de variância (ANOVA) conjunta

A análise conjunta de todos os ambientes (Tabela 4) foi feita de acordo com o modelo a seguir:

$$Y_{ijk} = m + G_i + A_k + B_{(k)j} + (GA)_{ik} + E_{(k)ij}$$

em que:

$Y_{ijk}$  = e a observação da população i no bloco j dentro do ambiente k;

$m$  = e a média;

$G_i$  = e o efeito da população i;

$A_k$  = e o efeito do ambiente k;

$B_{(k)j}$  = e o efeito do bloco j dentro do ambiente k;

$(GA)_{ik}$  = e o efeito da interação população i e ambiente k;

$E_{(k)ij}$ : e o erro experimental médio.

O esquema da ANOVA conjunta está descrito na Tabela 4, o qual considera populações (G) como efeito aleatório, ambiente (A) como efeito fixo e interação genótipo X ambiente (G X A) como efeitos aleatórios:

**Tabela 4 – Esquema da análise de variância (anova) conjunta**

FV	GL	SQ	QM	E(QM)	F
<b>Blocos/ Ambientes</b>	$(r - 1)a$	SQB/A	QMB/A	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
<b>Ambientes(A)</b>	$a - 1$	SQA	QMA	$\sigma^2 + r\alpha\sigma_{ga}^2 + g\sigma_b^2 + gr\phi_a$	$\frac{QMA + QMR}{QMB + QMGA}$
<b>Genótipos (G)</b>	$g - 1$	SQG	QMG	$\sigma^2 + ar\sigma_g^2$	$\frac{QMG}{QMR}$
<b>G x A</b>	$(a - 1)(g - 1)$	SQGA	QMGA	$\sigma^2 + r\alpha\sigma_{ga}^2$	$\frac{QMGA}{QMR}$
<b>Resíduo</b>	$(g - 1)(r - 1)a$	SQR	QMR	$\sigma^2$	
<b>Total</b>	$gra - 1$	SQT <sub>o</sub>			
<b>Média</b>	$m$				
<b>CV%</b>	$CV\% = \frac{\sqrt{QMR}}{\hat{m}} \times 100$				

**Efeito fixo de ambiente e aleatório para as demais fontes.** r = número de repetições; a = número de ambientes; g = número de genótipos; SQB = soma de quadrados de blocos; SQA = soma de quadrados de ambientes; SQG = soma de quadrados de genótipos; SQGA = soma de quadrados da interação G x A; SQR = soma de quadrados do resíduo; SQT<sub>o</sub> = soma de quadrados total; QMB = quadrado médio blocos; QMA = quadrado médio ambientes; QMG = quadrado médio de genótipos; QMGA = quadrado médio da interação G x A; QMR = quadrado médio do resíduo; CV = coeficiente de variação;  $\alpha = (a - 1)/a$  e  $\hat{m}$  = valor médio dos genótipos para o caráter avaliado.

A estimação dos parâmetros genotípicos e ambientais foram obtidos pelas seguintes equações:

$$\text{Variância genotípica: } \hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMR}{ar}$$

$$\text{Variância genotípica da interação (G X A): } \left( \hat{\sigma}_{ga}^2 = \frac{(QMGA - QM)}{r} \right) \left( \frac{a-1}{a} \right)$$

$$\text{Variância residual: } \hat{\sigma}^2 = QMR$$

$$\text{Variância fenotípica média: } \hat{\sigma}_f^2 = QMT/r$$

$$\text{Variabilidade genotípica média: } \hat{\sigma}_g = \frac{QMT - QMR}{r}$$

$$\text{Herdabilidade, } h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

### 3.4.3. Estimaco dos parmetros de adaptabilidade e estabilidade

#### 3.4.3.1 A anlise da adaptabilidade e estabilidade pelo mtodo Eberhart & Russel (1966)

A anlise de adaptabilidade e estabilidade pelo mtodo Eberhart & Russell, (1966), baseia-se na anlise de regresso linear simples. O coeficiente de regresso linear ( $\beta_1$ )  utilizado para avaliar a resposta ou o comportamento do gentipo aos diferentes ambientes, juntamente com a mdia do gentipo que  a referncia de adaptabilidades. O desvio da regresso indica a estabilidade do gentipo frente aos ambientes avaliados.

$$\text{Modelo: } Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \sigma_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$$

sendo:

$Y_{ij}$  = mdia do gentipo i no ambiente j;

$\beta_{0i}$  = mdia geral do gentipo i;

$\beta_{1i}$  = coeficiente de regresso linear, que mede a resposta do i-simo gentipo  variao do ambiente;

$I_j$  = ndice ambiental codificado ( $\sum_j I_j = 0$ );

$\sigma_{ij}$  = desvio da regresso; e

$\bar{\epsilon}_{ij}$  = erro experimental mdio.

De acordo com Eberhart & Russell, (1966) gentipo ideal  aquele que apresenta produo mdia alta, coeficiente de regresso igual a 1,0 e desvios da regresso to pequenos quanto possvel.

Segundo descrito por Eberhart & Russell, (1966), a adaptabilidade refere-se a capacidade do gentipo em aproveitar de forma vantajosa o estmulo do ambiente.  avaliada pelo coeficiente de regresso ( $\beta$ ), e classifica-se em:

- 1) Gentipos com adaptabilidade geral ou ampla: so aqueles com  $\beta_{1i}$  igual a 1.
- 2) Gentipos com adaptabilidade especfica a ambientes favorveis: so aqueles com  $\beta_{1i}$  maior que 1.
- 3) Gentipos com adaptabilidade especfica a ambientes desfavorveis: so aqueles com  $\beta_{1i}$  menor que 1.

A Estabilidade, refere-se à capacidade dos cultivares mostrarem um comportamento altamente previsível em função do ambiente pelo método Eberhart & Russell, (1966). É avaliada pelo componente de variância atribuído aos desvios da regressão ( $\sigma_{d_i}^2$ ), e classificam-se em:

1) Genótipos com estabilidade ou previsibilidade alta: são aqueles com  $\sigma_{d_i}^2$  igual a 0;

2) Genótipos com estabilidade ou previsibilidade baixa: são aqueles com  $\sigma_{d_i}^2$  maior que 0.

Os parâmetros do modelo são estimados, conforme Cruz et al., (2012) da seguinte forma:

$$\hat{\beta}_{0i} = \bar{Y}_i. \text{ e } V_{(\hat{\beta}_{0i})} = \frac{1}{a} \hat{\sigma}_{\varepsilon}^2$$

$$\hat{\beta}_{1i} = \frac{\sum_j Y_j I_j}{\sum_j I_j^2}$$

$$V(\hat{\beta}_{1i}) = \frac{1}{\sum_j I_j^2} \hat{\sigma}_{\varepsilon}^2$$

sendo:

$$\hat{\sigma}_{\varepsilon}^2 = \frac{1}{r} \hat{\sigma}^2 = \frac{QMR}{r}$$

A hipótese  $H_0: \beta_{1i} = 1$  versus  $H_a: \beta_{1i} \neq 1$  é avaliada pela estatística t, dada por:

$$t = \frac{\hat{\beta}_{1i} - 1}{\sqrt{\hat{V}(\hat{\beta}_{1i})}}$$

Os parâmetros de estabilidade ( $\sigma_{d_i}^2$ ) é estimado, pelo método da análise de variância, a partir do quadrado médio do desvio da regressão de cada genótipo (QMD<sub>i</sub>) e do quadrado médio do resíduo:

$$\hat{\sigma}_{di}^2 = \sum_j \hat{\sigma}_{ij}^2 / (a - 2) = \frac{QMD_i - QMR}{r}$$

em que:

$$QMD_i = \frac{r}{a - 2} \left[ \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{Y_{i.}^2}{a} - \frac{(\sum_j Y_{ij} I_j)^2}{\sum_j I_j^2} \right]$$

A hipótese  $H_0: \hat{\sigma}_{di}^2 = 0$ , versus  $H_a: \hat{\sigma}_{di}^2 \neq 0$ , avaliada por meio da estatística F:

$$F = QMD_i / QMR$$

Muitos genótipos, com rendimento médio superior, podem apresentar  $\sigma_{di}^2$  estatisticamente diferente de zero. Contudo, pode ser necessária a seleção de alguns genótipos do grupo em que a estabilidade (previsibilidade) for baixa. Nesses casos, uma medida auxiliar de comparação entre esses genótipos é o coeficiente de determinação  $R_i^2$ , dado por:

$$R_i^2 = \frac{SQ(\text{Regressão linear})_i}{SQ(A/G_i)} \times 100$$

### 3.4.3.2. A análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método modelos mistos

O efeito da interação G X A, foi avaliado conforme o modelo 54 do software Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

O modelo corresponde a:

$$y = Xb + Zg + Wc + e,$$

Em que:

$y$ ,  $b$ ,  $g$ ,  $c$  e  $e$  correspondem, respectivamente, aos vetores de valores observados, efeitos de blocos dentro de diferentes ambientes (fixo), efeitos dos genótipos (aleatório), efeitos da interação G X A (aleatório) e de erros aleatórios;

$X$ ,  $Z$  e  $W$  correspondem a matrizes de incidência para  $b$ ,  $g$  e  $c$ , respectivamente. As distribuições e estruturas de medias ( $E$ ) e variâncias ( $Var$ ) assumidas foram:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Através do método dos Modelos Mistos se obtém as estimativas de:

MHVG = refere-se à estabilidade genotípica pelo método da média harmônica dos valores genotípicos. Este é um método para ordenamento de genótipos simultaneamente por seus valores genéticos (produtividade e estabilidade). Quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico através dos locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos através dos locais. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente seleção para produtividade e estabilidade.

PRVG = refere-se à adaptabilidade genotípica pelo método da performance relativa dos valores genotípicos preditos (PRVG) através dos ambientes. Os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local e, posteriormente, obtém-se o valor médio desta proporção através dos locais.

PRVG\*MG = refere-se à performance genotípica relativa média multiplicada pela média geral de todos os locais. Fornece, portanto, o valor genotípico médio, capitalizando a adaptabilidade.

MHPRVG = refere-se a uma medida simultânea da produtividade, estabilidade e adaptabilidade pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG).

MHPRVG\*MG = refere-se à MHPRVG multiplicada pela média geral de todos os locais. Fornece, portanto, o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade.

### 3.5. Estimação da resposta à seleção por ambiente

#### 3.5.1. Com base em produtividade de grãos

A análise da resposta a seleção, fornece informações sobre a viabilidade da seleção, dentro de cada ambiente, e identifica genótipos superiores a serem recombinados para a formação de uma nova população para novo ciclo de seleção.

Foram obtidas as estimativas do ganho esperado após a seleção nas populações em estudo por seleção direta.

O estimador utilizado no cálculo do ganho de seleção foi:

$$GS = DS \cdot h^2$$

$$GS\% = \frac{GS}{\bar{X}_0} \times 100$$

em que:

$GS$  = Ganho de seleção;

$DS$  = Diferencial de seleção, obtido pela média selecionada subtraída da média observada ( $\bar{X}_S - \bar{X}_O$ ), no cálculo, foi considerada intensidade de seleção de 21,2%, para o cálculo da intensidade de seleção, foi definido a seleção de 7 populações de cada ambiente, para assim garantir a formação do composto representativo em cada ambiente.

$h^2$  = herdabilidade em sentido amplo;

As análises estatísticas/genéticas foram realizadas usando o programa Genes (CRUZ, 2013).

### 3.5.2. Com base em valores genéticos estimados pelo método MHPRVG - REML/BLUP

Para avaliação de estabilidade utiliza-se a média harmônica dos valores genotípicos  $MHVG = \frac{I}{\sum_{i=1}^I \frac{1}{VG_j}}$ ,

Enquanto que para a avaliação de adaptabilidade se utiliza a performance relativa dos valores genotípicos  $PRVG = \frac{1}{I} \left( \frac{\sum VG_j}{M_j} \right)$ ,

Já para a avaliação de adaptabilidade, estabilidade e produtividade de grãos se utiliza a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos  $MHPRVG = \frac{I}{\sum_{i=1}^I \frac{1}{PRVG_j}}$ ,

em que:

$VG$  = Valor genotípico;

$j$  = Ambiente;

$i$  = Genótipo;

Os componentes de variância e coeficiente de determinação referente a REML, como as estatísticas de estabilidade e adaptabilidade foram realizados utilizando o método MHPRVG – modelo 54 com o programa SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2016).

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Influência de fatores meteorológicos

A Figura 1 apresenta a precipitação (mm) e temperatura média (°C) durante o desenvolvimento da cultura no ambiente 1 (safrinha 2016), o qual foi plantado no dia 18 de fevereiro de 2016. Pode-se verificar que houve no período de condução experimental deficiência hídrica pronunciada na fase de pré-florescimento e enchimento de grãos. Até o início da segunda quinzena do mês de março, a precipitação estava adequada e regular para a cultura, perfazendo, nesta data, aproximadamente 29 dias após a semeadura (DAS). Somente aos 43 DAS, observou novo incremento na umidade do solo, com precipitação de,

aproximadamente, 27 mm e, após essa precipitação, novo incremento só ocorreu aos 71 DAS, indicando deficiência prolongada de umidade no solo, o que prejudica sobremaneira a cultura do milho, pois é uma cultura conhecida pela sua alta sensibilidade ao estresse hídrico (VAMERALI et al., 2003; WELCKER et al., 2007).

Dos 41 DAS aos 71 DAS, que é crítico na cultura do milho em relação às exigências hídricas, pois o florescimento masculino ocorreu, na média, aos 59,4 DAS e o florescimento feminino, aos 63,4 DAS (Tabela 6), indicando possível redução na produção de grãos, pois conforme salienta Edmeades et al., (2000), o milho é particularmente muito sensível no estágio de florescimento. Outro indicativo do efeito do estresse hídrico foi a falta de sincronismo entre florescimento masculino e feminino de cada genótipo, expressa pelo intervalo entre os florescimentos. O sincronismo ou intervalo entre os florescimentos masculino e feminino (IFMF) é uma das mais importantes características avaliadas na seleção de cultivares com potencial tolerância ao estresse hídrico (AGRAMA & MOUSSA, 1996; BOLAÑOS & EDMÉADES, 1996; XIAO et al., 2004).

A Figura 2 apresenta os dados de precipitação (mm) e temperatura média (°C) para o período da safra 2016/2017, no período de outubro/2016 a março/2017, o qual compreende o cultivo e avaliação dos ambientes 2 e 3. Pode-se verificar que no período compreendido entre o final de novembro e março ocorreu precipitação sem interrupção pronunciada. Uma das diferenças marcantes em relação ao ambiente 1 pode ser verificada no intervalo de florescimento masculino e feminino (Tabela 6), indicando, no caso do ambiente 2, média do florescimento masculino de 62,0 DAS e feminino de 63,2 DAS, no ambiente 3, média do florescimento masculino de 59,5 DAS e feminino de 59,4 DAS.

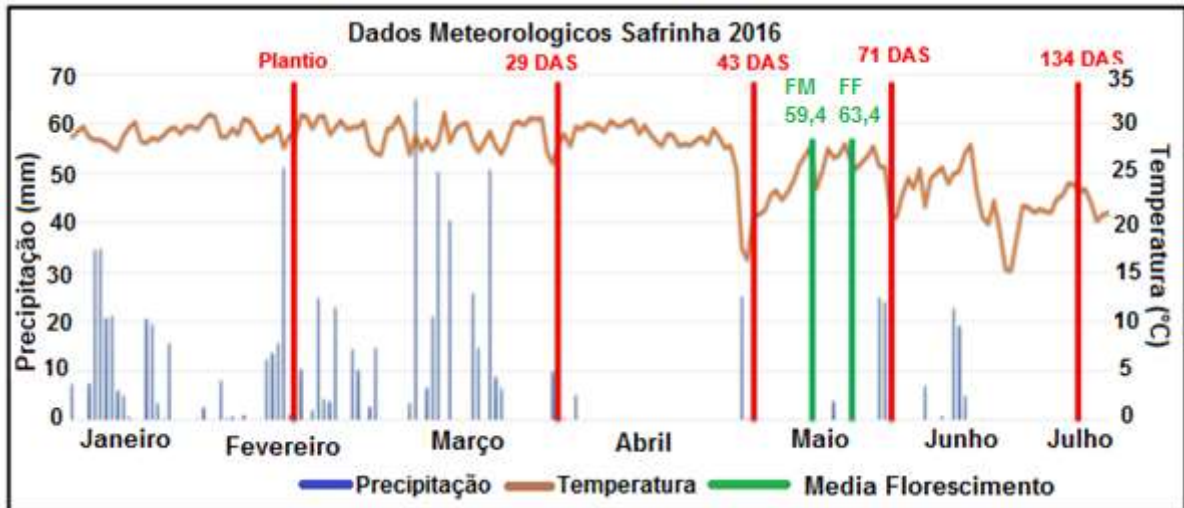


Figura 1. Precipitação e médias de temperatura registrados em Jataí – Goiás, janeiro a julho 2016. Jataí/GO, INMET, (2017).

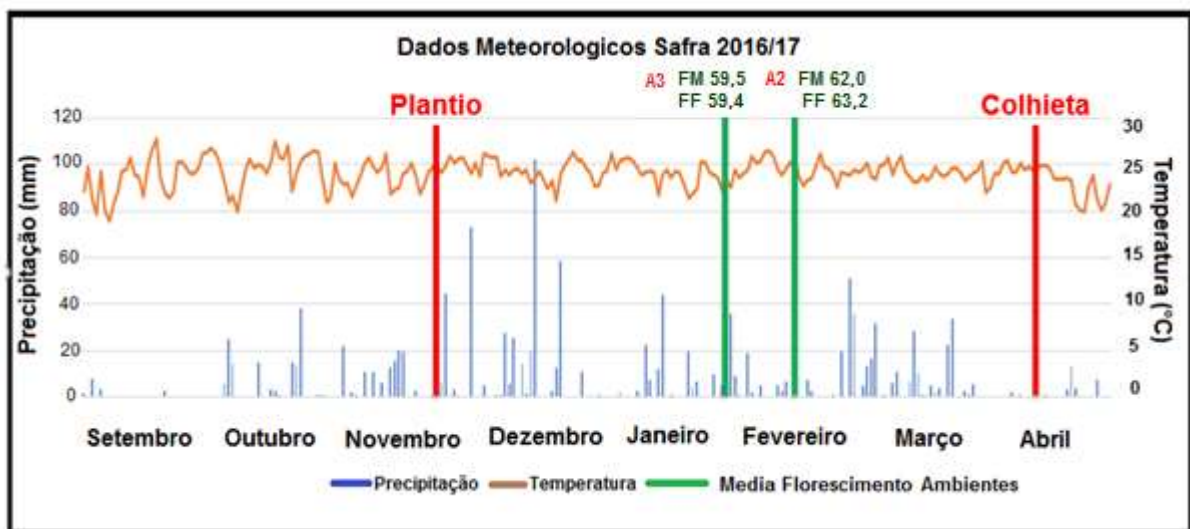


Figura 2. Precipitação e médias de temperatura registrados em Jataí – Goiás, de setembro de 2016 a março de 2017. Jataí/GO, INMET, (2017).

#### 4.2. Análise de variância individual

A análise de variância individual, têm como objetivo verificar o comportamento do material em estudo em cada ambiente experimental, podendo, especificamente para cada ambiente, avaliar a existência de diferenças nos caracteres em estudo, permitindo a indicação para as condições específicas do ambiente (SILVA, 2009).

O resumo da análise de variância das 36 populações para cada ambiente está apresentado nas Tabelas 5, 6 e 7. Observa-se que, para a grande maioria dos caracteres avaliados evidenciou variabilidade entre as populações em estudo ao

nível de significância de 1% ou a 5%. Para as variáveis altura de plantas foi não significativo para os ambientes 2 e 3, altura de espiga foi não significativa no ambiente 3, altura relativa da espiga e prolificidade, foram não significativas no ambiente 2. Já para diâmetro de espigas e número de linhas foram não significativas no ambiente 3. Isto indica que estes caracteres tiveram comportamento diferenciado de acordo com o ambiente avaliado.

O coeficiente de variação variou de 2,09% para NDFM a 26,42% para DE. De acordo com Scapim et al., (1995), que desenvolveram uma escala de classificação para os coeficientes de variação experimental para a área de genética e melhoramento de milho, onde foi utilizada como base de dados, os resultados de 66 teses que abordaram este tema, classificaram como médio, coeficientes entre 4,5 a 9% para altura de plantas, 6,5 a 13% para altura de espigas, 8 a 20% para número de espigas, 10,5 a 22% para peso de espigas, 10 a 22% para peso de grãos e 9,5 a 20% para prolificidade. De acordo com o trabalho referenciado, o presente estudo obteve precisão média para estes caracteres.

Quanto a média geral das características, destaca-se, peso de espigas e peso de grãos no ambiente 3, pois os valores foram, respectivamente, de 6,680  $\text{tha}^{-1}$  e 5,633  $\text{tha}^{-1}$ , já para os ambientes 1 e 2 o peso de grãos foi inferior, sendo 2,713  $\text{tha}^{-1}$  e 2,771  $\text{tha}^{-1}$ , respectivamente. No entanto, vale ressaltar que, conforme a Figura 1, no período que se estendeu do pré-florescimento ao enchimento de grãos houve longo período de estiagem para o ambiente 1, afetando a produtividade do ensaio durante a safrinha, o que tornou este ambiente desfavorável para a cultura do milho. Já para o ambiente 2, a estrutura do solo, essencialmente arenoso com 86,82% de areia, 3,47% de silte e 9,71 de argila (Figura 2), certamente foi o fator que mais contribuiu para redução da produção, tornando este ambiente desfavorável.

De acordo com Landau et al., (2016), a cultura do milho necessita que os índices climáticos obtenham níveis considerados ótimos, sobretudo temperatura, precipitação e fotoperíodo, para que todo o potencial genético seja expresso. Trabalhando com híbridos de milho, Stojakovic et al., (2015) observaram variação na produtividade de grãos de um local para outro, e de um ano para outro; constataram que a falta de chuva associada a altas temperaturas, principalmente do pré-florescimento ao enchimento de grãos, período este considerado crítico para a cultura afetaram a produção.

Uma vez obtida a análise de variância individual, que traz informações dos experimentos em cada ambiente, torna-se necessário avaliar o comportamento das populações em estudo no conjunto dos ambientes para verificar a existência de interação entre estes fatores de estudo. Verificou-se que a razão entre o maior e o menor quadrado médio dos resíduos foi inferior a 7 para as características em estudo sendo: APL - (1,31), AESP - (2,00), ARESP - (1,00), STAND - (6,72), NDFD - (1,99), NDFM - (1,26), NESP - (3,36), PROLIF - (6,6), CE - (1,24), DE - (39,08), PE - (4,29), PG - (4,72), NUM.LINH - (13,24), NUM.GRA - (4,62), indicando que para as variáveis DE e NUM.LINH que obtiveram relação do maior e menor quadrado médio do resíduo maior que 7, sendo então não recomendado que se faça a análise conjunta dos dados, pois segundo Pimentel-Gomes, (2009) para que se faça a análise de variância conjunta é recomendado que a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo seja menor que 7.

Já para as outras variáveis que obtiveram relação do maior e menor quadrado médio do resíduo, menor que 7 assim indicando homogeneidade das variâncias residuais foi realizado a análise conjunta dos dados.

**Tabela 5.** Resultados das análises de variâncias e estimativas de parâmetros genéticos associados a 36 genótipos, avaliados em três ambientes (A1, A2 e A3) em Jataí-GO, 2016/2017

FV	GL	Quadrado Médio											
		APL			AESP			ARESP			STAND		
		A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3
<b>Bloco</b>	3	0,039	0,093	0,024	0,026	0,053	0,033	0,004	0,001	0,003	15,564	3,379	65,731
<b>Genótipos</b>	35	0,053**	0,031 <sup>ns</sup>	0,020 <sup>ns</sup>	0,047**	0,016*	0,011 <sup>ns</sup>	0,007**	0,002 <sup>ns</sup>	0,001*	11,880**	165,942**	82,878**
<b>Resíduo</b>	105	0,021	0,021	0,016	0,005	0,010	0,008	0,001	0,001	0,001	4,598	30,932	26,131
<b>CV%</b>		8,485	8,975	6,165	7,178	12,466	7,755	5,654	7,257	4,218	10,424	13,560	11,286
<b>Media</b>		1,696	1,607	2,061	0,979	0,809	1,166	0,577	0,502	0,565	20,569	41,014	45,291
<b><math>\sigma_g^2</math></b>		0,00814	0,00265	0,00102	0,10710	0,00156	0,00065	0,00161	0,00011	0,00011	1,82050	33,75300	14,18600
<b>h<sup>2</sup></b>		0,6112	0,3372	0,2011	0,8965	0,3803	0,2408	0,8577	0,2550	0,4298	0,6130	0,8136	0,6847

APL- altura de planta, AESP- altura de espiga, ARESP- altura relativa da espiga, STAND- número final de plantas por parcela. \*\* significativo a 1% e \* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F, <sup>ns</sup> não significativo. A1- ambiente 1, A2-ambiente 2, A3-ambiente 3.

**Tabela 6.** Resultados das análises de variâncias e estimativas de parâmetros genéticos associados a 36 genótipos, avaliados em três ambientes (A1, A2 e A3) em Jataí-GO, 2016/2017

FV	GL	Quadrado Médio														
		NDFP			NDFM			NESP			PROLIFC			CE		
		A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3
<b>Bloco</b>	3	136,218	103,894	2,310	41,317	53,808	2,431	37,488	413,007	81,120	0,155	0,226	0,001	4,380	21,167	3,870
<b>Genótipos</b>	35	36,586**	11,102**	11,303**	18,174**	8,067**	11,210**	20,058**	162,762**	138,784**	0,033*	0,026 <sup>ns</sup>	0,009**	5,289**	3,128**	2,642*
<b>Resíduo</b>	105	3,674	3,145	1,845	1,961	1,678	1,551	9,283	41,393	31,249	0,020	0,020	0,003	1,375	1,210	1,504
<b>CV%</b>		3,020	2,803	2,268	2,354	2,089	2,090	22,2767	16,4177	12,4185	21,0503	14,6746	5,9487	7,5408	7,856	7,508
<b>Media</b>		63,472	63,264	59,875	59,493	62,007	59,583	27,354	39,187	45,0138	1,3468	0,9617	0,9918	14,903	14,000	16,333
<b><math>\sigma^2_g</math></b>		8,22814	1,98952	2,36472	4,05341	1,59739	2,41498	10,77540	30,34246	26,88399	0,01380	0,00042	0,00133	0,97870	0,47976	0,28479
<b>h<sup>2</sup></b>		0,8996	0,7168	0,8368	0,8921	0,7920	0,8617	0,5372	0,7457	0,7748	0,4072	0,0773	0,6051	0,7401	0,6134	0,4310

NDFP- número de dias florescimento feminino, NDFM- número dias florescimento masculino, NESP- número de espigas por planta, PROLIFC- prolificidade, CE- comprimento de espigas. \*\* significativo a 1% e \* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F, <sup>ns</sup> não significativo. A1- ambiente 1, A2-ambiente 2, A3-ambiente 3.

**Tabela 7.** Resultados das análises de variâncias e estimativas de parâmetros genéticos associados a 36 genótipos, avaliados em três ambientes (A1, A2 e A3) em Jataí-GO, 2016/2017

FV	GL	Quadrado Médio														
		DE			PE			PG			NUM.LINH			NUM.GRA		
		A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3	A1	A2	A3
<b>Bloco</b>	3	0,085	0,028	1,589	0,074	9,024	0,623	0,011	5,528	0,552	0,748	0,182	6,499	98,949	80,060	10,950
<b>Genótipos</b>	35	0,112**	0,110*	1,494 <sup>ns</sup>	0,219**	0,828*	2,939**	0,156**	0,589*	2,272**	3,289**	2,647**	9,195 <sup>ns</sup>	55,315*	16,943**	24,847**
<b>Resíduo</b>	105	0,037	0,063	1,446	0,111	0,477	0,453	0,079	0,343	0,373	0,732	0,856	9,694	32,592	7,053	7,482
<b>CV%</b>		4,590	6,044	26,420	9,597	19,694	10,079	10,370	21,146	10,846	6,023	6,464	5,531	18,083	9,086	7,707
<b>Media</b>		4,169	4,138	4,551	3,469	3,505	6,680	2,713	2,771	5,633	14,206	14,314	14,518	31,571	29,229	35,492
$\sigma^2_g$		0,01888	0,01199	0,01216	0,02720	0,08790	0,62145	0,01937	0,06153	0,47475	0,63922	0,44777	0,46795	5,68076	2,47270	4,34138
<b>h<sup>2</sup></b>		0,6735	0,4340	0,3250	0,4953	0,4246	0,8457	0,4947	0,4175	0,8357	0,7774	0,6766	0,7438	0,4108	0,5837	0,6989

DE- Diâmetro de espiga, PE- peso de espiga, PG- peso de grãos, NUM.LINH- número de linhas na espiga, NUM.GRA- número de grãos na linha por espiga. \*\* significativo a 1% e \* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F, <sup>ns</sup> não significativo. A1- ambiente 1, A2-ambiente 2, A3-ambiente 3.

### 4.3. Análise de variância conjunta

O resumo da análise de variância com as significâncias dos quadrados médios, coeficientes de variação experimental e média geral dos caracteres avaliados, com base na análise conjunta, incluindo os 33 genótipos e as 3 testemunhas, nos três ambientes, encontram-se nas Tabelas 8 e 9. Verifica-se ao analisar a interação genótipos por ambientes (G X A), as variáveis AE, ARESP, STAND, NDFP, NDFM, NE, PE e PG, foram significativas a ( $p < 0,01$ ), indicando que deve ser feito o estudo detalhado de cada característica em cada ambiente, pois sendo significativa a interação (G X A) que permite avaliar o comportamento dos genótipos frente aos diferentes ambientes e vice-versa, evidenciando dificuldades na indicação geral das populações ou de ambientes adequados.

**Tabela 8.** Resultados das análises de variâncias conjunta envolvendo 36 genótipos, avaliados em três ambientes (A1, A2 e A3) e em Jataí-GO, 2016/2017

FV	GL	Quadrados médios					
		AP	AE	ARESP	STAND	NDFP	NDFM
<b>Blocos/Ambientes</b>	9	0,052	0,037	0,003	28,225	80,807	32,519
<b>Genótipos (G)</b>	35	0,056**	0,046**	0,005*	160,593**	45,327**	32,701**
<b>Ambientes (A)</b>	2	8,357**	4,572**	0,234**	25139,111**	587,231**	292,840**
<b>G X A</b>	70	0,025 <sup>ns</sup>	0,014**	0,003**	50,054**	6,827**	2,376**
<b>Resíduo</b>	315	0,019	0,008	0,001	20,554	2,888	1,73
<b>Média</b>		1,789	0,985	0,548	35,625	62,204	60,361
<b>CV%</b>		7,754	8,948	5,732	12,726	2,732	2,179

AP- altura de planta, AE- altura de espiga, ARESP- altura relativa da espiga, STAND- número final de plantas por parcela, NDFP- número de dias florescimento feminino, NDFM- número dias florescimento masculino. \*\* significativo a 1% e \* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F. Ambientes = efeito fixo; Blocos, Genótipos e G x A = efeito aleatório.

O efeito significativo da interação (G X A) demonstra que as populações apresentam respostas diferenciadas frente as diferenças dos ambientes. Nos trabalhos de Murakami et al. (2004), Balestre et al. (2009), Santos et al. (2011) e Silva et al. (2014) foram observadas respostas diferenciadas na produtividade de grãos em híbridos comerciais de milho, quando cultivados em diferentes ambientes. Os coeficientes de variação da análise de variância conjunta obtidos para os 12

caracteres avaliados (Tabelas 8 e 9) foram considerados baixos, variando de 2,179 para NDFM a 16,017 para NE.

Nota-se que os caracteres AP, PROLIF, CE, e NUM.GRA, apresentam ausência de interação ( $p < 0,05$ ), indicando que ao mudar o ambiente não afeta a ordem de manifestação dos genótipos em análise e ao mudar o genótipo não afeta a ordem de manifestação ou influência do ambiente.

Através da análise os resultados da ANAVA (análise de variância) conjunta, especificamente para produção de grãos, verificou-se que a média geral para produtividade foi de  $3,706 \text{ t ha}^{-1}$  e que para o ambiente 1 (safrinha com estresse hídrico) a média geral foi de  $2,713 \text{ t ha}^{-1}$ ; para o ambiente 2 (safra em solo arenoso) a média geral foi de  $2,771 \text{ t ha}^{-1}$  e para o ambiente 3 (safra em Latossolo) a média foi de  $5,633 \text{ t ha}^{-1}$ , indicando claramente dois ambientes desfavoráveis e um favorável.

Murakami et al. (2004) relatam que, é necessário avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos nos ambientes, visto que a recomendação de cultivares considerando apenas a média geral de ensaios favorece genótipos superiores apenas nos melhores ambientes, não discriminando os genótipos que apresentam adaptabilidade geral ou específica a ambientes favoráveis e ou desfavoráveis.

**Tabela 9.** Resultados das análises de variâncias conjunta envolvendo 36 genótipos, avaliados em três ambientes (A1, A2 e A3) e em Jataí-GO, 2016/2017

FV	GL	Quadrados médios					
		NE	PROLIF	CE	PE	PG	NUM.GRA
<b>Blocos/Ambientes</b>	9	177,205	0,127	9,806	3,241	2,03	63,32
<b>Genótipos (G)</b>	35	202,226**	0,027 <sup>ns</sup>	7,890**	2,158**	1,576**	69,138**
<b>Ambientes (A)</b>	2	40001,365**	4,432**	199,343**	489,468**	401,302**	1441,806**
<b>G X A</b>	70	59,690**	0,019 <sup>ns</sup>	1,585 <sup>ns</sup>	0,914**	2,718**	13,984 <sup>ns</sup>
<b>Resíduo</b>	315	27,308	0,145	1,363	0,347	0,265	15,709
<b>Média</b>		32,626	0,876	15,079	4,552	3,706	32,097
<b>CV%</b>		16,017	13,758	7,742	12,941	13,898	12,348

NE- número de espigas por planta, PROLIFC- prolificidade, CE- comprimento de espigas. PE-peso de espiga, PG- peso de grãos, NUM.GRA- número de grãos na linha por espiga. \*\* significativo a 1% e \* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F. Ambientes: efeito fixo; Blocos, Genótipos e G x A: efeito aleatório.

#### 4.4. Análise de adaptabilidade e estabilidade

Com base nos resultados demonstrados anteriormente, através da ANAVA conjunta e possível observar que há (G X A), de acordo com estes resultados, fica evidenciada a possibilidade de se selecionar genótipos mais estáveis e produtivos, dentro dos ambientes, indicando ser possível proceder a análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, para a identificação de genótipos de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações de ambiente, com maior critério científico. Desta forma foram realizadas as análises de adaptabilidade e estabilidade, somente para a variável peso de grãos (PG), pelos métodos de Eberhart & Russell, (1966) e Modelos Mistos, (RESENDE, 2016).

##### 4.4.1. Metodologia de Eberhart & Russell (1966)

Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, estimados segundo a metodologia de Eberhart & Russell, (1966) para rendimento de grãos, são apresentados na Tabela 11. O coeficiente de determinação ( $R^2$ ), que reflete o grau de ajuste do modelo aos rendimentos de grãos para cada genótipo, indica que todos os 36 genótipos apresentam  $R^2$  superior a 80%, isto mostra que a regressão linear explicou satisfatoriamente o comportamento dos genótipos diante da mudança ambiental (CRUZ et al., 2012, OLIVEIRA et al., 2004). Para Fonseca Júnior, (1999), o  $R^2$  é considerado uma medida de previsibilidade, sendo mais imparcial que os desvios da regressão de variância.

Pelos resultados apresentados na Tabela 11, onde são expostas as estimativas das médias, dos coeficientes de regressão, desvios da regressão e os coeficientes de determinação, observa-se que 75% dos genótipos apresentaram coeficiente de regressão estatisticamente iguais a unidade ( $\beta_{1i} = 1$ ), o que indica que são de adaptabilidade geral, enquanto os 25% restante (9 genótipos) enquadraram-se adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis ( $\beta_{1i} < 1$ ), com 5 genótipos neste grupo ( 6, 9, 10, 11 e 31), indicando que não apresentam incremento na produção de grãos com a melhoria do ambiente, logo são materiais que deveriam ser recomendados para ambientes com restrição e, em caso de

indicação para compor um composto visando estabelecimento de populações base para programas de melhoramento, estes genótipos podem formar uma população base voltada para um programa de melhoramento para áreas arenosas e com estresse hídrico pronunciado. Salienta-se, ainda, que estes 5 genótipos apresentaram boa previsibilidade ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ).

Os outros 4 genótipos foram classificados como adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ( $\beta_{1i} > 1$ ), sendo eles os genótipos 16, 24, 33 e 34, indicando que poderiam ser usados na formação de um composto para geração de população base para estes ambientes. Salienta-se que apenas o genótipo 16 e 24, que são originados de avaliação dialélica, não são comercializados, pois o 33 é uma variedade de polinização aberta e o 34 é o híbrido duplo AG1051.

Quanto à estabilidade, todos os genótipos avaliados que não são comerciais apresentaram ( $\sigma_{di}^2 = 0$ ), indicando que são materiais de alta previsibilidade. A classificação dos ambientes a partir dos índices ambientais ( $I_j$ ), que é um indicativo da qualidade destes ambientes, indica que dois dos ambientes foram classificados como desfavoráveis – ambiente 1 e ambiente 2 (Tabela 11). Essa classificação é em virtude de apresentarem valores negativos de  $I_j$ , que está relacionado à particularidades destes ambientes, pois na safrinha 2015/2016 (ambiente 1) ocorreu um longo período de estresse hídrico e a estrutura física do solo da safra 2016/2017 (ambiente 2), sendo classificado como arenoso, tornou estes ambientes restritivos para o bom desenvolvimento e expressão genética das populações em estudo. Enquanto, o outro que foi classificado como favorável permitiu melhor expressão do potencial genético das populações. Essa classificação permite a estratificação dos ambientes e seleção de populações que possam ser promissoras para formação de populações base para programas de melhoramento específicos.

Os resultados aqui obtidos estão em consonância com o esperado, pois os ambientes são contrastantes e, conforme afirma Silva et al., (2014), que classificou, em seu trabalho, 48 ambientes em favorável e desfavorável, a partir do índice ambiental, indicando que os resultados obtidos por eles eram esperados, já que entre os ambientes estudados as condições ambientais diferiam significativamente em relação a alguns fatores, tais como a precipitação e a temperatura. De acordo com Silva et al., (2014), os ambientes com índices ambientais negativos

apresentaram menor produtividade média de grãos devido a ocorrência de seca prolongada durante o período de avaliação dos genótipos.

**Tabela 10.** Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade segundo a metodologia de Eberhart & Russell, (1966), para produção de grãos em 36 populações de milho, avaliadas em três ambientes de Jataí-GO, safrinha 2015/2016 e safra 2016/2017

Genótipos	$\beta_0$	$\beta_1$	$t_{(\beta_1=1)}$	$\sigma^2_{di}$	$R^2(\%)$
1	3,184	1,047	0,473	-0,038 <sup>ns</sup>	99,544
2	3,730	0,975	-0,232	-0,006 <sup>ns</sup>	98,868
3	3,609	0,961	-0,355	-0,022 <sup>ns</sup>	99,145
4	3,894	1,035	0,319	-0,077 <sup>ns</sup>	99,028
5	3,270	0,798	-1,851	-0,053 <sup>ns</sup>	99,635
6	3,187	0,614	-3,537**	-0,052 <sup>ns</sup>	99,326
7	3,836	1,025	0,232	-0,065 <sup>ns</sup>	99,978
8	3,695	1,069	0,632	-0,036 <sup>ns</sup>	99,532
9	3,184	0,603	-3,639**	-0,065 <sup>ns</sup>	99,921
10	3,205	0,395 <sup>‘</sup>	-5,545**	-0,025 <sup>ns</sup>	95,462
11	3,456	0,677 <sup>‘‘</sup>	-2,966**	-0,036 <sup>ns</sup>	98,832
12	3,547	1,041	0,377	-0,050 <sup>ns</sup>	99,713
13	3,547	0,821	-1,645	-0,062 <sup>ns</sup>	99,878
14	3,508	0,852	-1,360	-0,009 <sup>ns</sup>	98,594
15	3,753	1,180	1,655	-0,053 <sup>ns</sup>	99,827
16	4,263	1,244	2,241*	0,099 <sup>ns</sup>	98,119
17	3,835	1,132	1,210	-0,055 <sup>ns</sup>	99,835
18	4,025	1,033	0,301	0,088 <sup>ns</sup>	97,475
19	3,373	1,095	0,868	-0,066 <sup>ns</sup>	99,992
20	3,549	1,156	1,427	-0,061 <sup>ns</sup>	99,924
21	3,537	1,022	0,204	-0,051 <sup>ns</sup>	99,736
22	3,928	1,045	0,410	-0,009 <sup>ns</sup>	99,063
23	3,303	0,879	-1,109	-0,017 <sup>ns</sup>	98,871
24	4,130	1,230	2,114*	-0,005 <sup>ns</sup>	99,273
25	3,956	1,025	0,231	-0,064 <sup>ns</sup>	99,958
26	3,875	1,048	0,442	-0,066 <sup>ns</sup>	99,999
27	3,754	1,043	0,390	-0,055 <sup>ns</sup>	99,808
28	3,699	0,902	-0,896	-0,017 <sup>ns</sup>	98,918
29	2,984	1,034	0,313	0,072 <sup>ns</sup>	97,739
30	3,996	1,204	1,869	0,021 <sup>ns</sup>	98,932
31	3,368	0,567	-3,970*	-0,050 <sup>ns</sup>	99,080
32	3,615	1,073 <sup>‘‘</sup>	0,673	0,316 <sup>*</sup>	94,373
33	4,220	1,330	3,024**	-0,066 <sup>ns</sup>	99,996
34	4,702	1,578 <sup>‘‘</sup>	5,300**	0,719 <sup>**</sup>	94,642
35	3,797	1,154	1,412	-0,063 <sup>ns</sup>	99,958
36	4,268	1,112	1,031	-0,042 <sup>ns</sup>	99,649

$\beta_0$  = constante de regressão,  $\beta_1$  = coeficiente de regressão,  $\sigma^2_{di}$  = desvio da regressão,  $R^2$  = coeficiente de determinação. ‘, ‘ : significativamente diferente de 1, pelo teste F, a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente. \*\*, \* : significativamente diferente de 1, pelo teste t, a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente. <sup>ns</sup> : não significativo.

**Tabela 11** - Classificação dos ambientes utilizando o índice ambiental, segundo a metodologia de Eberhart & Russell, (1966), na avaliação das 36 populações de milho avaliados para produtividade de grãos ( $\text{tha}^{-1}$ ) em três ambientes de Jataí-GO na safrinha 2015/2016 e na safra 2016/2017

<b>Ambientes*</b>	<b>Média</b>	<b>Índice (Ij)</b>	<b>Máximo</b>	<b>Mínimo</b>
<b>Ambiente 1</b>	2,714	-0,993	3,083	2,218
<b>Ambiente 2</b>	2,771	-0,935	3,860	1,753
<b>Ambiente 3</b>	5,633	1,927	7,730	3,970

\* Ambiente 1: safrinha 2015/2016 – ocorrência de estresse hídrico; Ambiente 2: safra 2016/2017 – solo com 86,82% de areia; Ambiente 3: safra 2016/2017 – solo de textura média.

#### **4.4.2. Metodologia de Modelos Mistos (Resende, 2016)**

A análise dos dados foi realizada pela metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML/BLUP) e o efeito dos tratamentos testado pela análise de deviance (ANADEV), com o auxílio do software Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada (SELEGEN) (RESENDE, 2016).

De acordo com a análise da deviance (ANADEV) apresentada na Tabela 12, a interação genótipo ambiente (G X A), foi significativa pelo teste de Qui-Quadrado para razão de verossimilhança (LTR) ( $p < 0,01$ ). O coeficiente de variação (CV%) foi de 13,89%, indicando boa precisão experimental e consistência dos dados. Segundo Scapim, (1995) estes valores são considerados medianos. Faria, (2016) obteve CV% de 14,49, trabalhando com adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho pelos métodos de Eberhart & Russell, Centróide, AMMI e Modelos Mistos. E são semelhantes ao resultado obtido por Posser et al. (2016) que avaliando adaptabilidade e estabilidade de milho através da metodologia de modelos mistos, obteve CV de 16,84%.

**Tabela 12.** Análise de deviance (ANADEV) para produção de grãos (PG), em 36 genótipos de milho, avaliados em 3 ambientes

ANADEV	Peso de Grão	
Efeitos	Deviance	LRT
Genótipos	45,63**	7,61**
Ambiente	128,07**	90,05**
G X A	72,68**	34,66**
CV%	13,89	
Média geral	3,71	

G X A: interação genótipo x ambiente CV%: coeficiente de variação. \*\*: significância de 1% pelo teste de Qui-Quadrado com 1 grau de liberdade. Deviance (modelo completo) = 38,02. LRT – teste de significância dos efeitos via teste da razão de verossimilhança.

São apresentados na Tabela 13, as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para peso de grãos para os três ambientes avaliados, estimados pelo método REML/BLUP. Para a relação entre o coeficiente de variação genotípica ( $CV_{gi}\%$ ): e o coeficiente de variação residual ( $CV_e\%$ ), relação esta que, quanto mais próximo de 1 estiver, maiores são as chances de ganho no processo de seleção, conforme relata Vencovsky & Barriga, (1992) o valor obtido da razão foi de 0,518, que expressa boa chance de ganho por seleção.

**Tabela 13.** Estimativas dos componentes de variância genética para produtividade de grãos ( $tha^{-1}$ ) para as 36 populações de milho obtidos com o uso da metodologia REML/BLUP

Componentes de Variância (REML Individual)			
$V_g$	0,071	$A_{cgen}$	0,737
$V_{int}$	0,114	$c^2_{int}$	0,253
$V_e$	0,265	$r_{gloc}$	0,385
$V_f$	0,450	$CV_{gi}\%$	7,205
$h^2_g$	$0,158 \pm 0,054$	$CV_e\%$	13,898
$h^2_{mg}$	0,543	Média geral	3,706

( $V_g$ ): variância genotípica; ( $V_{int}$ ): variância da interação genótipo x ambiente; ( $V_e$ ): variância residual; ( $V_f$ ): variância fenotípica individual; ( $h^2_g = h^2$ ): herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; ( $c^2_{int} = c^2$ ): coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; ( $h^2_{mg}$ ): herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; ( $A_{cgen}$ ): acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; ( $r_{gloc}$ ): correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; ( $CV_{gi}\%$ ): coeficiente de variação genotípica.; ( $CV_e\%$ ): coeficiente de variação residual.

A correlação genotípica média da performance, através dos ambientes ( $r_{gloc}$ ), indica a confiabilidade do ordenamento dos melhores genótipos nos ambientes testados. Conforme demonstrado na Tabela 13 houve alterações

significativas no ordenamento dos genótipos, em virtude da magnitude mediana  $r_{gloc}$  (0,385), isto indica que a interação genótipo x ambiente observada foi de alta magnitude sendo observada há presença de interação genótipo x ambiente do tipo complexa, favorecendo a seleção de genótipos de adaptação mais específica (CARVALHO et al., 2016).

A herdabilidade da média dos genótipos ( $h^2_{mg}$ ) é estimada quando se utilizam médias dos blocos como critério de avaliação ou seleção (RESENDE & DUARTE, 2007). As estimativas de herdabilidades individuais no sentido amplo ( $h^2_g$ ) apresentou valor de  $0,158 \pm 0,054$ . A herdabilidade média dos genótipos ( $h^2_{mg}$ ) apresentou valor 0,543, indicando a possibilidade de se fazer seleção nestas populações de milho.

A estimativa de acurácia, que mede a correlação entre os valores previstos e reais, e indica a precisão experimental, demonstrou valor de 73,7%, em que segundo Resende & Duarte, (2007), valores acima de 0,70 são considerados altos. Assim, há confiabilidade na seleção dos genótipos de milho com base nos valores genotípicos preditos (TORRES et al., 2015).

A média geral de produtividade de grãos dos 36 genótipos analisados foi de  $3,76 \text{ tha}^{-1}$ , consideradas satisfatórias quando comparadas com a média nacional de produtividade de milho na safra 2015/16 a qual foi de  $4,9 \text{ tha}^{-1}$  (IBGE, 2016); e baixas, quando comparadas com a média de produtividade de milho na safra 2015/16 obtida em Jataí-GO que foi de  $7,274 \text{ tha}^{-1}$  IBGE, (2016). No entanto, deve-se considerar dois ambientes utilizados que apresentaram fatores restritivos ao bom desempenho das populações, tem-se ainda que levar em consideração que as populações avaliadas não são híbridos, sendo então menos responsivas que os materiais comerciais cultivados na região de Jataí. Os resultados indicam a possibilidade de se estabelecer compostos que possam ser promissores para seleção recorrente ou extração de linhagens com foco no desenvolvimento de cultivares para ambientes que apresentem restrições quanto ao estresse hídrico (veranicos) e áreas consideradas como de risco para uso de cultivares de alta tecnologia, que são os solos com alto teor de areia.

## **4.5. Ganho por seleção**

### **4.5.1. Com base em produtividade de grãos para cada ambiente**

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pelo método de Eberhart & Russell, (1966) (Tabela 10), classifica as populações em adaptabilidade geral e previsibilidade alta; adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e previsibilidade alta; adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e alta previsibilidade; adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e baixa previsibilidade. Assim, foi utilizada intensidade de seleção de 21,2%, sendo selecionados 7 populações em cada ambiente, com seleção direta em produção de grãos, com vistas à indicação de populações promissoras para compor composto e geração de população base para futuras ações de melhoramento levando em consideração as particularidades dos ambientes. Para o procedimento de seleção foi desconsiderado os cultivares comerciais (32, 33 e 34).

Nota-se que no ambiente 1 (Tabela 14), que apresentou ocorrência de estresse hídrico, os 7 genótipos de maior produção de grãos, desconsiderando as testemunhas, foram: 24, 36, 30, 25, 10, 31 e 7. A população 10 e 7 são originadas do topcross entre linhagem parcialmente endogâmica ( $S_2$ ) originadas da população MPA com a geração  $F_2$  do híbrido comercial AG6040, com seleção para menor altura relativa da espiga, conforme Ragagnin et al., (2015). Ainda do trabalho dos mesmos autores, as populações 30 e 31 tem origem na seleção dos híbridos topcross para melhor desempenho para produção de grãos e para altura relativa da espiga, respectivamente, sendo, após a indicação, formado o sintético das linhas parcialmente endogâmicas que formaram os 5 melhores híbridos topcross para cada característica. As populações 24 e 25 são compostos originados do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação (SILVA et al., 2017) em condições de segunda safra e a população 36 é originada de um sintético com potencial para prolificidade. Salienta-se ainda, que o comportamento das populações selecionadas está muito próximo do comportamento dos cultivares comerciais.

**Tabela 14.** Médias de produtividade de grãos de 36 populações, avaliadas em três ambientes (A1, A2 e A3), safrinha 2015/2016 e safra 2016/2017 em Jataí-GO

Genótipos	Ambiente 1	Genótipos	Ambiente 2	Genótipos	Ambiente 3
24	3,08	34	3,86	34	7,73
36	3,06	16	3,39	33	6,78
30	3,01	36	3,34	16	6,65
32	2,98	18	3,34	24	6,50
25	2,97	22	3,12	36	6,41
10	2,96	4	3,10	30	6,32
31	2,90	28	3,02	15	6,03
33	2,89	2	3,00	35	6,02
7	2,84	33	2,99	17	6,02
14	2,83	25	2,96	18	6,01
26	2,83	1	2,96	22	5,94
3	2,80	11	2,95	25	5,93
27	2,80	26	2,91	26	5,90
8	2,76	17	2,86	4	5,89
16	2,74	7	2,85	1	5,83
18	2,73	13	2,83	7	5,81
22	2,72	24	2,80	20	5,78
4	2,70	35	2,76	27	5,77
13	2,69	31	2,75	8	5,76
11	2,66	27	2,70	32	5,69
15	2,66	10	2,69	2	5,61
6	2,66	21	2,67	12	5,56
1	2,66	30	2,66	21	5,51
28	2,65	9	2,59	19	5,48
17	2,64	8	2,57	3	5,47
9	2,61	15	2,57	28	5,44
35	2,61	3	2,56	14	5,15
12	2,60	14	2,54	13	5,13
2	2,59	6	2,53	23	5,00
23	2,59	12	2,48	29	4,98
5	2,56	5	2,44	5	4,81
34	2,52	20	2,42	11	4,76
20	2,46	19	2,33	31	4,46
21	2,44	23	2,32	6	4,37
19	2,30	32	2,17	9	4,35
29	2,22	29	1,75	10	3,97

<sup>1</sup>Populações 1 a 14: Híbridos Topcross (1-5: selecionado para maior produção de grãos; 6-10: selecionado para menor altura relativa da espiga; 5 e 11-14: selecionado para maior tolerância múltipla a doença); populações 15 a 28 composto originado do dialelo (15-23: composto estabelecido em condições de safra normal; 19-22 e 24-28: composto estabelecido em condições de segunda safra); 29: Sintético mistura de 5 famílias S<sub>2</sub> de melhor desempenho para tolerância à doenças foliares; 30: Sintético mistura de 5 famílias S<sub>2</sub> de melhor desempenho para produção de grãos; 31: Sintético mistura de 5 famílias S<sub>2</sub> de menor altura relativa da espiga; 32: Híbrido comercial 30S31H; 33: Híbrido comercial AG1051; 34: Variedade comercial Al-Bandeirantes; 35: população CR01; 36: população TGMV.

Observa-se que para este ambiente restritivo (A1), prevaleceu, com melhor desempenho produtivo, populações que tem origem da cultivar MPA (movimento de

pequenos agricultores), que segundo Ogliari et al., (2013) é formado pela combinação de 30 cultivares originadas de híbridos comerciais, variedades de polinização aberta ou variedades locais, o que pode ter contribuído para maior plasticidade fenotípica destes materiais. As duas populações originadas do dialelo (24 e 25), são da avaliação em segunda safra, que, pela época de plantio, insere uma situação de estresse abiótico. Por fim, a população 36, tem origem em um sintético produzido com foco em prolificidade. Salienta-se, ainda, que o comportamento das populações selecionadas está muito próximo aos cultivares comerciais.

Já para o ambiente 2 (Tabela 14), as populações selecionadas são: 16, 36, 18, 22, 4, 28 e 2. As populações 2 e 4 são originadas do topcross entre linhagem parcialmente endogâmica ( $S_2$ ) provenientes da população MPA com a geração  $F_2$  do híbrido comercial AG6040, com seleção para maior produção de grãos, conforme Ragagnin et al., (2015). As populações 16, 18, 22 e 28 são compostos originados do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação (SILVA et al., 2017), sendo a 16 e 18 em condições de safra; a 22 em condições de safra e segunda safra; e a 28 em condições de segunda safra e a população 36 é originada de um sintético com potencial para prolificidade. Este ambiente é caracterizado por condições de estrutura de solo desfavorável para a cultura do milho, pois apresenta na composição física do solo 86,82 % da fração areia, no entanto, verifica-se apenas a variedade comercial AL-Bandeirantes entre as populações mais produtivas neste ambiente. Assim, a formação de composto ampliando a base genética para futuras ações em programas de melhoramento pode ser uma estratégia interessante no desenvolvimento de cultivares específicos para áreas com baixa tecnologia que apresentam níveis elevados da fração areia no solo.

Para o ambiente 3 (Tabela 14), o qual é considerado o ambiente com as melhores condições experimentais, as populações selecionadas foram: 16, 24, 36, 30, 15, 35 e 17. Apenas a população 30 é indicada pela análise do topcross entre linhagem parcialmente endogâmica ( $S_2$ ) provenientes da população MPA com a geração  $F_2$  do híbrido comercial AG6040, com seleção para maior produção de grãos e intercruzamento entre as linhagens parcialmente endogâmicas para formação do sintético, conforme Ragagnin et al., (2015). As populações 15, 16 e 17

são compostos originados do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação (SILVA et al., 2017), sendo estabelecidos em condições de safra; a população 24 e um composto originado do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação (SILVA et al., 2017), sendo estabelecido em condições de safrinha; a 35 é uma população originada de linhagens que apresentavam resistência ao complexo do enfezamento e sofreu dois ciclos de seleção recorrente nas condições do Sudoeste de Goiás e a população 36 é originada de um sintético com potencial para prolificidade.

Observa-se que apenas o genótipo 36, foi selecionado dentre os sete superiores nos três ambientes, o qual origina-se de um sintético obtido através de cruzamento de híbridos comerciais com potencial para prolificidade, ou seja, maior número de espigas por planta, demonstrando ainda boa produtividade de grãos, sendo mais produtivo que as testemunhas nos três ambientes. Este genótipo apresenta características importantes, como adaptabilidade e estabilidade, que podem ser utilizadas em pesquisas futuras, no melhoramento.

Na Tabela 15 estão apresentadas as estimativas de parâmetros genéticos e ganhos por seleção direta sobre o rendimento de grãos para as 36 populações avaliadas nos três ambientes, excluindo os cultivares comerciais. Os valores dos ganhos genéticos preditos para os três ambientes, obtidos pela seleção direta, foi de 6,50%, 6,65% e 11,26%, respectivamente, nos ambientes 1, 2 e 3. Os resultados demonstram que mesmo se fazendo a seleção dentro do ambiente mais desfavorável (ambiente 1) ainda se consegue obter um bom valor de GS%.

**Tabela 15.** Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos por seleção direta sobre o rendimento de 36 genótipos, avaliadas em três ambientes (A1, A2 e A3) e em quatro blocos ao acaso

Ambientes	$\bar{X}_s$	$\bar{X}_o$	DS	$h^2$	GS	GS%
1	2,974	2,629	0,345	0,495	0,171	6,50
2	3,187	2,750	0,437	0,418	0,183	6,65
3	6,278	5,533	0,745	0,836	0,623	11,26

$\bar{X}_s$  – Média dos selecionados,  $\bar{X}_o$  – média de todos os genótipos excluindo as testemunhas, DS – diferencial de seleção,  $h^2$  – Herdabilidade, GS – ganho de seleção, GS% - ganho de seleção em porcentagem.

## **4.5.2. Com base em valores genéticos metodologia de modelos mistos**

### **4.5.2.1. Seleção por ambiente**

Nas Tabelas 16, 17 e 18 são apresentados os dados referentes a seleção de populações por ambiente, segundo a metodologia dos modelos mistos, proposto por Resende, (2016). Com o ganho genético individual para cada genótipo dentro de cada ambiente. Percebe-se que os genótipos que obtiveram as melhores estimativas de valor genético, propiciando maior ganho com a seleção no ambiente 1 (Tabela 16), desconsiderando os cultivares comerciais, foram: 36 (3,042), 24 (3,031), 30 (2,957), 25 (2,927), 16 (2,843), 7 (2,821) e 26 (2,818). Com a seleção destas populações o ganho genético esperado é de 9,88% em relação à média de todos os valores genéticos estimados pela metodologia REML/BLUP. A origem das populações foi: 7: híbrido topcross selecionado para menor altura relativa da espiga; 30: maior produção de grãos no híbrido topcross e formada pelo intercruzamento entre as cinco linhagens parcialmente endogâmica que geraram os híbridos; 16: composto originado do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação, sendo estabelecido em condições de safra; 24, 25 e 26: compostos originados do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação (SILVA et al., 2017), sendo estabelecidos em condições de segunda safra; 36: originada de um sintético com potencial para prolificidade.

Observa-se que as populações que obtiveram as melhores estimativas de valor genético, propiciando maior ganho com a seleção no ambiente 2 (Tabela 17), desconsiderando os cultivares comerciais, foram: 16 (3,274), 36 (3,243), 18 (3,194), 22 (3,038), 4 (3,017), 25 (2,942) e 28 (2,924). Com a seleção destas populações o ganho genético esperado é de 18,89% em relação à média de todos os valores genéticos estimados pela metodologia REML/BLUP. A origem das populações foi: 4: híbrido topcross selecionado para maior produção de grãos; 16, 18 e 22: compostos originados do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação, sendo estabelecidos em condições de safra; 25 e 28: compostos originados do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação (SILVA et al., 2017), sendo estabelecidos em condições de segunda safra; 36: originada de um sintético com potencial para prolificidade.

**Tabela 16:** Seleção de genótipos por ambiente pelos modelos mistos para o (A1)

<b>Ambiente</b>	<b>Ordem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>g+ge</b>	<b>u+g+ge</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova média</b>
1	1	36	0,329	3,042	0,329	3,042
1	2	24	0,318	3,031	0,323	3,036
1	3	30	0,244	2,957	0,297	3,010
1	4	25	0,214	2,927	0,276	2,989
1	5	33	0,213	2,926	0,264	2,977
1	6	32	0,152	2,865	0,245	2,958
1	7	16	0,130	2,843	0,229	2,942
1	8	7	0,108	2,821	0,213	2,927
1	9	26	0,105	2,818	0,201	2,914
1	10	34	0,074	2,787	0,189	2,902
1	11	18	0,071	2,784	0,178	2,891
1	12	27	0,062	2,775	0,168	2,881
1	13	10	0,053	2,766	0,159	2,872
1	14	22	0,050	2,763	0,152	2,865
1	15	31	0,047	2,761	0,145	2,858
1	16	3	0,037	2,750	0,138	2,851
1	17	14	0,034	2,747	0,132	2,845
1	18	4	0,028	2,741	0,126	2,839
1	19	8	0,024	2,737	0,121	2,834
1	20	1	-0,014	2,700	0,114	2,827
1	21	15	-0,023	2,691	0,108	2,821
1	22	17	-0,024	2,690	0,102	2,815
1	23	28	-0,043	2,670	0,095	2,808
1	24	35	-0,045	2,668	0,089	2,802
1	25	13	-0,050	2,664	0,084	2,797
1	26	2	-0,073	2,640	0,078	2,791
1	27	11	-0,082	2,631	0,072	2,785
1	28	12	-0,102	2,611	0,066	2,779
1	29	6	-0,137	2,576	0,059	2,772
1	30	23	-0,162	2,552	0,051	2,764
1	31	9	-0,168	2,545	0,044	2,757
1	32	5	-0,185	2,528	0,037	2,750
1	33	20	-0,194	2,519	0,030	2,743
1	34	21	-0,210	2,504	0,023	2,736
1	35	19	-0,326	2,387	0,013	2,726
1	36	29	-0,457	2,256	0,000	2,713

g+ge – media genotípica, u+g+ge – valores genotípicos preditos para cada local.

**Tabela 17:** Seleção de genótipos por ambiente pelos modelos mistos para o (A2)

<b>Ambiente</b>	<b>Ordem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>g+ge</b>	<b>u+g+ge</b>	<b>Ganho</b>	<b>Nova média</b>
2	1	34	0,887	3,658	0,887	3,658
2	2	16	0,502	3,274	0,695	3,466
2	3	36	0,472	3,243	0,620	3,392
2	4	18	0,423	3,194	0,571	3,342
2	5	22	0,266	3,038	0,510	3,281
2	6	4	0,245	3,017	0,466	3,237
2	7	33	0,241	3,012	0,434	3,205
2	8	25	0,171	2,942	0,401	3,172
2	9	28	0,153	2,924	0,373	3,145
2	10	2	0,146	2,918	0,351	3,122
2	11	1	0,138	2,909	0,331	3,103
2	12	26	0,118	2,890	0,314	3,085
2	13	24	0,105	2,876	0,298	3,069
2	14	17	0,079	2,850	0,282	3,053
2	15	7	0,077	2,849	0,268	3,039
2	16	11	0,062	2,833	0,255	3,027
2	17	35	0,010	2,781	0,241	3,012
2	18	13	0,004	2,775	0,228	2,999
2	19	30	-0,012	2,759	0,215	2,986
2	20	27	-0,034	2,737	0,203	2,974
2	21	31	-0,084	2,687	0,189	2,960
2	22	21	-0,098	2,674	0,176	2,947
2	23	15	-0,119	2,652	0,163	2,934
2	24	8	-0,128	2,644	0,151	2,922
2	25	10	-0,151	2,620	0,139	2,910
2	26	3	-0,153	2,618	0,128	2,899
2	27	14	-0,186	2,586	0,116	2,887
2	28	12	-0,214	2,557	0,104	2,876
2	29	9	-0,217	2,554	0,093	2,864
2	30	20	-2,564	2,515	0,082	2,853
2	31	6	-0,258	2,514	0,071	2,842
2	32	5	-0,295	2,476	0,059	2,830
2	33	19	-0,344	2,427	0,047	2,818
2	34	23	-0,364	2,407	0,035	2,806
2	35	32	-0,398	2,373	0,023	2,794
2	36	29	-0,788	1,983	0,000	2,771

g+ge – media genotípica, u+g+ge – valores genotípicos preditos para cada local.

Observa-se que as populações que obtiveram as melhores estimativas de valor genético, propiciando maior ganho com a seleção no ambiente 3 (Tabela 18), desconsiderando os cultivares comerciais, foram: 16 (6,390), 24 (6,269), 36 (6,237), 30 (6,125), 18 (5,935), 17 (5,900) e 35 (5,896). Com a seleção destas populações o ganho genético esperado é de 14,62% em relação à média de todos os valores genéticos estimados pela metodologia REML/BLUP. A origem das populações foi: 16, 17 e 18: compostos originados do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação, sendo estabelecidos em condições de safra; 24: composto originado do dialelo considerando capacidade geral e capacidade específica de combinação (SILVA et al., 2017), sendo estabelecidos em condições de segunda safra; 30: maior produção de grãos no híbrido topcross e formada pelo inter cruzamento entre as cinco linhagens parcialmente endogâmica que geraram os híbridos; 35: tem origem no cruzamento entre linhagens endogâmicas (S<sub>4</sub>) do CIMMYT (Colômbia), selecionadas para resistência ao complexo do enfezamento 36: originada de um sintético com potencial para prolificidade.

Os valores genotípicos podem ser considerados para a recomendação dos genótipos selecionados, em outros ambientes, desde que obtenham padrão semelhante de interação G X A, aos padrões analisados neste trabalho. Segundo Maia et al., (2009), isso ocorre porque o método de modelos mistos penaliza os valores genotípicos preditos. Assim, o mesmo comportamento das médias genéticas ( $\hat{\mu} + \hat{g}$ ) da produtividade de grãos é esperado, quando os genótipos estudados anteriormente forem utilizados em ambientes com características análogas às deste estudo.

**Tabela 18:** Seleção de genótipos por ambiente pelos modelos mistos para o (A3)

Ambiente	Ordem	Genótipo	g+ge	u+g+ge	Ganho	Nova média
3	1	34	1,524	7,573	1,524	7,157
3	2	33	0,829	6,462	1,177	6,810
3	3	16	0,757	6,390	1,037	6,670
3	4	24	0,636	6,269	0,937	6,570
3	5	36	0,603	6,237	0,870	6,503
3	6	30	0,492	6,125	0,807	6,440
3	7	18	0,302	5,935	0,735	6,368
3	8	17	0,267	5,900	0,676	6,310
3	9	35	0,263	5,896	0,630	6,264
3	10	15	0,260	5,894	0,593	6,227
3	11	25	0,239	5,872	0,561	6,194
3	12	22	0,237	5,870	0,534	6,167
3	13	26	0,199	5,832	0,508	6,142
3	14	4	0,197	5,830	0,486	6,119
3	15	1	0,146	5,779	0,463	6,097
3	16	7	0,139	5,773	0,443	6,076
3	17	27	0,093	5,726	0,423	6,056
3	18	8	0,077	5,710	0,403	6,037
3	19	20	0,060	5,693	0,385	6,018
3	20	32	0,019	5,653	0,367	6,000
3	21	2	-0,013	5,620	0,349	5,982
3	22	12	-0,081	5,552	0,329	5,963
3	23	21	-0,115	5,518	0,310	5,943
3	24	3	-0,126	5,508	0,292	5,925
3	25	28	-0,127	5,507	0,275	5,908
3	26	19	-0,162	5,471	0,258	5,892
3	27	14	-0,343	5,290	0,236	5,869
3	28	13	-0,351	5,282	0,215	5,848
3	29	23	-0,481	5,152	0,191	5,824
3	30	29	-0,555	5,078	0,166	5,799
3	31	11	-0,603	5,030	0,141	5,775
3	32	5	-0,607	5,026	0,118	5,751
3	33	31	-0,807	4,826	0,090	5,723
3	34	6	-0,900	4,733	0,061	5,694
3	35	9	-0,917	4,716	0,033	5,666
3	36	10	-1,151	4,482	0,000	5,633

g+ge – media genotípica, u+g+ge – valores genotípicos preditos para cada local.

#### **4.5.2.2. Seleção conjunta para produtividade de grãos, estabilidade e adaptabilidade via MHPRVG**

Na Tabela 19 são apresentados os resultados de estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade simultâneos (MHPRVG), para peso de grãos (PG) de 36 genótipos avaliados em três ambientes.

Na análise de estabilidade pelo método MHVG (média harmônica dos valores genotípicos através dos ambientes), os genótipos com maior produtividade de grãos apresentaram o seguinte ordenamento, os genótipos: 36 (3,761), 16 (3,686), 24 (3,583), 18 (3,568), 25 (3,521), 22 (3,482) e 30 (3,472), sendo estes considerados os genótipos de maior estabilidade.

Segundo Eberhart & Russell, (1966), adaptabilidade refere-se à capacidade de os genótipos aproveitarem o estímulo do ambiente. Através da PRVG (performance relativas dos valores genotípicos em relação à média em cada ambiente) selecionando-se genótipos responsivos à melhoria do ambiente, neste sentido através da multiplicação dos valores da PRVG pela média geral (MG) obtém-se os valores na escala do atributo mensurado. Neste caso, sendo então possível inferir sobre os genótipos mais adaptados para  $PRVG \cdot MG$ , onde os genótipos mais adaptados, desconsiderando-se os materiais comerciais, são: 36 (4,198), 16 (4,154), 24 (4,036), 18 (3,993), 25 (3,931), 30 (3,919) e 22 (3,899). Nota-se que estes genótipos são mais adaptados, por serem os mais responsivos a melhoria do ambiente.

Tendo como objetivo selecionar os genótipos a partir da produtividade, adaptabilidade e estabilidade, utiliza-se a estimativa de MHPRVG (média harmônica da performance relativa do valor genotípicos), que segundo Resende (2004) infere a respeito da produtividade esperada, esta estimativa (MHPRVG) pode ser usada quando se considerar o plantio em vários locais com diferentes interações G X A. Assim deve-se buscar os genótipos que obtenham estimativa da MHPRVG igual ou superior a 1 (ARANTES, 2013).

**Tabela 19.** Estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG), e estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG) para peso de grãos de 36 genótipos de milho

Ordem	Genótipo	MHVG	Genótipo	PRVG	PRVG*MG	MHPRVG	MHPRVG*MG
1	34****	3,886	34****	1,205	4,469	1,191	4,414
2	36	3,761	36	1,132	4,198	1,132	4,195
3	16	3,686	16	1,121	4,154	1,118	4,144
4	33***	3,621	33***	1,104	4,092	1,103	4,088
5	24	3,583	24	1,089	4,036	1,088	4,032
6	18	3,568	18	1,077	3,993	1,074	3,983
7	25	3,521	25	1,061	3,931	1,060	3,931
8	22	3,482	30	1,057	3,919	1,055	3,912
9	30	3,472	22	1,052	3,899	1,051	3,895
10	4	3,456	4	1,044	3,871	1,043	3,867
11	26	3,438	26	1,038	3,849	1,038	3,849
12	7	3,413	7	1,030	3,819	1,030	3,819
13	1	3,381	1	1,023	3,793	1,023	3,791
14	17	3,362	17	1,022	3,788	1,021	3,786
15	28	3,340	35	1,011	3,746	1,010	3,444
16	2	3,335	27	1,009	3,739	1,008	3,738
17	27	3,332	2	1,007	3,735	1,006	3,730
18	35	3,318	28	1,005	3,726	1,004	3,722
19	15	3,266	15	0,998	3,699	0,997	3,694
20	8	3,265	8	0,992	3,676	0,991	3,673
21	13	3,242	3	0,978	3,627	0,978	3,624
22	3	3,236	13	0,973	3,607	0,972	3,605
23	11	3,219	32**	0,972	3,601	0,964	3,573
24	14	3,192	11	0,961	3,563	0,960	3,558
25	31	3,186	14	0,961	3,563	0,958	3,552
26	32**	3,166	12	0,956	3,546	0,956	3,543
27	12	3,144	21	0,955	3,541	0,955	3,539
28	21	3,142	20	0,948	3,516	0,946	3,508
29	10	3,104	31	0,947	3,512	0,943	3,494
30	20	3,091	10	0,920	3,410	0,910	3,373
31	9	3,107	19	0,909	3,368	0,906	3,361
32	6	3,007	23	0,907	3,364	0,906	3,360
33	5	3,004	5	0,905	3,356	0,905	3,355
34	23	2,995	9	0,899	3,331	0,896	3,323
35	19	2,959	6	0,898	3,331	0,896	3,322
36	29	2,621	29	0,816	3,024	0,808	2,997

\* MG: média geral = 3,706; \*\* Híbrido comercial modificado; \*\*\* Variedade comercial; \*\*\*\* Híbrido comercial convencional.

Desta forma segundo a tabela 19 os genótipos que não obtiveram estimativas de MHPRVG superiores a 1, sendo então considerados com baixa competitividade as populações: 15 (0,997), 08 (0,991), 03 (0,978), 13 (0,972), 32 (0,964), 11 (0,960), 14 (0,958), 12 (0,956), 21 (0,955), 20 (0,946), 31 (0,943), 10 (0,910), 19 (0,906), 23

(0,906), 5 (0,905), 9 (0,896), 6 (0,896) e 29 (0,808), todos os outros genótipos obtiveram valores igual ou superior a 1, sendo todos considerados competitivos. Os respectivos valores de MHPRVG indicam a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que for cultivado, ou seja, segundo Resende, (2004) é uma inferência sobre a produtividade esperada, tais estimativas de MHPRVG podem ser usadas quando for considerar o plantio em vários locais com variados padrões de interação G X A.

Na Tabela 20 são apresentados os dados referentes a ordem dos genótipos selecionados de acordo com a análise fenotípica por Eberhart & Russell, (1966), e genotípica por Modelos Mistos Resende, (2016). Observa-se que, a ordem de produtividade das 7 populações superiores, segundo as metodologias de Eberhart & Russell, (1966) e Modelos Mistos Resende, (2016), variou de acordo com o ambiente. Esta variação observada indica boa estabilidade de produção das progênies.

Pode-se observa que apenas o genótipo 36, foi selecionado dentre os superiores nos três ambientes, para as duas metodologias utilizadas. Este genótipo apresenta características importantes, como adaptabilidade e estabilidade, que podem ser utilizadas em programas de melhoramento. Segundo Fritsche-Neto & Borém, (2011), o genótipo 36 pode ser considerado como tendo boa eficiência no uso de água, uma vez que obteve produtividade satisfatória nos ambientes 1 e 2, onde no ambiente 1 os genótipos sofreram com o longo período de estiagem, durante as fases de pré-florescimento ao enchimento de grãos, já no ambiente 2 não houve déficit hídrico, porém por ser solo arenoso, a retenção de água é menor, exigindo que o genótipo tenha maior eficiência no uso da água.

Pode-se comparar as metodologias de Eberhart & Russell, (1966) (Tabela 15), e a metodologia de Modelos mistos Resende, (2016) (Tabelas 16, 17 e 18), quanto ao ganho por seleção direta, indicando ganhos para os três ambientes, segundo os modelos mistos, indicado entre parêntese o ganho genético médio de cada ambiente, sendo de A1 (0,128), A2 (0,247) e para o A3 (0,411). Sendo estes valores bem próximos aos obtidos pela metodologia de Eberhart & Russell, (1966), que obteve ganhos por seleção de A1 (0,171), A2 (0,183) e para o A3 (0,623).

**Tabela 20.** Ordem das populações selecionadas de acordo com a análise Fenotípica por Eberhart & Russell, (1966), e Genotípica por Modelos Mistos Resende, (2016)

Ordem	Ambiente 1		Ambiente 2		Ambiente 3	
	Fenotípica	Genotípica	Fenotípica	Genotípica	Fenotípica	Genotípica
1	24	36	34	34	34	34
2	36	24	16	16	33	33
3	30	30	36	36	16	16
4	32	25	18	18	24	24
5	25	33	22	22	36	36
6	10	32	4	4	30	30
7	31	16	28	33	15	18
8	33	7	2	25	35	17
9	7	26	33	28	17	35
10	14	34	25	2	18	15
11	26	18	1	1	22	25
12	3	27	11	26	25	22
13	27	10	26	24	26	26
14	8	22	17	17	4	4
15	16	31	7	7	1	1
16	18	3	13	11	7	7
17	22	14	24	35	20	27
18	4	4	35	13	27	8
19	13	8	31	30	8	20
20	11	1	27	27	32	32
21	15	15	10	31	2	2
22	6	17	21	21	12	12
23	1	28	30	15	21	21
24	28	35	9	8	19	3
25	17	13	8	10	3	28
26	9	2	15	3	28	19
27	35	11	3	14	14	14
28	12	12	14	12	13	13
29	2	6	6	9	23	23
30	23	23	12	20	29	29
31	5	9	5	6	5	11
32	34	5	20	5	11	5
33	20	20	19	19	31	31
34	21	21	23	23	6	6
35	19	19	32	32	9	9
36	29	29	29	29	10	10

Na tabela 21 são apresentados as Estimativas das interações genótipo x ambiente, para os 36 genótipos, nos três ambientes avaliados, pela metodologia de modelos mistos (RESENDE, 2016), onde o valor dos ambientes refere-se ao efeito do ambiente sobre o genótipo, nota-se uma ação diferente dos ambientes sobre os genótipos, os genótipos selecionados por (MHPRVG) desconsiderando as

testemunhas, 16 (-0,172), 18 (-0,101), e 22 (-0,070), obtiveram valores negativos para o ambiente 1, indicando que o efeito atua no sentido de reduzir a performance destes genótipos no ambiente, os genótipos 36 (0,023), 24 (0,0880), 25 (0,078) e 30 (0,086), apresentam valores positivos de estimativa das interações G X A, indicando assim que o efeito age no sentido de aumentar a performance destes genótipos dentro do ambiente 1. Vale ressaltar que o ambiente 1 é caracterizado como cultivo no período da safrinha 2016, o qual passou por um longo período de estiagem durante a fase crítica da cultura, que vai do pré-florescimento ao enchimento de grãos.

No ambiente 2 os genótipos que apresentam valores negativos de interação, desconsiderando-se as testemunhas são: 24 (-0,126) e 33 (-0,038), assim indicando que o efeito age de forma negativa sobre os genótipos reduzindo a sua performance, já os genótipos 36 (0,167), 16 (0,200), 18 (0,250), 25 (0,035) e 22 (0,146), sofrem ação positiva do ambiente, tendo um efeito no sentido de aumentar a performance destes genótipos. Sendo o ambiente 2 caracterizado por cultivo no período da safra (1° safra 2016/2017), em propriedade de agricultura familiar, com solo arenoso, neste período não houve déficit hídrico, que prejudicasse a cultura.

Para o ambiente 3, desconsiderando-se as testemunhas, todos genótipos obtiveram valores positivos sendo os valores 36 (0,298), 16 (0,455), 24 (0,406), 18 (0,128), 25 (0,103), 30 (0,334) e 22 (0,116), indicando assim que o efeito é positivo no sentido de aumentar a performance dos genótipos no ambiente 3, que é o cultivo no período da safra (1° safra 2016/2017), na área experimental da UFG-Jataí, não havendo déficit hídrico prejudicial a cultura.

Estes dados reforçam os dados demonstrados anteriormente (Tabela 13), os quais demonstram que a interação genótipo x ambiente observada foi de alta magnitude, indicando que há presença de interação genótipo x ambiente do tipo complexa (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992), como é demonstrado pela correlação da performance genotípica nos ambientes ( $r_{gloc}$ ) tendo obtido valor de (38,5%).

**Tabela 21.** Estimativas das interações genótipo x ambiente, dos 36 genótipos, nos três ambientes avaliados por modelos mistos (RESENDE, 2016)

Genótipo	AMBIENTES		
	1	2	3
1	-0,072	0,079	0,087
2	-0,086	0,133	-0,026
3	0,089	-0,100	-0,073
4	-0,074	0,143	0,094
5	0,051	-0,058	-0,370
6	0,144	0,024	-0,618
7	0,037	0,006	0,068
8	0,030	-0,121	0,082
9	0,115	0,066	-0,633
10	0,324	0,120	-0,879
11	0,053	0,197	-0,467
12	-0,015	-0,127	0,005
13	0,036	0,090	-0,265
14	0,141	-0,078	-0,235
15	-0,048	-0,145	0,234
16	-0,172	0,200	0,454
17	-0,093	0,008	0,197
18	-0,101	0,250	0,128
19	-0,145	-0,162	0,019
20	-0,109	-0,171	0,145
21	-0,117	-0,005	-0,023
22	-0,070	0,146	0,116
23	0,057	-0,145	-0,261
24	0,088	-0,125	0,405
25	0,078	0,035	0,103
26	0,012	0,026	0,107
27	0,035	-0,060	0,066
28	-0,039	0,156	-0,123
29	-0,065	-0,396	-0,163
30	0,086	-0,169	0,334
31	0,231	0,099	-0,623
32	0,201	-0,348	0,068
33	-0,066	-0,038	0,550
34	-0,466	0,346	0,983
35	-0,094	-0,039	0,213
36	0,023	0,166	0,298

A interação G X A do tipo complexa, indica que mesmo um genótipo tendo sido classificado como o melhor nos caracteres; estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG), e estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG) para peso de grãos, para um ambiente, não necessariamente terá esta classificação nos três ambientes.

Para construção da Tabela 22, que apresenta as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para a variável peso de grãos, visando a comparação dos ambientes desfavoráveis (A1 e A2) com o ambiente

favorável (A3), estimados pelo método REML. Foi determinado dentre os três ambientes avaliados, o que era ambiente favorável e desfavorável com base na média geral, assim os ambientes foram classificados:

1) ambiente desfavorável o qual obteve media do ambiente inferior a media geral;

2) ambiente favorável aquele que obteve media do ambiente superior a media geral, e a partir daí foi feita nova análise separada para ambiente favorável e desfavorável. Assim, novos valores de MHPRVG foram gerados.

**Tabela 22.** Estimativas dos componentes de variância (REML individual), para efeito de comparação dos ambientes desfavoráveis (A1 e A2) com o ambiente favorável (A3)

<b>Componentes de Variância (REML Individual)</b>			
<b>Ambiente Desfavorável</b>		<b>Ambiente Favorável</b>	
$V_g$	0,022	$V_g$	0,237
$V_{int}$	0,019	$V_{int}$	0,237
$V_e$	0,211	$V_e$	0,373
$V_f$	0,252	$V_f$	0,848
$h_g^2$	0,087 ± 0,049	$h_g^2$	0,279 ± 0,125
$h_{mg}^2$	0,379	$h_{mg}^2$	0,418
$A_{cgen}$	0,616	$A_{cgen}$	0,646
$c_{int}^2$	0,074	$c_{int}^2$	0,280
$r_{gloc}$	0,539	$r_{gloc}$	0,500
$CV_{gi}\%$	5,386	$CV_{gi}\%$	8,648
$CV_e\%$	16,761	$CV_e\%$	10,846
<b>Média geral</b>	<b>2,742</b>	<b>Média geral</b>	<b>5,633</b>

( $V_g$ ): variância genotípica; ( $V_{int}$ ): variância da interação genótipo x ambiente; ( $V_e$ ): variância residual; ( $V_f$ ): variância fenotípica individual; ( $h_g^2 = h^2$ ): herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; ( $c_{int}^2 = c^2$ ): coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; ( $h_{mg}^2$ ): herdabilidade da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; ( $A_{cgen}$ ): acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; ( $r_{gloc}$ ): correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes; ( $CV_{gi}\%$ ): coeficiente de variação genotípica.; ( $CV_e\%$ ): coeficiente de variação residual.

Verifica-se pela Tabela 22 que as estimativas de herdabilidades individuais no sentido amplo ( $h_g^2$ ) têm um comportamento crescente entre os ambientes desfavoráveis 1 e 2, e o ambiente favorável 3. A herdabilidade média dos genótipos ( $h_{mg}^2$ ) através dos ambientes e dos blocos foi maior no (A3). A estimativa de acurácia, que indica a precisão experimental, demonstrou valores de 61,6% e 64,6%, demonstrando que com a melhoria do ambiente há um aumento na precisão

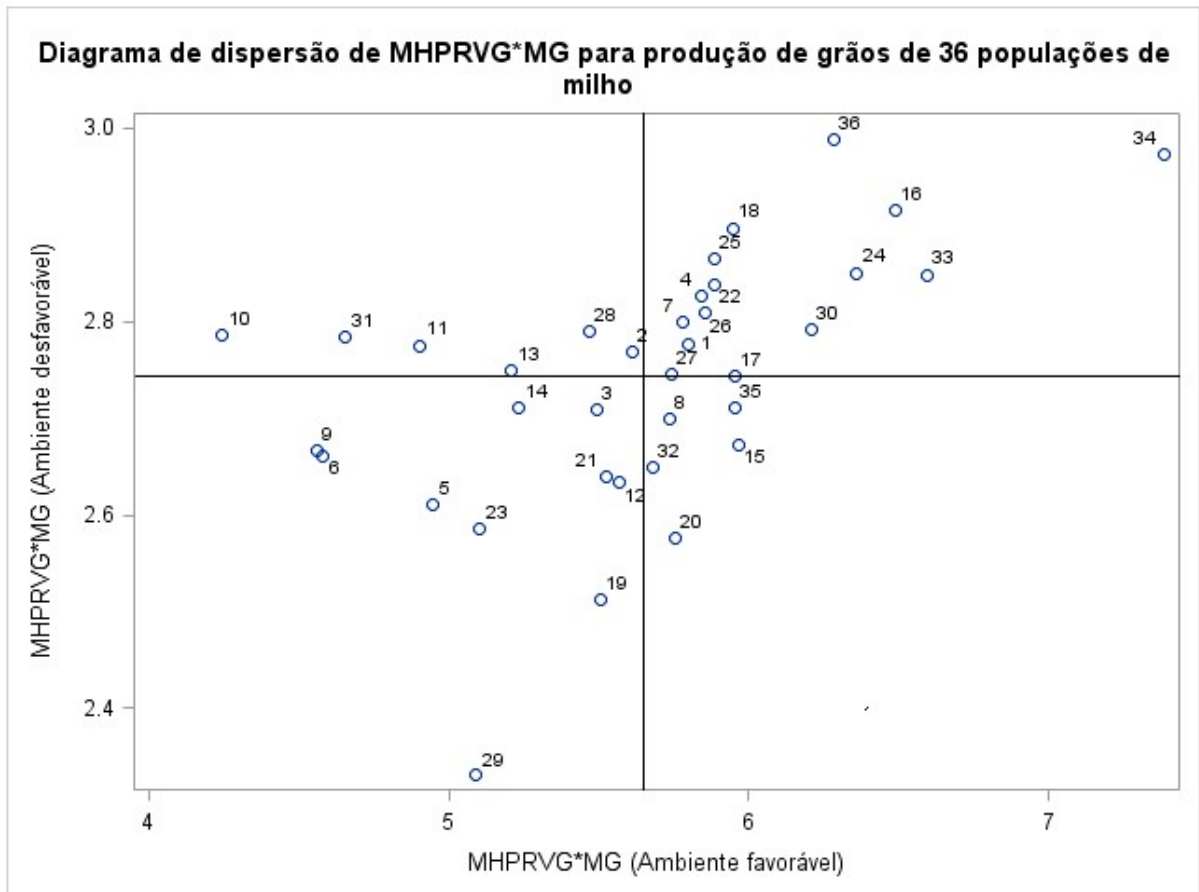
experimental. Estes valores de acurácia expressam confiabilidade na seleção dos genótipos de milho com base nos valores genotípicos preditos (TORRES et al., 2015). A correlação genotípica entre as performances através dos ambientes ( $\hat{r}_{gloc}$ ), apresentou-se moderada, variando de 50 a 54%, o que indica uma coincidência de 50 a 54% na seleção de genótipos específicos para cada ambiente, ou seja, se fosse selecionar genótipos em cada ambiente no ambiente 3, a coincidência dessa seleção através dos ambientes seria de 50%.

A presença de uma variabilidade genética significativa é verificada pelo que demonstra as estimativas de herdabilidades individuais no sentido amplo dentro do bloco ( $h_g^2$ ) e suas estimativas do erro padrão. Em comparação com a magnitude da  $h_g^2$ , as estimativas do erro padrão foram de pequenas magnitudes. O coeficiente de variação genotípica ( $CV_{gi}\%$ ) variou de 5,38% a 8,64% entre os dois ambientes analisados. Os coeficientes de variação experimental ( $CV_e\%$ ) foram respectivamente 16,76 e 10,84% para (A1 e A3), demonstrando baixa magnitude.

A média geral de produtividade de grãos dos 36 populações nos ambientes contrastantes (A1, A2 e A3) variou de 2,74 a 5,63  $\text{tha}^{-1}$  respectivamente, indicando que houve aumento de 100% na produtividade do ambiente favorável A3 em relação aos ambientes desfavoráveis A1 e A2. Esta baixa produtividade nos ambientes desfavoráveis, pode ser explicado pelo longo período de déficit hídrico corrido durante a condução do experimento no ambiente 1 na safrinha 2016, e ainda no ambiente 2, o tipo de solo arenoso e um fator limitante a produtividade neste ambiente. Assim quando comparadas com a média nacional de produtividade de milho na safra 2015/16 que foi 4.928  $\text{tha}^{-1}$  IBGE, (2016), a média de produtividade dos ambientes desfavoráveis e entorno de 50% menor que a média nacional. O ambiente 3 foi aproximadamente 14% superior à média nacional. Esses resultados demonstram a importância de realizar experimentos em ambientes específicos para seleção de populações superiores para condições específicas de ambiente.

Na Figura 3, é apresentado a visualização gráfica do desempenho dos genótipos, usando uma medida que combina produtividade, adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG\*MG), levando à identificação de materiais estáveis e amplamente adaptados. Observa-se que os genótipos 29, 19, 23, 5, 6, 9, 21, 12, 14 e 3, apresentaram médias inferiores a média geral tanto para ambiente desfavorável

quanto para ambiente favorável, sendo estes considerados os de desempenho inferior, as populações que apresentaram média superior a média geral para os ambientes desfavoráveis (A1 e A2), porem obtem média inferior a média geral de ambiente favorável, sendo estes então, recomendados para os ambientes desfavoráveis (A1 e A2) as populações: 13, 11, 31, 2, 28, e 10.



**Figura 3.** Diagrama de dispersão do MHPRVG\*MG para produção de grãos ( $\text{tha}^{-1}$ ) de 36 populações de milho nos ambientes favorável (A3) e desfavoráveis (A1 e A2)

Pode-se observar que os genótipos 20, 32, 15, 8 e 35, apresentam boa produtividade em ambiente favoráveis, sendo que estes demonstram ainda baixa produtividade no ambiente desfavorável. Sendo estes de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis.

Os demais genótipos se destacam por apresentarem média superior as médias dos ambientes favorável e desfavoráveis, sendo então considerados de ampla adaptabilidade. Dentre estes se destaca o genótipo 34 (híbrido comercial convencional) que apresenta estabilidade e adaptabilidade específica a ambientes

favoráveis, tendo a maior média para este ambiente. Ainda destaca-se a população 36 a qual apresenta adaptabilidade e estabilidade ampla, sendo esta selecionada como superior dentro de todos os ambientes avaliados.

O método MHPRVG mostrou-se adequado para a Identificação de genótipos de milho com alta produtividade e, ampla adaptabilidade e estabilidade de rendimento.

Houve semelhança na indicação das populações pelas metodologias de utilizadas nos três ambientes avaliados. Dentre as populações mais produtivas, estáveis e de ampla adaptabilidade, recomendadas pela metodologia de Eberhart & Russell para o ambiente 1 são: 24, 36, 30, 25 e 7, estas populações também foram indicadas como superiores pela metodologia dos modelos mistos para este ambiente. Entretanto estes métodos discordam quanto a seleção de duas populações sendo que pelo método de Eberhart & Russell foram ainda selecionadas as populações 10 e 31, e a metodologia dos modelos mistos selecionou as populações 16 e 26.

Dentre as populações mais produtivas, estáveis e de ampla adaptabilidade, recomendadas pela metodologia de Eberhart & Russell para o ambiente 2 são: 16, 36, 18, 22, 4 e 28 estas populações também foram indicadas como superiores pela metodologia dos modelos mistos para este ambiente. Entretanto estes métodos discordam quanto a seleção de uma população sendo que pelo método de Eberhart & Russell ainda foi selecionada a população 2, e a metodologia dos modelos mistos selecionou a população 25.

Para o ambiente 3 as populações mais produtivas, estáveis e de ampla adaptabilidade, recomendadas pela metodologia de Eberhart & Russell são: 16, 24, 36, 30, 35 e 17 estas populações também foram indicadas como superiores pela metodologia dos modelos mistos para este ambiente. Entretanto estes métodos discordam quanto a seleção de uma população sendo que pelo método de Eberhart & Russell ainda foi selecionada a população 15, e a metodologia dos modelos mistos selecionou a população 18.

Segundo Vasconcelos et al., (2015), a utilização de mais de um método para estimar os parâmetros genéticos e uma estratégia que permite maior confiabilidade na interpretação dos dados para posterior recomendação de cultivares.

## 5. CONCLUSÕES

Os resultados apresentados no presente trabalho permitem inferir que:

1. As metodologias de Eberhart & Russell e Modelos Mistos, apresentam resultados semelhantes na classificação das populações quanto adaptabilidade e estabilidade nos três ambientes, porém diferem quanto a ordem de algumas populações.

2. Existe interação G X A para as populações avaliadas, sendo em maior parte do tipo complexa.

3. A população 36 demonstra-se promissor em programas de melhoramento visando obtenção de cultivares com maior adaptabilidade e estabilidade, visto que foi selecionado como superior dentro dos três ambientes estudados.

4. Através da metodologia dos modelos mistos, as populações selecionadas, com o intuito de formar novo composto para compor novas populações, para futuras ações de melhoramento para cada ambiente são para o ambiente A1: 36, 24, 30, 25, 16, 7 e 26. No ambiente A2 foram selecionados, as populações: 16, 36, 18, 22, 4, 25 e 28. Para o ambiente A3 foram selecionadas as populações: 16, 24, 36, 30, 18, 17 e 35.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABIMILHO - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DO MILHO. **Estatística**. Disponível em: <<http://www.abimilho.com.br/estatisticas>>. Acesso em: 02 out. 2015.
- AGRAMA, H. A.; MOUSSA, M. E. Mapping QTLs in breeding for drought tolerance in maize (*Zea mays* L.) **Euphytica**, Wageningen, v. 91, n. 1, p. 89-97, 1996.
- ARANTES, F. C. **Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade em genótipos de cana-de-açúcar**. 2013. xii, 94 p. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, 2013. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/11449/102848>>.
- 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 an Applied Biotechnology**, v. 9, p. 219-228, 2009.
- 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. A.; FIGUEIREDO, I.C.R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, 2007.
- BESPALHOK FILHO, J.C. **Melhoramento de plantas**. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/>>. Acesso em: 4/4/2016
- BOLAÑOS J.; EDMEADES, G.O. The importance of the anthesis– silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. **Field Crops Research**, v. 48, n. 1, p. 65–80. 1996.
- BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G.A.; BERGONCI, J.I.; BIANCHI, C.A, M.; MÜLLER, A.G.; COMIRAN, F.; HECKLER, B.M.M. Distribuição hídrica no período crítico do milho e produção de grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p.831-839, 2004.
- BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G.A.; COMIRAN, F.; BERGONCI, J.I.; MÜLLER, A.G.; FRANÇA, S.; SANTOS, A.O.; RADIN, B.; BIANCHI, C.A.M.; PEREIRA, P.G. Déficit hídrico e produtividade na cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.41, n.2, p.243-249, fev. 2006.
- BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Estimativas de heterose em híbridos de populações F<sub>2</sub> de milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 42, n. 1, p. 56-62, jan/mar. 2012.
- BONFIM-SILVA, E. M.; ARAÚJO DA SILVA, T.J.; CABRAL, C.E.A.; KROTH, B.E.; REZENDE, D. Desenvolvimento inicial de gramíneas submetidas ao estresse hídrico Universidade Federal Rural do Semiárido. Mossoró, Brasil. **Revista Caatinga** 2011. Visualizado em, 18 de julho de 2017 Disponível em: <<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=237117605024>> .
- BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G &; CARVALHO, S.P. **Melhoramento de Plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA 2001. 282 p.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 36. ed. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.
- CARVALHO, E.V.; AFFERRI, F.S.; PELÚZIO, M.J.; SANTOS, W.F.; BICUDO, S.J. Adaptabilidade na produção de massa verde e grãos de genótipos de milho no

- Tocantins. Centro de Ciências Agrárias - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 4, p. 856-862, out-dez, 2014.
- CARVALHO, L.P.; FARIAS, F.J.C.; MOEWLLO, C.L.; TEODORO, P.E. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia, Campinas**, Ahead of print, 2016.
- CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 142p. 2004.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento grãos da safra brasileira, V.4 -Safra 2016/2017-N.9 – Nono levantamento**. Junho, 2017.
- COCKERHAM, C. C. Estimation of genetics variance. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Eds.). **Statistical genetics and plant breeding**. Madison: **National Academy of Sciences**, 1963. p.53-94.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v.35, p.271-276, 2013.
- CRUZ C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ª ed., p. 544 - Viçosa-MG: UFV, 2012.
- DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. Puerto Rico Agricultural Experimental Station **Annual Reporter**, Puerto Rico, p14-15, 1924.
- DI SALVO, F. **Obtenção de variedades sintéticas de milho**. 2011. iii, 28 f. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2011. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/11449/92661>>.
- DURÃES, F.O.M. **Limitações fisiológicas do milho nas condições de plantio nas regiões tropicais baixas**. 2007. Artigo em Hypertexto. Disponível em: <[http://www.infobibos.com/Artigos/2007\\_1/limitemilho/index.htm](http://www.infobibos.com/Artigos/2007_1/limitemilho/index.htm)>. Acesso em: 29/8/2017
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6, n.1, p.36-40, 1966.
- EDMEADES, G. O.; BOLANOS, J.; ELINGE, A.; RIBAUT, J. M.; BÄNZIGER, M.; WESTGATE, M. E. The role and regulation of the anthesis-silking interval in maize. In: WESTGATE, M. E.; BOOTE, K. J. (Ed.). **Physiology and modeling Kernel set in Maize**. Madison: CSSA, 2000. p. 43-73. (CSSA Special Publication, 29).
- FANCELLI, A.L.; DOURADO-NETO; D. **Produção der milho**. Ed. Agropecuária, Guaíba. 360p, 2000.
- FARIA, S. V. de. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho pelos métodos de Eberhart & Russell, centróide, AMMI e Modelos Mistos**. 2016. 33f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2016.
- FONSECA JUNIOR, N.S. Interação genótipo x ambiente: aspectos biométricos. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. (Ed.). **Melhoramento genético de plantas**. Ed. UEL, p.141-178, 1999.
- FRITSCHÉ-NETO, R., BORÉM, A. **Melhoramento de plantas para condições de estresse abióticos**. (Organizadores). – Visconde do Rio Branco: Suprema, 250p, 2011.

GARBUGLIO, D.D.; ARAÚJO, P.M. Avaliação de Híbridos Intervarietais de Milho por Meio de Cruzamento Dialélico Parcial, Considerando Quatro Ambientes. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.27, n.3, p.379-392, 2006.

GRIFFING, J.B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel systems. **Australian Journal of Biological Science**, v.9, p. 463-493, 1956.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press. 468 p, 1988.

HALLAUER, Arnel R. Evolution of plant breeding. **Crop breeding and applied biotechnology**, v. 11, n. 3, p. 197-206, 2011.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, v.39, p.789-809, 1954.

IBGE, **Produção Agrícola Municipal/2016**; Elaboração, SPA/MAPA/IBGE – (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística). **Milho**. Disponível em: <[http://www.cecs.unimontes.br/images/Especiais/Agronegocio/Producao\\_agricola/2016/milho\\_jan\\_2016](http://www.cecs.unimontes.br/images/Especiais/Agronegocio/Producao_agricola/2016/milho_jan_2016)>. Acesso em: 23 fevereiro, 2016.

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. **Banco de Dados Meteorológicos para Ensino e Pesquisa**. <<http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep>> 10/05/2017

JATAI, Prefeitura de 2017: Virtual Books, 2000. **Localização do município**.

Disponível em:

[http://www.jatai.go.gov.br/index.php?option=com\\_content&view=article&id=51&Itemid=198](http://www.jatai.go.gov.br/index.php?option=com_content&view=article&id=51&Itemid=198). Acesso em: 17 jun. 2017.

KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. **Biometrics**. v. 17, p. 50 – 229. 1961.

KOPPEN, W. Klassifikation der klimate nach temperatura, niederschlag und jahreslauf. **Petermanns Geographische Mitteilungen**, Gotha, v. 64, p. 193-203, 1918.

LANDAU, E. C.; MAGALHÃES, P. C.; GUIMARÃES, D. P. Árvore do conhecimento: Relações com o clima. **Embrapa Milho e Sorgo**, 2016.

LANDAU, E. C.; MAGALHÃES, P. C.; GUIMARÃES, D. P. Árvore do conhecimento. **Milho relações com o clima. Embrapa Milho e Sorgo** 20017; [http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONTAG01\\_17\\_1682005\\_11157.html](http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONTAG01_17_1682005_11157.html) aceso em 16-06-2017.

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

LONNQUIST, J.H. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. **Nebraska Agric. Exp. Sta Res. Bulletin** 197, p. 1-32, 1961.

MAIA, M. C. C., RESENDE, M. D. V., PAIVA, J. R., CAVALCANTI, J. J. V. e BARROS, L. M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genótípicas em clones de cajueiro, via modelos misto. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 39, 43-50. 2009.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; CARNEIRO, N.P.; PAIVA, E. Fisiologia do milho. 1 ed. Sete Lagoas: **Circular Técnica, Embrapa Milho e Sorgo**. 23p, 2002.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. Fisiologia da produção de milho. Sete Lagoas: **Circular Técnica 76, Embrapa Milho e Sorgo**, 10p, 2006.

MARIANO, Z. F. **A importância da variável climática na produtividade de soja no Sudoeste de Goiás**. 2005. 253f. Tese de doutorado (Instituto de Geociências e Ciências Exatas) Campus de Rio Claro. (SP), 2005.

MARIOTTI, J. A. OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M.; BULACIO, A. N. R; ALMADA, G. H. Analises de estabilidad y adaptabilidad de cultivares de cana de azucar. interaccion dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, v.13, n.1/4, p.105-127, 1976.

MATTA, L. B. da, **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de girassol (Helianthus annuus)**. Dissertação de mestrado Universidade Federal de Viçosa - Campus Viçosa - Viçosa, MG, 2016.

MENDOZA GONZÁLEZ, A. R., **Biometria aplicada ao melhoramento do milho amiláceo na região oriental do Paraguai / Amalio Ramón Mendoza González**. – Viçosa, MG, 2014.

MORIZET, J.; TOGOLA, D. Effect et arrière-effect de la sécheresse sur la croissance de plusieurs génotypes de maïs. In: CONFÉRENCE INTERNATIONALE DES IRRIGATIONS ET DU DRAINAGE, 1984, Versailles. **Les besoins en eau des cultures**. Paris: Inra, p.351-360, 1984.

MUNDSTOCK, C. M.; SILVA, P. R. F. **Manejo da cultura do milho para altos rendimentos de grãos**. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 50p, 2005.

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.

NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. VALADARIS-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento-Plantas**. Fundação MT, 1183 p, 2001.

NURMBERG, P.L.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. **Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em "Top-Crosses"**. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Lavras. 2000.

OGLIARI, J.B.; SOUZA, R.; KAMPHORST, S. H. GONÇALVES, G. M .B. CANCI, A.; LAZZARI, L. Manejo e uso participativo de variedade crioula de milho como estratégia de conservação: experiência do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade no Oeste de Santa Catarina. **Cadernos de Agroecologia**, v. 8, n. 2, 2013.

OLIVEIRA, J.S; SOBRINHO, F.S.; FERNANDES, S.B.V.; WÜNSCH, J.A.; LAJÚS, C.A.; DUFLOTH, J.H.; ZANATTA, J.C.; MOLETTA, J.L.; PEREIRA, A.V.; LEDO, F.J.S.; BOTREL, M.A.; AUAD, M.V. Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no sul do Brasil. **Ciência Rural**, v.34, p. 997-1003, 2004.

OLIVEIRA, A, S; MIRANDA FILHO, J, B; REIS, E, F; RODRIGUES, L, O. Populações Semiexóticas de Milho com Resistência ao Complexo do Enfezamento. **XXIX CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO - Águas de Lindóia - 26 a 30 de agosto de 2012**.

- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO J. B. Melhoria de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargil. p. 277-340, 1987.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15ª. Ed. Fealq, 451p, 2009.
- POSSER, G.F.; MACHADO, J.R.A.; MELARA, K.M.; GUIMARÃES, L.J.M.; GUIMARÃES, P.E.O.; MEIRELLES, W.F. Comportamento de variedades sintéticas de milho na região Sul. In: **Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso**. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 31., 2016, Bento Gonçalves. Milho e sorgo: inovações, mercados e segurança alimentar: anais. Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2016.
- RAGAGNIN, A.L.S.; SOMERA, A.; COSTA, M.A.L.; MIRANDA FILHO, J.B. REIS, E.F. **Desempenho de progênies parcialmente endogâmicas de milho em cruzamentos topcrosses**. In: Anais do XII Congresso de Pesquisa, ensino e Extensão, Goiânia, 2015.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.B. **Genética na agropecuária**. 5ª ed. São Paulo: Editora Globo, 359p, 1989.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 271p, 1993.
- RESENDE, M. D. V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, (Embrapa Florestas. Documentos, 77). 67p, 2002.
- RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, (Embrapa Florestas, Documentos 100). 100p, 2004.
- RESENDE, M. D. V. e DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, 2007.
- RESENDE, M.D.V. Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 16(4),330-339, 2016. Disponível em <<https://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>>, acesso em 25/07/2017.
- RIBEIRO, J. Z. **Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho**. – Curitiba, 142p, 2011.
- SANTOS, R. F. CARLESSO, R. Déficit hídrico e os processos morfológico e fisiológico das plantas. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 2, n. 3, p. 287-294, 1998.
- SANTOS, F. M. da C. **Capacidade de combinação de híbridos comerciais de milho visando à obtenção de híbridos de F2**. Campinas, 2009.
- SANTOS E.L.; GARBUGLIO, D.M.; ARAÚJO, P.M.; GERAGE, A.T.; 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, n. 4, p. 633-639, 2011.

SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SILVA, M. A da. **Adaptabilidade estabilidade de híbridos de milho no Estado do Acre**. 2009. 42f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal) – Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação, Universidade Federal do Acre, Rio Branco – Acre, 2009.

SILVA, P.R.; BISOGNINI, D.A.; LOCATELLI, A.B.; STORCK, L. Adaptability and stability of corn hybrids grown for high grain yield. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.36, p.175-181, 2014.

SILVA, C. M.; MIRANDA FILHO, J. B.; MENDES, U. C.; REIS, E. F.; **Partial diallel crosses for predicting yield of semiexotic maize populations**, Genetics and Molecular Research 16 (3): gmr 16019555. 2017.

SILVA, N.S. ANDRADE, S. L. de., **CARACTERIZAÇÃO CLIMÁTICA DO MUNICÍPIO DE JATAÍ-GO**: Subsídios às atividades agrícolas. Anais XVI Encontro Nacional dos Geógrafos, Crise, práxis e autonomia: espaços de resistência e de esperanças Espaço de Diálogos e Práticas. ENG, Porto Alegre, 1-10, 2012.

SILVA, G.O.; CARVALHO, A.D.F.; SOUZA, Z.S.; PONIJALEKI, R.S.; PEREIRA, A.S. Desempenho genotípico de clones de batata via modelos mistos. **Agrária – Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.11, n.4, p.259-266. 2016.

SILVA NETO, S. P., **Importância da cultivar de soja na viabilidade da sucessão soja-milho**.

<http://www.diadecampo.com.br/zpublisher/materias/Materia.asp?id=24544&secao=C olunas%20e%20Artigos> visualizado em 20/05/2017.

STOJAKOVIC´, M.; MITROVIC´, B.; ZORIC´, M.; IVANOVIC´, M.; STANISAVLJEVIC´, D.; NASTASIC´, A.; DODIG, D. Grouping pattern of maize test locations and its impact on hybrid zoning. **Euphytica**, v.204, p. 419-431, 2015.

STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. de. **Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) para a produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar**. Boletim de Pesquisa Florestal, n.50, p.37-51, 2005.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **3º levantamento USDA da safra 2017/18 - Julho/17**. Disponível em: <[http://www.fiesp.com.br/indices-pesquisas-e-publicacoes/safra-mundial-de-milho-2/attachment/boletim\\_milho\\_julho2017/](http://www.fiesp.com.br/indices-pesquisas-e-publicacoes/safra-mundial-de-milho-2/attachment/boletim_milho_julho2017/)>. Acesso: 20/07/2017, 2017.

TORRES, F.E.; TEODORO, P.E.; SAGRILO, E.; CECCON, G.; CORREA, A.M. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v. 74, p.255-260, 2015.

VAMERALI, T.; SACCOMANI, M.; BONA, S.; MOSCA, G.; Guarise, M.; Ganis, A. A comparison of root characteristics in relation to nutrient and water stress in two maize hybrids. **Plant and Soil**, The Hague, v. 255, p.157-167, 2003.

VASCONCELOS, F.M.T.; VASCONCELOS, R.A.; LUZ, L.N.; CABRALI, N.T.; OLIVEIRA JUNIOR, J.O.L.; SANTIAGO, A.D.; SGRILLO, E.; FARIAS, F.J.C.; FILHO, P.A.M.; SANTOS, R.C.; Adaptabilidade e estabilidade de genótipos eretos de amendoim cultivados nas regiões Nordeste e Centro-Oeste. **Ciência Rural**, v.45, p.1375-1380, 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. **Revista Brasileira de Genética**. 486p,1992.

VENCOVSKY, R.; MORAES, A. R.; GARCIA, J. C.; TEIXEIRA, N. M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento de milho no brasil. In: **CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO**, 16. Belo Horizonte, 1986. Anais... Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, P. 300-307, 1988.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, p137-209. 1987.

XIAO, Y. N.; ZHANG, S. H.; LI, M. S. Identification of quantitative trait loci (QTLs) for flowering time using SSR marker in maize under water stress. **Korean Journal of Genetics**, Seoul, v. 26, n. 4, p. 405- 413, 2004.

WESIMANN, M. Tecnologia e Produção: Milho Safrinha e Culturas de Inverno – **Fazes de Desenvolvimento da Cultura do Milho**. 38p. 2008.

WELCKER, C.; BOUSSUGE, B.; BENCIVENNI, C.; RIBAUT, M.; TARDIEU, F. Are source and sink strengths genetically linked in maize plants subjected to water deficit? A QTL study of the responses of leaf growth and of Anthesis-Silking Interval to water deficit. **Journal of Experimental Botany**, London, v. 58, p. 339–349, 2007.

ZINSELMEIER, C.; WESTGATE, M, E.; JONES, R, J. Kernel set at low water potential does not vary with source sink/ratio in maize. **Crop Science**, v.35, p.158-164, 1995.