

**ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E  
CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE HÍBRIDOS  
TOPCROSSES DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA**

**GUARAPUAVA**

**2019**



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO CENTRO-OESTE, UNICENTRO-PR**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA – PPGA**  
**MESTRADO**

**ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE**  
**HÍBRIDOS TOPCROSSES DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA**

**RODRIGO GOMES**

**GUARAPUAVA-PR**

**2019**

**RODRIGO GOMES**

**ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E CAPACIDADE COMBINTÓRIA DE  
HÍBRIDOS TOPCROSSES DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Marcos Ventura Faria

**GUARAPUAVA-PR**

**2019**

**RODRIGO GOMES**

**ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE  
HÍBRIDOS TOPCROSSES DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual do Centro-Oeste, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Mestre

Aprovado em \_\_\_/\_\_\_/\_\_\_

Prof. Dr. Marcelo Cruz Mendes - UNICENTRO

Dr. Evandrei dos Santos Rossi

Prof. Dr. Marcos Ventura Faria – UNICENTRO

Orientador

GUARAPUAVA-PR

2019

À minha família, DEDICO

## **AGRADECIMENTOS**

A coordenação do Programa de Pós-Graduação de Agronomia da UNICENTRO pela oportunidade a mim oferecida.

Ao professor e orientador Dr. Marcos Ventura Faria, por toda a atenção, conhecimentos transmitidos e amizade.

A empresa Nidera Seeds LTDA pela oportunidade e tempo concedido para que esse curso fosse por mim realizado.

Ao colega Jocimar Costa Rosa pela amizade e auxílio na realização desse projeto.

Aos meus filhos Heloisa A. Gomes e Gustavo A. Gomes que me motivam todos os dias a lutar por eles.

A minha esposa Ohana S. A. Gomes, pelo apoio incondicional, pela mãe dedicada e minha melhor amiga, muito obrigado.

## SUMÁRIO

<b>Resumo</b> .....	i
<b>Abstract</b> .....	ii
<b>1. Introdução</b> .....	13
<b>2. Objetivos</b> .....	14
<b>3. Referencial Teórico</b> .....	15
3.1. Importâncias da cultura do milho .....	15
3.2. Caracterização dos ambientes de Segunda Safra .....	15
3.3. Melhoramento do milho .....	17
3.3.1. Cruzamentos <i>topcrosses</i> , híbridos simples e dialélicos .....	18
3.3.2. Adaptabilidade e estabilidade .....	20
3.3.2.1. Métodos para analisar adaptabilidade e estabilidade.....	23
3.4. Método GGE <i>biplot</i> e modelo AMMI .....	25
<b>4. Materiais e Métodos</b> .....	28
4.1. Local do experimento .....	28
4.2. Material experimental .....	28
4.3. Condução dos experimentos .....	30
4.4. Avaliações .....	30
4.5. Análises estatísticas dos dados .....	30
4.5.1. Análise de variância .....	31
4.5.2. Análise dialélica .....	33
4.5.3. Análises de Adaptabilidade e Estabilidade.....	33
4.5.3.1. Análise de Schmidt e Cruz (2005) .....	33
4.5.3.2. Análise <i>Biplot</i> .....	34
<b>5. Resultados e Discussão</b> .....	34
5.1. Análise de variância .....	34
5.2. Análise de variância dialélica e estimativa dos efeitos de capacidade de combinação .....	42
5.3. Análise de adaptabilidade e estabilidade .....	
5.3.1. Classificação dos ambientes .....	50
5.3.2. AMMI e GGE <i>biplot</i> .....	57
<b>6. Conclusões</b> .....	59
<b>7. Referências Bibliográficas</b> .....	60



## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Dados de localização e data de semeadura dos 9 ambientes.....	26
<b>Tabela 2.</b> Relação dos 66 híbridos <i>topcrosses</i> avaliados em nove ambientes na segunda safra no ano de 2017. Guarapuava-PR, 2019.....	27
<b>Tabela 3.</b> Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de 66 genótipos, avaliados em 9 ambientes durante a Segunda Safra 2017. Guarapuava, 2019.....	34
<b>Tabela 4.</b> Resumo da análise de variância de 33 híbridos <i>topcrosses</i> , correspondentes a 33 linhagens cruzadas com o testador 1, avaliados em nove ambientes na segunda safra de 2017. Guarapuava, 2019.....	35
<b>Tabela 5.</b> Resumo da análise de variância de 33 híbridos <i>topcrosses</i> , correspondentes a 33 linhagens cruzadas com o testador 2. Guarapuava, 2019.....	35
<b>Tabela 6</b> Estimativas dos componentes da variância e parâmetros genéticos das análises individuais da produtividade de grãos, de 33 híbridos de milho oriundos do cruzamento de 33 linhagens e o testador 1, avaliados em 9 localidades durante a Segunda Safra de 2017. Guarapuava, 2019.....	41
<b>Tabela 7.</b> Estimativas dos componentes da variância e parâmetros genéticos das análises individuais da produtividade de grãos, de 33 híbridos de milho oriundos do cruzamento de 33 linhagens e o testador 2, avaliados em 9 localidades durante a Segunda Safra de 2017. Guarapuava, 2019.....	42
<b>Tabela 8.</b> Análise dialélica parcial conjunta do cruzamento entre 33 linhagens e 2 testadores, avaliados em 9 ambientes. Guarapuava, 2019.....	42
<b>Tabela 9.</b> Análise dialélica parcial por ambiente, do cruzamento entre 33 linhagens de milho e 2 linhagens testadoras, avaliados em 9 ambientes na segunda safra de 2017. Guarapuava, 2019.....	43
<b>Tabela 10.</b> Estimativas da capacidade geral de combinação dos dois testadores em cada um dos 9 ambientes, contribuição em kg ha <sup>-1</sup> , Guarapuava, 2019.....	44
<b>Tabela 11.</b> Classificação dos 9 ambientes com base na análise de estabilidade de Schmidt et al. (2005), na avaliação dos 66 genótipos, durante a Segunda Safra de 2017. Guarapuava, 2019.....	50
<b>Tabela 12.</b> Índices de estabilidade geral, ambientes desfavoráveis e favoráveis, para os 66 híbridos <i>topcrosses</i> avaliados nos 9 ambientes da safrinha 2017. Guarapuava, 2019.....	52
<b>Tabela 13.</b> Resumo da análise conjunta de variância de produtividade (kg.ha <sup>-1</sup> ) de 66 genótipos avaliados em 9 ambientes, avaliados na Segunda Safra 2017, Guarapuava, 2019.....	54

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Dispersão das médias de produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses*, nos nove ambientes. Linha tracejada aponta a média geral dos tratamentos. Guarapuava, 2019.....36
- Figura 2.** Dispersão das médias da produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* nos ambientes 1, 2 e 3. Linha tracejada aponta a média dos tratamentos. Guarapuava, 2019.....38
- Figura 3.** Dispersão das médias da produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* nos ambientes 4, 5 e 6. Linha tracejada aponta a média dos tratamentos. Guarapuava, 2019.....39
- Figura 4.** Dispersão das médias da produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* nos ambientes 7, 8 e 9. Linha tracejada aponta a média dos tratamentos. Guarapuava, 2019.....40
- Figura 5.** Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) das 33 linhagens nos ambientes 1 e 2. Linhas verticais indicam 1,5 vezes o DP da CGC. Guarapuava, 2019.....45
- Figura 6.** Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) das 33 linhagens nos ambientes 3, 4, 5 e 6. Linhas verticais indicam 1,5 vezes o DP da CGC. Guarapuava, 2019.....46
- Figura 7.** Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) das 33 linhagens nos ambientes 7, 8, 9 e média dos nove ambientes. Linhas verticais indicam 1,5 vezes o DP da CGC. Guarapuava, 2019.....47
- Figura 8.** Estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) médio e nos 9 ambientes avaliados. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.....49
- Figura 9.** GGE *biplot* AMMI 1 (“Média vs Estabilidade”) relativo ao IPCA 1 e produtividade dos híbridos e ambientes, nos eixos y e x, respectivamente. Faixa vertical indica a média de produtividade dos genótipos Guarapuava, 2019.....56
- Figura 10.** GGE *Biplot* AMMI 2, relativo ao primeiro componente principal (IPCA 1) e segundo componente principal (IPCA 2), nos eixos x e y, respectivamente. Guarapuava, 2019.....68

## RESUMO

### **Rodrigo Gomes. Adaptabilidade, estabilidade e capacidade combinatória de híbridos topcrosses de milho na segunda safra**

O crescimento da produção de milho na segunda safra, que atualmente corresponde a cerca de 70% da área semeada no Brasil, impulsionou a mudança do mercado e suscitou o aumento da demanda por híbridos adaptados à realidade dos ambientes, impondo mudanças de estratégias nos programas de melhoramento. Os objetivos com esse trabalho foram avaliar e identificar linhagens promissoras para a geração de novos híbridos com elevado potencial produtivo em ambientes de segunda safra. Foram avaliadas 33 linhagens com elevada homozigose, oriundas de diferentes grupos heteróticos, em cruzamentos *topcrosses* com duas linhagens elite testadoras (uma adaptada a ambientes de verão e outra adaptada às condições de segunda safra), totalizando 66 híbridos simples *topcrosses*. Foram obtidos os dados de rendimento de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) em 9 localidades no período de segunda safra, sendo seis no Paraná (1-Toledo, 2-Palotina, 3-Assis Chateaubriand, 4-Campo Mourão, 5-Sertanópolis e 6-São Jorge do Ivaí) e três no Mato Grosso do Sul (7-Caarapó, 8-Itaporã e 9-Douradina), no ano de 2017. Foi realizada análise dialélica parcial (linhagens x testadores). A estabilidade dos genótipos foi avaliada pelas metodologias de Schmidt e Cruz (2005) e AMMI (ZOBEL et al., 1988) e análise GGE *biplot*. Houve efeito significativo dos genótipos (com produtividade média de  $8.650 \text{ kg ha}^{-1}$ ), dos ambientes e da interação GE. A maior média de produtividade foi registrada no ambiente 6 ( $10.180 \text{ kg ha}^{-1}$ ) e a menor média foi no ambiente 4 ( $6.880 \text{ kg ha}^{-1}$ ). A herdabilidade da produtividade de grãos dos híbridos com o testador 2 foi superior a 50% nos ambientes 2, 3, 6, 7, 8 e 9, com destaque para o ambiente 9, onde a herdabilidade foi de 90,27%. Não houve diferença significativa para CGC dos testadores, porém houve diferença significativa para CGC das linhagens, bem como da capacidade específica de combinação (CEC). Houve efeito significativo dos ambientes, bem como das interações *topcrosses* x ambientes, CGC testadores x ambientes, CGC linhagens x ambientes e CEC x ambientes. O testador 1 (verão) contribuiu positivamente para a CGC nos ambientes 6, 7, 8 e 9. O testador 2 (segunda safra) contribuiu positivamente para a CGC nos ambientes 1, 2, 3, 4 e 5, onde os híbridos com esse testador também tiveram médias superiores em relação ao testador 1. As linhagens 21, 22, 31 e 32 tiveram as estimativas mais favoráveis da CGC em boa parte dos ambientes. Entre os híbridos *topcrosses*, que responderam com maiores médias de produtividade nos ambientes de avaliação, se destacaram HS045, HS065, HS066 e HS055, dentre os quais HS045 e HS066 foram os mais estáveis.

Palavras-chave: AMMI biplot, dialélica parcial; estabilidade, melhoramento genético; produtividade de grãos.

## ABSTRACT

### **Rodrigo Gomes. Adaptability, Stability and combining ability of corn hybrids in second season**

The growth of corn production in the second season, which currently corresponds to about 70% of the area sown in Brazil, has driven the market change and led to the increase in demand for hybrids adapted to the reality of the environments, imposing changes in strategies in the production programs. improvement. The objectives of this work were to evaluate and identify promising progenies for the generation of new hybrids with high productive potential in second crop environments. Thirty-three inbred lines from different heterotic groups were evaluated in topcross crosses with two elite testers (one adapted to summer environments and one adapted to second crop conditions), totaling 66 topcross hybrids. The grain yield data (kg ha<sup>-1</sup>) were obtained at 9 locations in the second harvest period, six in Paraná (1-Toledo, 2-Palotina, 3-Assis Chateaubriand, 4-Campo Mourão, 5-Sertanópolis and 6-São Jorge do Ivaí) and three in Mato Grosso do Sul (7-Caarapó, 8-Itaporã and 9-Douradina), in 2017. An analysis of variance and partial diallel (lines vs. testers) was performed. Genotype stability was evaluated by the methodologies of Schmidt and Cruz (2005) and AMMI (ZOBEL et al., 1988) GGE biplot analysis. There was a significant effect of genotypes (with average yield of 8,650 kg ha<sup>-1</sup>), environments and GE interaction. The highest average yield was recorded in environment 6 (10,180 kg ha<sup>-1</sup>), and the lowest average was in environment 4 (6,880 kg ha<sup>-1</sup>). The heritability of grain yield of hybrids with tester 2 was greater than 50% in environments 2, 3, 6, 7, 8 and 9, with emphasis on environment 9, where heritability was 90.27%. There was no significant difference for testers' CGC, but there was significant difference for progeny GCA, as well as specific combining ability (SCA). There was a significant effect of the environments, as well as the interactions topcrosses x environments, GCA testers x environments, GCA progenies x environments and SCA x environments. Tester 1 (summer) positively contributed to CGC in environments 6, 7, 8, and 9. Tester 2 (second crop) positively contributed to CGC in environments 1, 2, 3, 4, and 5, where hybrids with this tester also had higher averages than tester 1. Progenies 21, 22, 31, and 32 had the most favorable CGC estimates in most environments. Among the topcross hybrids, which responded with higher average yields in the evaluation environments, HS045, HS065, HS066 and HS055 stood out, among which HS045 and HS066 were the most stable.

**Keywords:** AMMI biplot, partial diallel, stability, genetic breeding, yield grain.

## 1. INTRODUÇÃO

Caracterizado por ser o cereal mais produzido no mundo, o milho ocupa uma área de abrangência mundial próxima a 190 milhões de hectares cultivados, e cerca de 1 bilhão de toneladas produzidas anualmente (FAOSTAT, 2018). No Brasil, a área semeada com esse cereal durante a primeira safra (safra 2018/2019) foi de 5,2 milhões de hectares, e a previsão para a segunda safra (safra de 2019) é de 11,5 milhões de hectares, demonstrando a importância que a segunda safra ocupa no mercado nacional brasileiro (CONAB, 2018).

A segunda safra atualmente corresponde a cerca de 70% da área semeada de milho no Brasil. Essa mudança do mercado nos últimos anos induz a uma demanda cada vez maior por híbridos adaptados à realidade dos ambientes de segunda safra (CONAB, 2018), fazendo com que as empresas de melhoramento direcionassem suas estratégias para o atendimento dessa nova realidade.

Em programas de melhoramento de milho a disponibilidade de bons testadores é fundamental para auxiliar no processo de avaliação e seleção das linhagens. Em esquemas de *topcrosses* são obtidos híbridos a partir do cruzamento de linhagens consideradas parcialmente endogâmicas com um testador, que pode ser uma linhagem elite, um híbrido simples ou então materiais de base genética ampla. O método *topcross* é amplamente utilizado e eficiente para a discriminação de progênies ou linhagens, além disso, quando avaliado em esquema dialélico auxilia na identificação de testadores que ajudem a discriminar melhor o mérito relativo das linhagens. As estimativas da capacidade de combinação auxiliam na escolha de genitores, na avaliação do potencial das linhagens e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres.

A manifestação fenotípica é resultado da resposta do genótipo e da influência do meio em que o mesmo é avaliado. Entretanto, quando se considera avaliar genótipos em mais de um ambiente, é possível encontrar um efeito adicional, a interação entre os genótipos e os ambientes de avaliação (GE). A interação GE dificulta a seleção e a indicação de híbridos, em razão das diferenças de desempenho dos genótipos frente às variações ambientais. Para que as seleções e recomendações de genótipos sejam mais eficientes os efeitos da interação GE devem ser considerados.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1 Objetivo Geral**

Avaliar o mérito relativo de linhagens de milho em cruzamentos *topcrosses* com dois testadores, em nove ambientes na segunda safra, quanto à produtividade de grãos.

### **2.2 Objetivos Específicos**

Avaliar a interação genótipos x ambientes;

Avaliar a capacidade geral de combinação (CGC) das linhagens e dos testadores;ccc

Selecionar híbridos com maior produtividade e mais estáveis nos ambientes avaliados.

### **3. REFERENCIAL TEÓRICO**

#### **3.1. Importância da cultura do milho**

O milho (*Zea mays*) é um dos cereais mais importantes cultivados e consumidos no mundo devido ao seu potencial produtivo, composição química e valor nutritivo. Em virtude da sua multiciência de aplicações, assume relevante papel socioeconômico, pois constitui matéria-prima indispensável impulsionadora de diversificados complexos agroindustriais (FANCELLI e DOURADO NETO, 2008).

O milho é o principal cereal produzido no mundo. Para a safra 2017/2018 a expectativa de produção mundial foi de 1,062 bilhão de toneladas. O maior produtor mundial de milho são os Estados Unidos, cuja projeção era de produzir 387 milhões de toneladas produzidas até o fim da safra de 2017, o que representa cerca de 40% da produção mundial. O segundo maior produtor é a China, com estimativa de produzir 220 milhões de toneladas do cereal até o fim de 2017. O Brasil é o terceiro maior produtor do cereal, produzindo na safra de 2017 86 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2018).

Em décadas passadas a segunda safra de milho no Brasil era denominada “safrinha”, pois correspondia a uma pequena produção em relação à safra de verão, considerada principal. No entanto, atualmente, a importância da segunda safra é inquestionável, pois já corresponde a 68% do total de área plantada de milho no Brasil (CONAB, 2018). O crescimento que o plantio de segunda safra teve nos últimos anos foi muito grande, devido à expansão das áreas agricultáveis dos estados do Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Maranhão, Piauí, Bahia e Tocantins. Ainda, o avanço do melhoramento de soja, promoveu o lançamento de diversas variedades super precoces, adaptadas a plantios mais precoces no verão, viabilizando a antecipação do plantio de segunda safra do milho em várias regiões, possibilitando também a minimização dos riscos de geadas no sul e o risco de seca no centro-oeste (CONAB, 2018).

#### **3.2. Caracterizações dos ambientes de segunda safra**

O milho de segunda safra é caracterizado pelo cultivo em sequeiro, com semeadura realizada nos meses de janeiro a abril, após a cultura de verão, geralmente soja precoce (CRUZ et al., 2011).

Com o atual cenário do mercado nacional do milho, naturalmente que as empresas de sementes de milho que atuam no Brasil iniciaram programas de melhoramento focados em ambientes de segunda safra. Porém, o ambiente mais estressante de segunda safra, exige estratégias para ter sucesso nesse novo cenário. Ainda há entraves na produção e na disponibilidade de híbridos mais adaptados às condições de cultivo, devido, sobretudo às incertezas climáticas da época de semeadura, as quais constituem um dos problemas a serem superados.

Para se chegar a genótipos mais adaptados às condições da semeadura de segunda safra é necessário maior conhecimento dos fatores biológicos e climáticos relacionados à tolerância a estresses bióticos e abióticos, de forma a garantir que no futuro, o cultivo do milho segunda safra possa contar com genótipos cada vez mais produtivos nas condições ambientais envolvidas (SOUZA, 2013). O ambiente interfere de maneira direta no comportamento da cultura do milho. Todos os fatores externos à planta e que podem influenciá-la são chamados de fatores ambientais. Existem fatores ambientais bióticos como interação do milho segunda safra com outras plantas (ervas daninhas), patógenos e insetos, e existem os fatores abióticos como a radiação, temperatura, umidade, a fertilidade, dentre outros (SOUZA, 2013). Os estresses abióticos de maior impacto no milho segunda safra são baixas temperaturas (estresse por frio ou resfriamento/congelamento) e a deficiência hídrica (seca). Na segunda safra é comum ocorrer frio nos estádios mais avançados da cultura (florescimento e enchimento de grãos) e deficiência hídrica (seca) em vários estádios de desenvolvimento, dependendo da região (MAGALHÃES et al., 2007). Vale ressaltar que o estágio de desenvolvimento na ocorrência dos estresses depende da época de semeadura. Dependendo da região, uma semeadura precoce pode evitar danos mais sérios como a presença da seca e frio intenso (SHIOGA e GERAGE, 2010; MAGALHÃES et al., 2007).

### **3.3. Melhoramento do milho**

Grande parte do sucesso no avanço da produção mundial de milho se deve ao melhoramento genético. Alguns pesquisadores quantificam que mais de 50% dos ganhos em produtividade observados se devem à adoção dos híbridos (DUVICK, 2005; TROYER, 2009).

O híbrido de milho foi um dos exemplos de sucesso da aplicação da teoria genética à produção de alimentos (DUVICK, 2001). A heterose conhecida e utilizada há mais de um



século, foi uma das maiores contribuições práticas da genética para a agricultura.

Desde há muito tempo, programas de melhoramento de milho adotaram a estratégia de desenvolvimento de linhagens endogâmicas para obter híbridos. O desenvolvimento do milho híbrido e utilização do vigor híbrido resultante da heterose entre o cruzamento entre linhagens contrastantes, acarretou em amplos ganhos de produtividade. A exploração da heterose constitui grande parte do desenvolvimento de genótipos com elevado potencial produtivo, por essa razão as combinações híbridas tem sido a estratégia para principalmente produtividade de grãos (HALLAUER, 2010).

Para que os programas de melhoramento de milho tenham sucesso na obtenção de híbridos superiores, diversas etapas são necessárias. Inicialmente, a escolha das populações base, a obtenção das linhagens endogâmicas; posteriormente a avaliação dessas linhagens quanto à capacidade de combinação e, por fim, as avaliações das melhores combinações híbridas, em que os genótipos são avaliados em diversos ambientes e no decorrer de algumas safras ou anos (PATERNIANI e CAMPOS, 2005).

O incremento relacionado à produtividade de grãos na cultura do milho é tratado como um caso de alta complexidade devido principalmente ao aspecto fenotípico estar relacionado a atuação de vários genes presentes na planta. Outro fator relevante é que a produtividade de grãos é influenciada diretamente condições edafoclimáticas que a cultura está exposta, podendo responder de diversas formas às possíveis interferências do ambiente. (MIRANDA, 2009). É essencial que a avaliação dos híbridos seja realizada no maior número possível de ambientes representativos da região alvo do programa de melhoramento.

### **3.3.1. Cruzamentos *topcrosses*, híbridos simples e dialélicos**

O milho está entre as espécies vegetais, que mais contribuiu para o conhecimento dos princípios teóricos do melhoramento de plantas alógamas e para o desenvolvimento de delineamentos genéticos para diversos tipos de cruzamentos. Os genótipos heterozigóticos, ou híbridos, podem ser classificados de acordo com a constituição genética dos parentais envolvidos nas hibridações, podendo receber as denominações de híbrido *topcross*, híbrido simples, híbrido triplo, híbrido simples modificado, híbrido duplo e híbrido intervietal. Os híbridos simples têm sua origem a partir do cruzamento de duas linhagens endogâmicas. Na maioria das vezes apresenta maior potencial produtivo dentre todos os híbridos. (CRUZ et al., 2004).

Por definição, cruzamentos dialélicos são delineamentos genéticos estatísticos em que

um conjunto de parentais são cruzados dois a dois. Os procedimentos de análise dialélica têm por finalidade a estimação de parâmetros úteis na seleção de genitores, dos híbridos resultantes dos cruzamentos e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na expressão dos caracteres (CRUZ et al., 2004).

Entre os métodos mais utilizados são citados os propostos por Griffing (1956), pelos quais são estimados os efeitos da capacidade geral e específica de combinação; o método proposto por Gardner e Eberhart (1966), no qual são avaliados os efeitos de variedades e heterose varietal e o proposto por Hayman (1954), que fornece informações sobre os mecanismos básicos de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos e do limite de seleção.

A capacidade geral de combinação (CGC), que reflete o desempenho médio de um genótipo nas combinações híbridas em que esse está envolvido, está relacionada aos efeitos aditivos; quando são obtidas estimativas baixas de CGC para um genitor, assegura-se que este não difere em relação à média dos outros genitores, enquanto altas estimativas de CGC de um genitor, evidencia que se diferencia dos demais genitores envolvidos no dialelo (Sprague e Tatum, 1942).

A capacidade específica de combinação (CEC), por sua vez, repercute a manifestação dos efeitos adicionais que aprimoram ou reduzem a performance do híbrido, em relação ao esperado em função da complementação entre CGC dos genitores. A CEC é resultante dos efeitos não aditivos dos genes, como a interação alélica de dominância e interações não alélicas epistáticas (CRUZ; REGAZZI e CARNEIRO, 2013)

A escolha de um testador deve considerar o seu comportamento médio quando em cruzamento com o conjunto de linhagens ou progênies. Apesar de não haver um testador ideal, Souza Júnior (2001) cita como coerente o uso de linhagens elite e híbridos simples como testadores se o objetivo do programa for a obtenção de híbridos simples e triplos, respectivamente. Miranda Filho et al., (1984) comentam que um testador propício deve classificar de maneira adequada e clara as linhagens avaliadas, exigindo menos esforços na avaliação.

O emprego de testadores com base genética ampla é defendido por Ferreira et al. (2009) e Paterniani et al. (2006), em especial para encontrar linhagens com alta CGC. Porém Rissi e Hallauer (1991) defendem o uso de testadores com baixa CGC, que embora não seja possível obter combinações híbridas superiores, são importantes, pois possibilitam uma predição das linhagens com maior capacidade de combinação, logo, segundo os autores, para se obter sucesso nas seleções das linhagens mais promissoras há a necessidade de emprego de

pelo menos dois diferentes testadores, e com diferentes CGC.

Paterniani et al. (2006) avaliaram *topcrosses* em vários ambientes e utilizando duas linhagens como testadoras destacaram que ambas discriminaram eficientemente as linhagens avaliadas, sendo possível selecionar linhagens superiores com adaptação a vários ambientes, citando ainda que tanto os efeitos da CGC quanto CEC foram importantes, com predomínio de efeitos aditivos para produtividade de grãos.

### **3.3.2. Adaptabilidade e estabilidade**

Para a obtenção de genótipos superiores é necessário que os indivíduos selecionados reúnam, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que lhe confirmem rendimento comparativamente mais elevado e que satisfaça às necessidades do agricultor e exigências do mercado consumidor. Para aumentar a chance de êxito no melhoramento, as avaliações de híbridos devem ser realizadas nos locais em que se deseja recomendá-los comercialmente. A realização de experimentos possibilita a estimação de parâmetros genéticos que são interpretados considerando os efeitos ambientais.

Em qualquer ambiente, a manifestação fenotípica é resultante da ação do genótipo sob a influência do meio. Entretanto, quando se considera mais de um ambiente, além dos efeitos de genótipos e de ambientes, o efeito adicional da interação dos genótipos com os ambientes deve ser considerado (CRUZ et al., 2004). Quando genótipos são avaliados em vários ambientes, é de se esperar que diferentes respostas sejam dadas pelos genótipos em questão. Essa resposta diferenciada dos genótipos frente às variações dos ambientes é denominada interação GE. Isso significa que os efeitos genéticos e ambientais não são independentes, uma vez que as respostas dos genótipos podem diferir com as variações ambientais (SOUZA JÚNIOR e VENCOVSKY, 1989).

A ocorrência da interação GE está associada a fatores fisiológicos e bioquímicos de cada genótipo. Em termos genéticos, a interação ocorre quando a contribuição dos alelos dos diferentes genes que controlam o caráter ou o nível de expressão dos mesmos não é coincidente entre os ambientes. Isso porque a expressão dos genes é influenciada e ou regulada pelo ambiente (KANG e GAUCH, 1996)

Como o principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos que apresentem produtividade consistente e elevada nos mais diversos ambientes de interesse comercial, a interação GE pode representar um problema para os melhoristas, por reduzir a precisão das seleções de um ambiente para outro, trazendo em alguns casos seleções

equivocadas. A presença de interação GE provoca um aumento no desvio padrão fenotípico, reduz a herdabilidade ao longo dos ambientes e, conseqüentemente, diminui os ganhos genéticos potenciais (MATHESON e RAYMOND, 1986). Além do mencionado, a interação GE tem inúmeras implicações para os programas de melhoramento. Especialmente em programas de melhoramento de milho, a interação GE influencia especialmente a etapa de avaliação de híbridos e sua posterior indicação ao mercado. Assim, a avaliação de híbridos precisa ser conduzida em diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo de culturas, o que torna essa etapa uma das mais trabalhosas e onerosas (RIBEIRO et al., 2011).

A existência da interação está associada a dois fatores: o primeiro denominado parte simples, é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e o segundo, denominado parte complexa, pela falta de correlação entre os genótipos. Quando é atribuída ao segundo fator, a interação proporciona dificuldades no melhoramento, pois indica a inconsistência da superioridade do genótipo com relação à variação ambiental, isto é, há genótipos com melhor desempenho em um ambiente, mas não em outros, tornando mais difícil selecioná-los e ou recomendá-los (CRUZ e CASTOLDI, 1991)

A interação traz grandes dificuldades na identificação de genótipos superiores para os mais distintos ambientes produtores de milho. A existência dessa interação exige dos melhoristas um estudo detalhado do comportamento das cultivares por meio de análises de adaptabilidade e estabilidade, para conseguir garantir que seu processo de avanço seja eficiente. A adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos em aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente e a estabilidade diz respeito à capacidade de os genótipos mostrarem comportamento altamente previsível em razão do estímulo do ambiente a adaptabilidade (CRUZ et al., 2004).

Para que as indicações de genótipos sejam mais seguras, devem ser tomadas medidas que busquem controlar ou amenizar os efeitos da interação GE. No sentido biométrico, duas abordagens são empregadas: a dos estudos de estabilidade e adaptabilidade de diferentes genótipos em que, segundo CRUZ et al. (2004), procura-se particularizar as respostas de cada genótipo diante das variações ambientais, para identificar aqueles de adaptabilidade ampla ou específica e, ainda, os de comportamento previsível; e a relativa aos métodos de estratificação ambiental, por meio da análise da interação GE. De outro lado, a existência de interação GE, é o fator determinante para o desenvolvimento de novos genótipos. O sucesso de um programa de melhoramento está justamente na capacidade de o melhorista, por meio de algumas ferramentas, assegurar que as seleções sejam efetivas, ou seja, que de fato os melhores genótipos sejam selecionados para cada ambiente de interesse. É correto dizer que a

adaptabilidade refere-se à habilidade de genótipos terem sucesso a estímulos do ambiente, já a estabilidade é avaliada baseada na média do genótipo nos diferentes ambientes, ou seja, a habilidade dos genótipos apresentarem características de produtividade sem grandes variações, independentemente do ambiente no qual está sendo avaliado (MACHADO et al., 2008). Um genótipo pode ser considerado estável, se o seu desempenho é relativamente constante nos mais distintos ambientes.

Em 1971, Tai sugeriu duas estratégias para minimizar o efeito de interação a fim de utilizá-la em favor do melhoramento: i) estratificar as áreas heterogêneas em sub áreas homogêneas. ii) o uso de cultivares com elevada adaptabilidade nos mais distintos ambientes. Mais recentemente, outros autores preferem listar três opções para reduzir os efeitos da interação GE: i) identificar cultivares específicas para cada ambiente; ii) levantar um zoneamento ambiental; e iii) identificar cultivares com estabilidade fenotípica superior.

Baseado nessa ideia, a estratificação de ambientes deve ser uma importante alternativa. Conhecer e dividir os ambientes de interesse é fundamental para que um programa de melhoramento tenha sucesso, pois garantirá que os genótipos que estão sendo avaliados, sejam analisados cuidadosamente e criteriosamente em cada ambiente (adaptabilidade) e na média dos demais ambientes avaliados (estabilidade) (PAULA et al., 2010). A estratificação ambiental é de suma importância para análises de estabilidade e adaptabilidade (SANTOS et al., 2011).

Procedimentos de estratificação ambiental são feitos para verificar se informações geradas em diferentes locais de avaliação são complementares ou redundantes (PEREIRA et al., 2010). A maioria dos métodos de estratificação ambiental visa à formação de grupos de ambientes que minimizem a interação GE (RIBEIRO et al., 2011).

A estratificação ambiental é fundamental, pois identifica os ambientes de acordo com o comportamento dos genótipos. Uma estratificação poderá identificar se há ambientes semelhantes, ou seja, se houve alta correlação entre os genótipos nesses ambientes, caso isso ocorra, conclui-se que não há a necessidade de avaliar os genótipos nesses ambientes, o que dirigiria a escolha das localidades para o próximo ano, e também reduziria custos, deixando de testar em ambientes muito parecidos.

Lin et al. (1986) sugeriram três conceitos de estabilidade: a) tipo 1, a cultivar será considerada estável quando sua variância entre os ambientes for pequena; b) tipo 2, quando a cultivar apresentar resposta aos ambientes paralela ao desempenho médio de todas as outras cultivares avaliadas e c) tipo 3, quando a cultivar apresentar o quadrado médio do desvio da regressão baixo, próximo a zero, ou seja, alta confiabilidade na resposta estimada. Os três

conceitos propostos por Lin et al. (1986), não levam em conta as variações imprevisíveis do ambiente. Nesse sentido, Lin e Binns (1988) sugeriram o tipo 4, no qual a cultivar com maior estabilidade será aquela que apresentar menor quadrado médio da interação genótipos x anos, ou seja, indivíduos estáveis frente as variações imprevisíveis.

Becker e Leon (1988) dividem a estabilidade em dois tipos: estática, associando aqueles genótipos que apresentam desempenho constante com as variações ambientais, e dinâmico, associando os genótipos que apresentam um comportamento previsível dentro das variações ambientais.

Há inúmeras metodologias para análise de adaptabilidade estabilidade destinada a um grupo de genótipos avaliados em vários ambientes. A diferença entre elas origina-se nos próprios conceitos de estabilidade e nos procedimentos biométricos de quantificar a interação entre cultivares e ambientes (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Existem métodos baseados em variância da interação GE, regressão linear, regressão linear bissegmentada, regressão não-linear, métodos não paramétricos, métodos multivariados e aqueles que integram métodos univariados e multivariados.

Todos esses métodos deverão ser empregados quando ocorrem interações GE significativas, sendo complementares às análises de variância, individuais e conjunta, realizadas em uma série de ambientes (CRUZ et al., 2004; LANGER et al., 1979; LIN et al., 1986).

### **3.3.2.1 Métodos para analisar adaptabilidade e estabilidade**

As análises de adaptabilidade e estabilidade são procedimentos estatísticos que permitem, de algum modo, identificar genótipos de comportamento mais estável e que respondem previsivelmente às variações ambientais, sendo muito utilizados pelos melhoristas de plantas, antes de recomendar as cultivares (SILVA e DUARTE, 2006).

Existem diversas metodologias destinadas à avaliação da interação GE, e a escolha do método mais adequado depende dos dados experimentais, especialmente do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada (COSTA, 2010).

Ao longo dos anos, diversos métodos de estudo de estabilidade e adaptabilidade foram desenvolvidos. Inicialmente métodos baseados em análise de variância, posteriormente análises de regressão linear, linear bissegmentada e regressão quadrática. Métodos baseados em análise não lineares também foram muito utilizados. Mais recentemente, os métodos

baseados em análises multivariadas que integram a análise comum de variância (método univariado) com a análise de componentes principais (método multivariado) e finalmente o uso da inteligência computacional, com o uso do controlador Fuzzy (Lógica Fuzzi) para interpretação de resultados (CRUZ et al., 2004).

Uma importante metodologia muito utilizada no passado para o estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos foi a metodologia de Annicchiarico (1992), que se baseia na análise de variância conjunta dos experimentos, com decomposição da soma dos quadrados dos efeitos de ambientes e da interação GE. A metodologia de Annicchiarico estima índices de confiança para ambientes favoráveis, desfavoráveis e ambientes em geral, o que permite estimar o risco da indicação de um genótipo em relação aos demais avaliados e estima a probabilidade de sucesso do genótipo para as situações favoráveis, desfavoráveis ou em relação as duas situações (geral) (POSSATO JUNIOR et al., 2017).

Schmidt e Cruz (2005) propuseram a decomposição do índice de estabilidade de Annicchiarico (1992) de acordo com índices ambientais. O índice ambiental é definido como a diferença entre a média das cultivares avaliadas em cada ambiente e a média geral. Desta forma, considerando-se ainda ambientes favoráveis aqueles com índices maiores ou iguais a zero, e ambientes desfavoráveis aqueles com índices negativos. O método propõe o uso do erro padrão e o aumento do nível de confiança, de 75% no método de Annicchiarico (1992), para 95% no método proposto por Schmidt e Cruz (2005).

A escolha do método a ser utilizado deve obedecer a alguns critérios importantes, como por exemplo, e principalmente, o número de ambientes a serem avaliados, o número de genótipos avaliados e número de anos de testes (CRUZ et al., 2004).

Segundo CROSSA (1990), as análises de regressão linear apresentam limitações, não sendo informativas o suficiente, podendo falhar na linearidade e dificultar a exploração vantajosa dos efeitos da interação. Nesse caso, o autor sugere que a aplicação de métodos multivariados, sejam mais eficientes, para melhor explorar a informação dos dados como a análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) que propõe o estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica, combinando técnicas como a análise de variância (univariada) e a análise de componentes principais (multivariada). Segundo ZOBEL et al. (1988) o método AMMI permite uma análise mais detalhada da interação GE, proporcionando estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita também uma fácil interpretação da análise estatística.

Como mencionado, há diversas teorias e metodologias para a avaliação da adaptabilidade e estabilidade, as quais diferem quanto aos seus conceitos e procedimentos

biométricos de estimação. Dentre as metodologias mais utilizadas, têm-se o modelo AMMI (GAUCH, 1992), que é um método estatístico para compreender a estrutura de interações entre genótipos e ambientes e o modelo GGE *biplot*, proposto por Yan et al. (2000), que considera o efeito principal de genótipo mais a interação GE. Ambas as análises, baseadas em gráficos *biplot*, representam uma matriz de dados.

### 3.4. Método GGE *Biplot* e modelo AMMI

Entre as metodologias que tem explicado adequadamente os efeitos principais (genótipo e ambiente) e a sua interação destacam-se o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) e a análise dos efeitos do genótipo e da GE (GGE *biplot*).

Essas metodologias baseadas em gráfico *biplot* são capazes de captar grande parte da variação do conjunto de dados referentes à importância relativa do genótipo e da interação GA (ROOZEBOOM et al., 2008).

Para a escolha de genótipos mais adaptados e estáveis a determinados ambientes, é importante utilizar ferramentas estatísticas-biométricas que não subestimem ou superestimem o efeito do ambiente sobre a produtividade de grãos (SILVA et al., 2014).

O método *biplot* foi desenvolvido por Gabriel (1971) para representar graficamente resultados de análise de componentes principais (PC) ou de decomposição de valores singulares, no qual o valor de cada elemento de uma tabela de dupla entrada pode ser visualizado pelo produto de vetores e pelo cosseno do ângulo entre dois vetores (YAN e KANG, 2003). Na metodologia GGE (genótipo mais interação GE), o cosseno do ângulo entre dois ambientes corresponde à correlação genética entre eles. Outros tipos de *biplot* não apresentam essa propriedade (YAN et al., 2007), o que torna essa metodologia mais eficiente em relação a outras técnicas baseadas em *biplot*, pois considera o efeito principal de genótipo mais a interação GE.

O desempenho de um dado genótipo ou ambiente é observado em relação ao eixo das abscissas, em que quanto mais à direita do centro do *biplot* ou da linha vertical, maior é o desempenho e, quanto mais à esquerda, menor o desempenho conforme os *biplots* de Yan (2014), enquanto que a estabilidade é visualizada no eixo das ordenadas, em que quanto mais distante da origem ou maior a projeção do centro do *biplot*, menor é a estabilidade do(s) genótipo(s) ou do(s) ambiente(s). O modelo GGE *biplot* apresenta o efeito de genótipo como um efeito multiplicativo da interação GE. Em geral, o comportamento principal 1 (PC1) está correlacionado com o efeito do genótipo. É possível alta precisão na visualização gráfica do escore PC1 quanto ao efeito genótipo. Yan et al., (2000) acreditam que esta proporcionalidade



da resposta de genótipos seja mais lógica e biologicamente plausível. Pois há correlação quase perfeita entre o rendimento de grãos e o PC1 (NETO et al., 2010; SINEBO et al., 2010).

O modelo GGE *biplot* considera o efeito principal de genótipo mais a interação GA, são baseadas em gráficos *biplot* representa graficamente uma matriz de dados. Esse *biplot* é construído nos dois primeiros componentes principais de uma análise de componentes principais (ACP) utilizando modelos de regressões locais (SREG). A primeira componente, quando se encontra altamente correlacionada com o efeito principal do genótipo. A segunda componente representa a parte do rendimento devida à interação GE (YAN, 2011).

Quando diferentes genótipos estão adaptados aos diferentes grupos de ambientes e a variação entre grupos é maior do que dentro do grupo, tem-se a formação de um mega ambiente (YAN, 2001).

A definição de mega ambientes e a relação entre os ambientes auxiliam os melhoristas de plantas na identificação de genótipos que possuam adaptação ampla ou específica a determinados ambientes ou grupos de ambientes, pois o modelo GGE *biplot* permite explorar com significância precisão a interação GE, favorecendo a seleção de genótipos estáveis e adaptados a ambientes específicos e a mega ambientes. A utilização da metodologia GGE *biplot* constitui-se em uma importante ferramenta neste estudo, principalmente quando um grande número de genótipos é testado em diversas condições ambientais e quando o padrão da GA é maior complexidade (SILVA e BENIN, 2012).

Por meio da metodologia GGE *biplot* proposta por Yan (2014), é possível analisar os ambientes, identificando os que são favoráveis e desfavoráveis e a resposta de cada genótipo nos ambientes categorizados. O modelo GGE *biplot* demonstra ser o mais indicado para a identificação de mega ambientes, seleção de ambientes representativos e discriminativos e indicação de genótipos mais adaptados e estáveis a ambientes específicos (YAN et al., 2007; GAUCH, 2006; YAN, 2010).

Possatto et al. (2017), em um trabalho com trigo, concluiu que o método AMMI pode contribuir para programas de melhoramento, através de informações que ajudam a segregar com eficiência os ambientes dentro de uma região de cultivo, facilitando, portanto, as análises e seleções quando se tem interação GE.

Segundo Hongyu et al. (2015), a única diferença entre os modelos AMMI e GGE está na etapa inicial da análise; o modelo GGE analisa diretamente o efeito de genótipo mais a interação GE e, na etapa final da análise com formação de gráficos *biplot* para as duas metodologias. No entanto, essa separação não é capaz de conferir superioridade à análise AMMI (GAUCH, 2006; YAN et al., 2007). Em um trabalho de comparação das metodologias

AMMI e GGE *biplot* na formação de mega ambientes, Camargo et al. (2011) relataram 95,2% de coincidência nos resultados entre as metodologias. Assim, o modelo GGE *biplot* é mais indicado para a identificação de genótipos mais adaptados e estáveis a ambientes. Por outro lado, a análise AMMI pode ser utilizada com eficiência na identificação de condições ambientais superiores para a exploração agrícola (seleção de locais de cultivo ou ensaios) e genótipos de superior desempenho médio (GAUCH et al., 2008; YAN, 2011).

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. Locais dos experimentos

Os experimentos foram instalados durante a Segunda Safra de 2017, em seis localidades no Estado do Paraná (Toledo, Palotina, Assis Chateaubriand, Campo Mourão, Sertanópolis e São Jorge do Ivaí) e três localidades no Estado do Mato Grosso do Sul (Caarapó, Itaporã e Douradina), totalizando nove ambientes, conforme a Tabela 1.

**Tabela 1.** Dados de localização dos 9 ambientes e datas de semeadura. Guarapuava, UNICENTRO, 2019

Ambiente	Local	Latitude	Longitude	Data de semeadura	Altitude (m)
A1	Toledo-PR	-24.6785	-53.7693	03/02/2017	549
A2	Palotina-PR	-24.3437	-53.8269	05/02/2017	370
A3	Assis Chateaubriand-PR	-24.5017	-53.7214	06/02/2017	446
A4	Campo Mourão-PR	-24.0332	-52.4246	08/02/2017	613
A5	Sertanópolis-PR	-23.0390	-51.0026	10/02/2017	356
A6	São Jorge do Ivaí-PR	-23.4206	-52.2879	13/02/2017	432
A7	Caarapó-MS	-22.6963	-54.8748	16/02/2017	592
A8	Itaporã-MS	-22.0534	-54.5213	20/02/2017	297
A9	Douradina-MS	-22.0456	-54.3622	23/02/2017	337

### 4.2. Material experimental

Foram avaliados 66 híbridos simples *topcrosses*, obtidos pelo cruzamento entre 33 linhagens com elevada homozigose e dois testadores, de diferentes estruturas heteróticas, sendo uma linhagem elite selecionada em ambiente de verão (testador 1) e uma linhagem elite selecionada unicamente em ambiente de segunda safra (testador 2). As 33 linhagens são oriundas de diferentes grupos heteróticos, desenvolvidas pelo programa de melhoramento de milho da Nidera Seeds Ltda e tiveram ao menos um ciclo de seleção prévia em ambientes de segunda safra.

**Tabela 2.** Relação dos 66 híbridos *topcrosses* avaliados em nove ambientes na segunda safra no ano de 2017. Guarapuava-PR, UNICENTRO, 2019.

<b>Genótipo</b>	<b>Testador</b>	<b>Linhagem</b>	<b>Genótipo</b>	<b>Testador</b>	<b>Linhagem</b>
HS001	1	1	HS034	2	1
HS002	1	2	HS035	2	2
HS003	1	3	HS036	2	3
HS004	1	4	HS037	2	4
HS005	1	5	HS038	2	5
HS006	1	6	HS039	2	6
HS007	1	7	HS040	2	7
HS008	1	8	HS041	2	8
HS009	1	9	HS042	2	9
HS010	1	10	HS043	2	10
HS011	1	11	HS044	2	11
HS012	1	12	HS045	2	12
HS013	1	13	HS046	2	13
HS014	1	14	HS047	2	14
HS015	1	15	HS048	2	15
HS016	1	16	HS049	2	16
HS017	1	17	HS050	2	17
HS018	1	18	HS051	2	18
HS019	1	19	HS052	2	19
HS020	1	20	HS053	2	20
HS021	1	21	HS054	2	21
HS022	1	22	HS055	2	22
HS023	1	23	HS056	2	23
HS024	1	24	HS057	2	24
HS025	1	25	HS058	2	25
HS026	1	26	HS059	2	26
HS027	1	27	HS060	2	27
HS028	1	28	HS061	2	28
HS029	1	29	HS062	2	29
HS030	1	30	HS063	2	30
HS031	1	31	HS064	2	31
HS032	1	32	HS065	2	32
HS033	1	33	HS066	2	33

### 4.3. Condução dos experimentos

Os experimentos foram realizados em delineamento de blocos ao acaso com 2 repetições. Em cada local, a área útil de cada parcela foi constituída de quatro fileiras de 5 m, com espaçamento de 0,55 m entre linhas, mantendo 18 plantas por fileira após desbaste realizado em estágio fenológico V4, com uma densidade populacional equivalente a 65.500

plantas por hectare.

O controle de pragas e plantas daninhas foi realizado quando necessário. A data de semeadura dos experimentos foi realizada de acordo com a recomendação para a época de plantio de cada localidade ou região, entre o final de janeiro e final de fevereiro.

#### **4.4. Avaliações**

Para mensurar a produtividade de grãos realizou-se a colheita de todas as espigas da parcela, com uma máquina colheitadeira modelo JD1470 adaptada para colheita de parcelas experimentais. Os dados de peso das parcelas foram corrigidos para 13% de umidade e o cálculo da produtividade de grãos (PG), conforme a expressão:

$$PG = (MG * 1000 / A) * [(100 - U) / 87]$$

Em que:

PG: produtividade de grãos corrigida para 13% de umidade, (kg ha<sup>-1</sup>);

MG: massa de grãos da parcela, em kg, sem correção de umidade;

A: área útil da parcela;

U: umidade (%).

Foi realizada a correção de estande ajustando-se a PG para o estande ideal, em que não evidenciado efeito significativo do número de plantas por parcela, utilizou-se o método de correção de covariâncias descrito por Ramalho et al. (2005).

#### **4.5 Análises estatísticas dos dados**

Os dados foram submetidos primeiramente ao teste de homogeneidade de variâncias proposto por Bartlett (1937). Aceitando-se a hipótese de variâncias homogêneas, prosseguiu-se com as análises de variância conjunta. Realizou-se ainda a análise dialéctica parcial conjunta e individual quando necessário, utilizando o software estatístico GENES (CRUZ, 2013).

##### **4.5.1 Análise de variância**

As análises de variância foram realizadas de forma conjunta, considerando todos os

efeitos como aleatórios, com exceção da média, seguindo o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + b/a_{jk} + g_i + a_k + ga_{ik} + e_{ijk}$$

Em que:

$Y_{ijk}$ : valor observado no tratamento i, bloco j, ambiente k;

$\mu$ : média geral do experimento;

$a_k$ : efeito aleatório do ambiente k, sendo ( $k = 1, 2, \dots 9$ );

$g_i$ : efeito aleatório do genótipo i, sendo ( $i = 1, 2, \dots 66$ );

$b/a_{jk}$ : efeito aleatório do bloco j, dentro do ambiente k, sendo ( $j = 1, 2$ );

$ga_{ik}$ : efeito da interação entre genótipo i e ambiente k;

$e_{ijk}$ : erro experimental aleatório associado à observação  $Y_{ijk}$ .

Verificando efeito significativo para interação genótipos x ambientes realizou-se a análise de variância individual de acordo com cada ambiente seguindo o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$ : valor observado no tratamento i, no bloco j;

$\mu$ : média geral do experimento;

$g_i$ : efeito aleatório do genótipo i, sendo ( $i = 1, 2, \dots 66$ );

$b_j$ : efeito aleatório do bloco j, sendo ( $j = 1, 2$ );

$e_{ij}$ : erro experimental aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ .

#### **4.5.2 Análise dialélica**

Para análise dialélica parcial utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$ : valor médio observado pela combinação híbrida entre a linhagem i e o testador j;

$\mu$ : média geral do experimento;

$g_i$ : efeito da capacidade geral de combinação da linhagem i, sendo ( $i = 1, 2, \dots 33$ );

$g_j$ : efeito da capacidade geral de combinação do testador  $j$ , sendo ( $j = 1, 2$ );

$s_{ij}$ : efeito da capacidade específica de combinação entre a linhagem  $i$  e o testador  $j$ ;

$e_{ij}$ : erro experimental aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ .

As estimativas da CGC ( $g_i$  e  $g_j$ ) e CEC ( $s_{ij}$ ) foram calculadas deste modo:

$$g_i = Y_{i.} - \mu \quad g_j = Y_{.j} - \mu$$

$$s_{ij} = Y_{ij} - (\mu + g_i + g_j)$$

Em que:

$Y_i$ : média geral das combinações híbridas da linhagem  $i$ ;

$Y_j$ : média geral das combinações híbridas do testador  $j$ .

Na análise dialélica conjunta, seguiu-se o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + G_j + S_{ij} + A_k + GA_{ik} + GA_{jk} + SA_{ijk} + E_{ijk}$$

Em que:

$Y_{ij}$ : valor médio observado pela combinação híbrida entre a linhagem  $i$  e o testador  $j$ ;

$\mu$ : média geral do experimento;

$G_i$ : efeito da capacidade geral de combinação da linhagem  $i$ , sendo ( $i = 1, 2, \dots, 33$ );

$G_j$ : efeito da capacidade geral de combinação do testador  $j$ , sendo ( $j = 1, 2$ );

$S_{ij}$ : efeito da capacidade geral de combinação entre a linhagem  $i$  e o testador  $j$ ;

$A_k$ : efeito do ambiente  $k$ , sendo ( $k = 1, 2, \dots, 9$ );

$GA_{ik}$ : efeito da interação entre CGC da linhagem  $i$  com o ambiente  $k$ ;

$GA_{jk}$ : efeito da interação entre CGC do testador  $j$  com o ambiente  $k$ ;

$SA_{ijk}$ : efeito da interação entre a CEC entre a linhagem  $i$  e o testador  $j$  no ambiente  $k$ ;

$E_{ij}$ : erro experimental aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ .

Os gráficos de CGC e de médias de produtividade por ambiente foram feitos no EXCEL®.

### **4.5.3 Análises de Adaptabilidade e Estabilidade**

A estabilidade dos genótipos foi avaliada pelos métodos de Schmidt e Cruz (2005) e pela metodologia AMMI (ZOBEL et al., 1988).

#### **4.5.3.1 Análise de Schmidt e Cruz (2005)**

A estabilidade foi avaliada pela metodologia de Schmidt e Cruz (2005), de acordo com o seguinte modelo:

Para Ambiente Geral:

$$I_i = \bar{Y}_i - Z_{(1-\alpha)} (\sigma_i / \sqrt{n})$$

Para Ambientes Desfavoráveis:

$$I_{id} = \bar{Y}_{id} - Z_{(1-\alpha)} (\sigma_{id} / \sqrt{d})$$

Para Ambientes Favoráveis:

$$I_{if} = \bar{Y}_{if} - Z_{(1-\alpha)} (\sigma_{if} / \sqrt{f})$$

Em que:

$I_i$ : Índice de Confiança de estabilidade

$\bar{Y}_i$ : Média de cada genótipo

$\sigma_i$ : Desvio padrão

$Z_{(1-\alpha)}$ : Valor na distribuição normal estandardizada no qual a função de distribuição acumulada atinge o valor  $(1-\alpha)$  – 95%

$n$ : Número total de ambientes

$d$ : Número de ambientes desfavoráveis

$f$ : Número de ambientes favoráveis

#### 4.5.3.2 Análise AMMI *Biplot*

A estabilidade e adaptabilidade foram avaliadas pela metodologia AMMI (ZOBEL et al., 1988), conforme o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$ : Resposta média do genótipo  $i$  ( $i= 1, 2, \dots 66$ ), no ambiente  $j$  ( $j= 1,2, \dots 9$ );

$\mu$ : média geral do experimento;

$g_i$ : Efeito fixo do genótipo  $i$ ;

$a_j$ : Efeito aleatório do ambiente  $j$ ;

$\lambda_k$ : Valor da matriz original de interação (denotado pela GE)

$\gamma_{ik}$ : Elemento correspondente ao  $i$ -ésimo genótipo no  $k$ -ésimo vetor da matriz de GE

$\alpha_{jk}$ : Elemento correspondente ao  $j$ -ésimo ambiente no  $k$ -ésimo da linha vetorial singular da matriz GA.

$\rho_{ij}$ : Resíduo da interação GA

$\bar{\epsilon}_{ij}$ : Erro médio experimental associado ao  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, assumidos independentes.

A matriz GA é a matriz de interação entre os genótipos e os ambientes, (matriz de resíduo dos efeitos principais), em que cada elemento  $(ga)_{ij}$  de GE são dados por:

$$(ga)_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}$$

Onde:

$Y_{ij}$ : Média das repetições do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;

$\bar{Y}_i$ : Média do genótipo  $i$ ;

$\bar{Y}_j$ : Média do ambiente  $j$ ;

$\bar{Y}$ : Média geral do experimento;

Adicionalmente à análise de variância convencional foi realizada a análise GGE *biplot* como sugerido por Yan et al. (2007) para a melhor visualização da interação GE. O modelo GGE *biplot* considera o efeito principal de genótipo mais a interação GE, são baseadas em gráficos *biplot*, representa graficamente uma matriz de dados. Este *biplot* é constituído nos dois primeiros componentes principais de uma análise de componentes principais (ACP) utilizando Modelos de Regressões Locais (SREG). O primeiro componente, quando se encontra altamente correlacionada com o efeito principal do genótipo, representa a proporção do rendimento que se deve somente às características do genótipo. O segundo componente representa a parte do rendimento devida à interação GE (YAN, 2011).

Primeiramente, foi realizada a análise de média vs estabilidade com base nos locais e com base nos genótipos, depois foram realizadas as análises de habilidade de discriminação vs representatividade e, finalmente, a análise de “quem ganhou onde”. Estes conjuntos de análises estão descritos conforme sua utilidade e interpretação em Yan (2014).

Nos gráficos *biplot*, a linha de transição entre os estratos corresponde a um ambiente hipotético, em que genótipos de estratos vizinhos têm a mesma produtividade. Essa linha de



transição intercepta a ordenada do sistema de eixos cartesianos correspondente ao marcador do referido ambiente. O desempenho de um dado genótipo ou ambiente é observado em relação ao eixo x, ou seja, quanto mais à esquerda, menor o desempenho (YAN, 2014).

Um genótipo é considerado adaptado a determinado ambiente quando está situado no mesmo quadrante do ambiente ou quando apresenta ângulo inferior a  $90^\circ$  com este ambiente, ou está próximo de seu ponto no gráfico. Os genótipos ou ambientes localizados à direita com vetores curtos e próximos ao centro representam os genótipos ou ambientes mais estáveis.

Genótipos ou ambientes localizados à esquerda e à direita do centro do *biplot* apresentam desempenho inferior e superior à média geral, respectivamente. Já a estabilidade, segundo Yan e Kang (2003), é visualizada no eixo y com duas setas, em que quanto mais distante da origem ou maior a projeção do centro do *biplot*, menor é a estabilidade do(s) genótipo(s).

Os gráficos da análise GGE *biplot*, foram feitos com auxílio do EXCEL<sup>®</sup>.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Análise de variância

A análise de variância conjunta envolvendo os nove ambientes demonstrou coeficiente de variação de 12,98%. Foram constatadas diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) para as fontes de variação genótipos (G), com produtividade média de 8.650 kg ha<sup>-1</sup>. As demais fontes de variação também apresentaram significância pelo teste F ( $P \leq 0,01$ ), portanto, houve diferenças entre os ambientes e também o desempenho dos híbridos não foi coincidente nos diferentes ambientes (Tabela 3), resultado esperado, já que os ambientes em que os genótipos foram avaliados são muito distintos, bem como a base genética que compõe as linhagens.

**Tabela 3.** Resumo da análise de variância conjunta para produtividade de 66 genótipos, avaliados em nove ambientes durante a Segunda Safra 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

FV	GL	SQ	QM
Blocos/Ambientes	9	15,0129	1,6681
Genótipos (G)	65	310,4599	4,7763 **
Ambientes (A)	8	673,1689	84,1461 **
G x A	520	1633,7575	3,1418 **
Resíduo	585	737,8768	1,2613
Total	1187	3370,2762	
Média (kg ha <sup>-1</sup> )	8.650		
CV (%)	12,08		

\*\* Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade.

Quando analisadas as respostas dos híbridos obtidos a partir dos cruzamentos das linhagens com o testador 1, o CV médio dos 9 ambientes foi de 12,30 %, e a média foi de 8.790 kg ha<sup>-1</sup>. Constatou-se também que não houve diferenças significativas entre os genótipos nos ambientes 1, 3 e 5, enquanto que houve diferenças ( $P \leq 0,05$ ) para nos ambientes 2, 4, 6, 7, 8 e 9 (Tabela 4). A maior média dos genótipos foi registrada no ambiente 6 (10.180 kg ha<sup>-1</sup>), enquanto que a menor média foi no ambiente 4 (6.880 kg ha<sup>-1</sup>).

**Tabela 4.** Resumo da análise de variância de 33 híbridos *topcrosses*, correspondentes a 33 linhagens cruzadas com o testador 1, avaliados em nove ambientes na segunda safra de 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

FV	GL	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5
QM						
Blocos	1	0,7244	0,4263	0,2712	0,2063	0,6726
Genótipos (G)	32	1,6718	2,7521 **	1,7931	2,2502 *	1,2174
Resíduo	32	1,0665	1,4947	0,6831	0,9095	1,3733
Total	65					
Média (kg ha <sup>-1</sup> )		8.991	9.484	7.954	6.881	7.985
CV (%)		11,48	12,89	10,39	13,85	12,67

FV	GL	Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9
QM					
Blocos	1	1,2818	0,0168	3,9016	0,0375
Genótipos (G)	32	2,2174 *	2,2411 *	3,2421 **	1,9954 *
Resíduo	32	1,3009	1,2454	2,2318	1,9341
Total	65				
Média (kg ha <sup>-1</sup> )	8.791	10.188	8.651	9.500	9.490
CV (%)		11,19	12,89	12,72	12,65

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. \* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Para os híbridos *topcrosses* obtidos a partir dos cruzamentos das linhagens com o testador 2, o CV médio dos 9 ambientes foi de 11,82% e a média da PG foi de 8.680 kg ha<sup>-1</sup>. Não houve diferenças significativas nos ambientes 3 e 4, enquanto que houve diferenças ( $P \leq 0,05$ ) para os ambientes 1, 2, 5, 6, 7, 8 e 9 (Tabela 5). No ambiente 2, os 33 híbridos *topcrosses* apresentaram a maior média (9.810 kg ha<sup>-1</sup>), enquanto que a menor média foi registrada no ambiente 4 (7.670 kg ha<sup>-1</sup>).

**Tabela 5.** Resumo da análise de variância de 33 híbridos *topcrosses*, correspondentes a 33 linhagens cruzadas com o testador 2. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

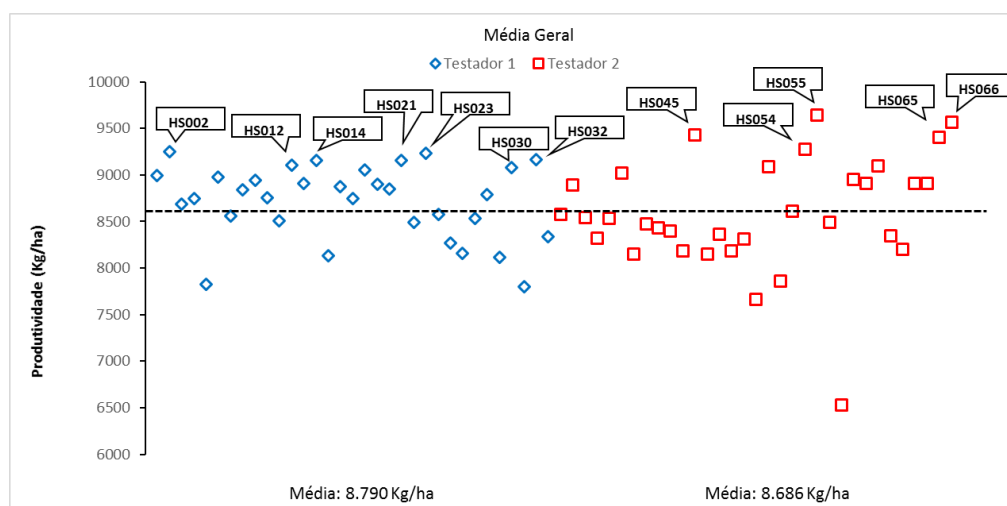
FV	GL	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5
QM						
Blocos	1	0,0006	4,0757	2,5021	2,5203	0,4626
Genótipos (G)	32	1,9685 *	2,9848 **	1,4933	1,7030	1,8372 *
Resíduo	32	0,9951	1,3551	0,7075	1,0899	1,3738
Total	65					
Média (kg ha <sup>-1</sup> )		9.203	9.813	8.434	7.679	8.083
CV (%)		10,83	11,81	9,97	13,59	12,50

FV	GL	Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9
QM					
Blocos	1	1,1331	0,2122	0,8590	0,1752
Genótipos (G)	32	21,0115 **	1,9502 *	3,5016 **	1,7483 *
Resíduo	32	2,0434	0,8981	1,4010	0,8007
Total	65				
Média (kg ha <sup>-1</sup> )	8.686	9.245	8.418	8.478	8.823
CV (%)		12,46	11,25	13,95	10,14

\*\* Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. \* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F. Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertãoópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

No ambiente 3 não houve diferença significativa entre os híbridos *topcrosses* provenientes de ambos os testadores. Os híbridos *topcrosses* com o testador 2 tiveram médias superiores aos híbridos com o testador 1 nos locais 1, 2, 3, 4 e 5 (Tabelas 3 e 4).

Analisando o desempenho médio dos híbridos *topcrosses* nos nove ambientes (Figura 1), pode-se destacar que o testador 2 conseguiu discriminar melhor as linhagens, sendo possível visualizar isso pela maior dispersão das médias da produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* em relação aos híbridos com testador 1.



**Figura 1.** Média de produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* avaliados em nove ambientes. Linha tracejada aponta a média geral dos tratamentos. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

O desempenho dos genótipos foi muito distinto nos diferentes ambientes, porém houve mais facilidade em identificar o desempenho superior de alguns híbridos em determinados ambientes. Para os híbridos *topcrosses* provenientes do testador 2, os destaques foram para o HS055, que obteve média elevada nos ambientes 4, 5, 7, 8 e 9, e HS066 que teve bom desempenho nos ambientes 1, 5, 6, 7, 8 e 9. Dentre os híbridos provenientes do testador

1, HS002, HS012, HS014, HS021 E HS023 obtiveram maiores médias (Tabela 1A).

No ambiente 1 os híbridos *topcrosses* mais produtivos foram HS007, HS032, HS039, HS057 e HS066. Já no ambiente 2, onde ocorreu a maior produtividade média dos tratamentos (9.813 kg ha<sup>-1</sup>), os híbridos de melhor desempenho foram HS019, HS020, HS045 e HS054. Os híbridos HS002, HS021, HS044, HS051, HS054 e HS065 apresentaram maior produtividade no ambiente 3 (Figura 2).

No ambiente 4, onde os genótipos responderam com a menor média geral (7.679 kg ha<sup>-1</sup>), os híbridos *topcrosses* mais produtivos foram HS002, HS032, HS036, HS045, HS054, HS055, HS058 e HS065. Já no ambiente 5, se destacaram os híbridos HS054, HS055 e HS066. No ambiente 6 os híbridos *topcrosses* com desempenho superior foram HS001, HS028, HS051, HS065 e HS066 (Figura 3).

Os híbridos *topcrosses* HS001, HS002, HS019, HS022, HS045, HS055 e HS066 foram os que responderam melhor ao ambiente 7 (Figura 5), com destaque para o HS055, cuja média foi 11.580 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 1A), superando em mais de 3.000 kg ha<sup>-1</sup> a média de todos os tratamentos nesse ambiente.

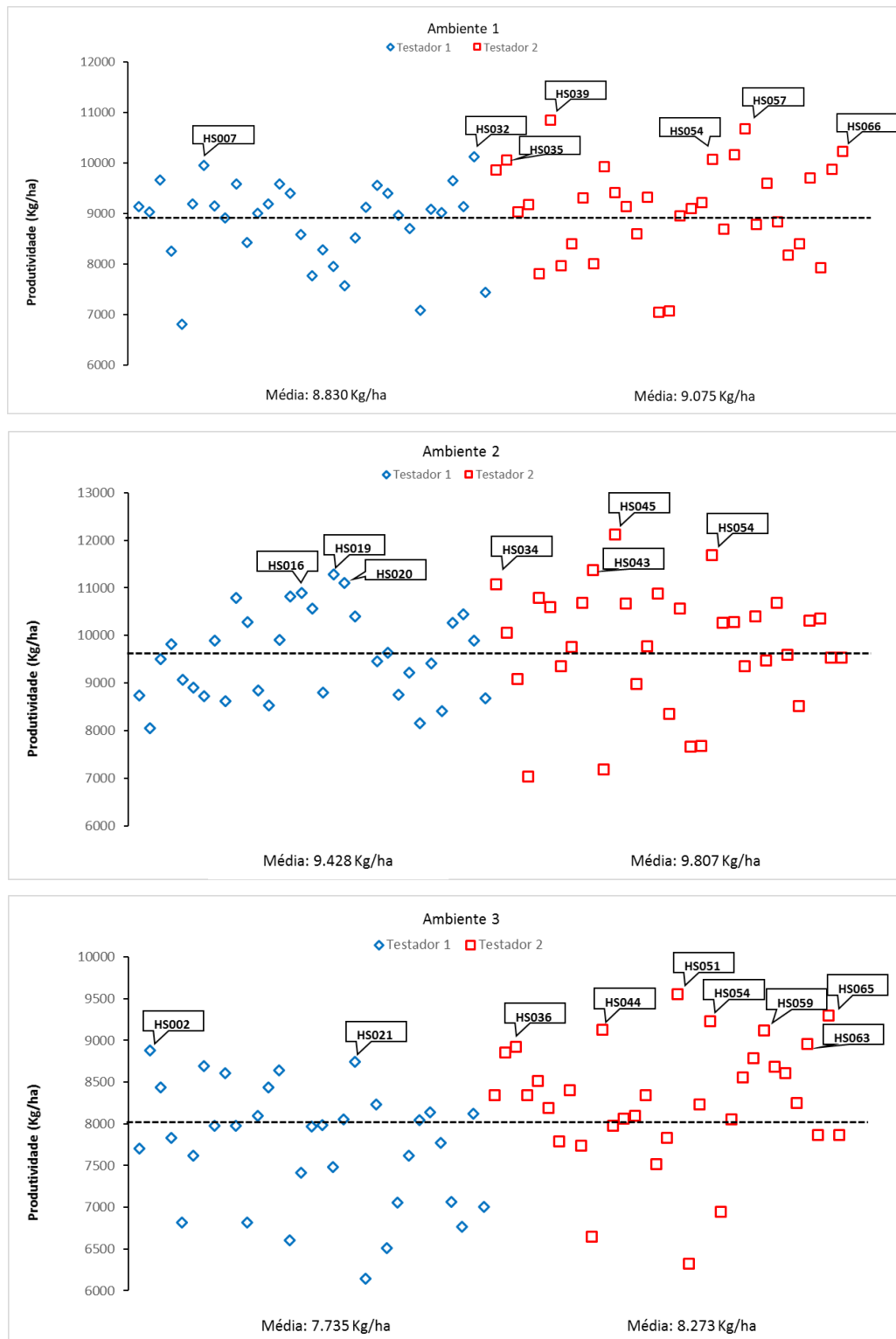
No ambiente 8 os híbridos mais produtivos foram HS027, HS033, HS055 e HS066. No ambiente 9 os destaques ficaram com os híbridos HS014, HS018, HS021, HS042, HS055 e HS066 (Figura 5).

Analisando as respostas dos genótipos, de acordo com o testador, é possível observar que os híbridos que foram sintetizados a partir do testador 2 tiveram médias superiores nos ambientes 1, 2, 3, 4 e 5. Nos ambientes 6, 7, 8 e 9 as maiores médias foram alcançadas pelos híbridos sintetizados com o testador 1 (Tabela 1A).

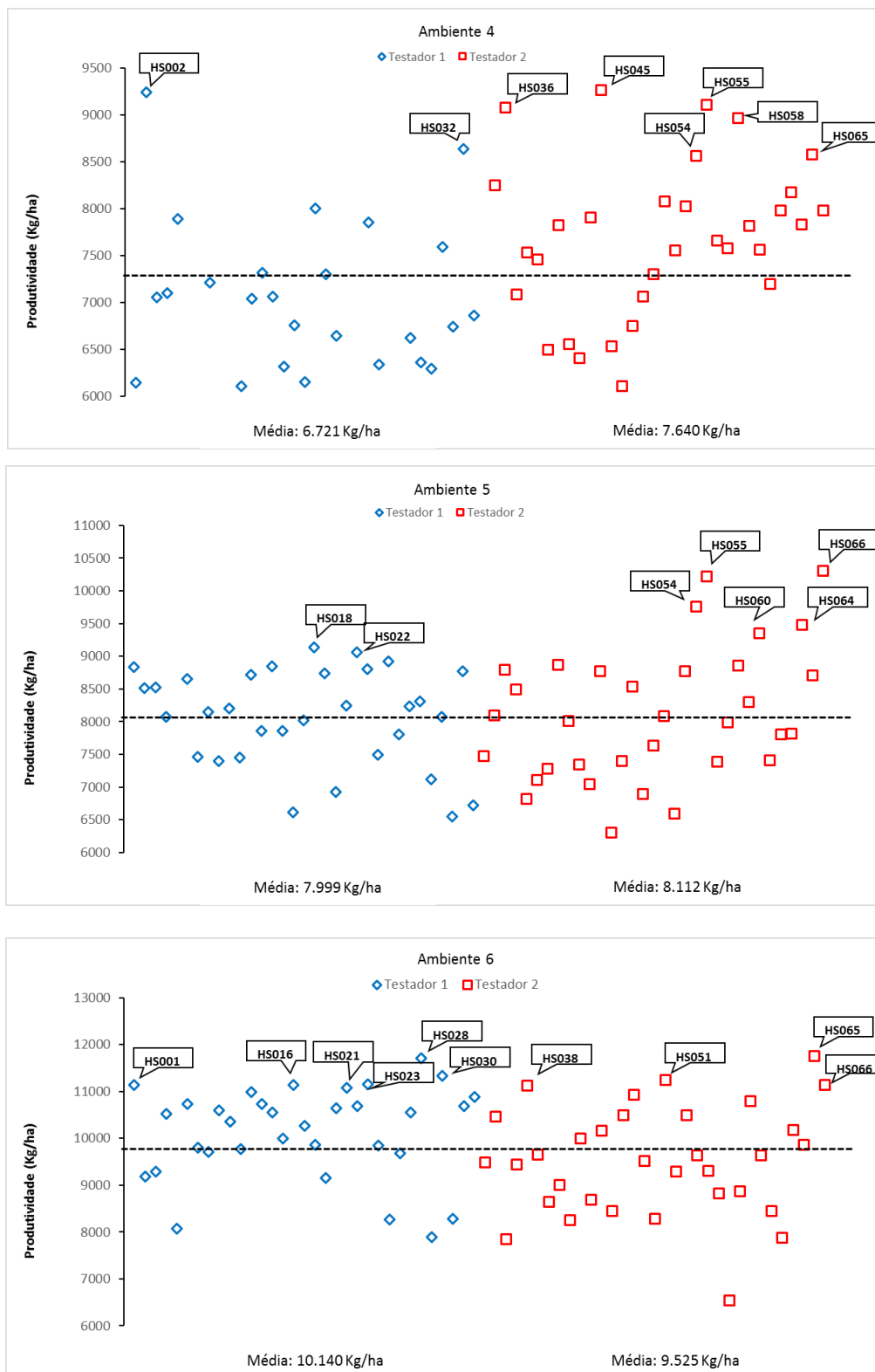
É possível visualizar também (Figuras 2, 3 e 4) a dispersão das médias de produtividade para cada um dos híbridos, por testador. De maneira geral o testador 2 conseguiu discriminar melhor as linhagens, proporcionando maior dispersão dos tratamentos em boa parte dos ambientes.

Para a maior parte dos genótipos, fica claro que há uma imensa dificuldade em assegurar uma seleção efetiva apenas pela média geral, devido a ocorrência da interação GE.

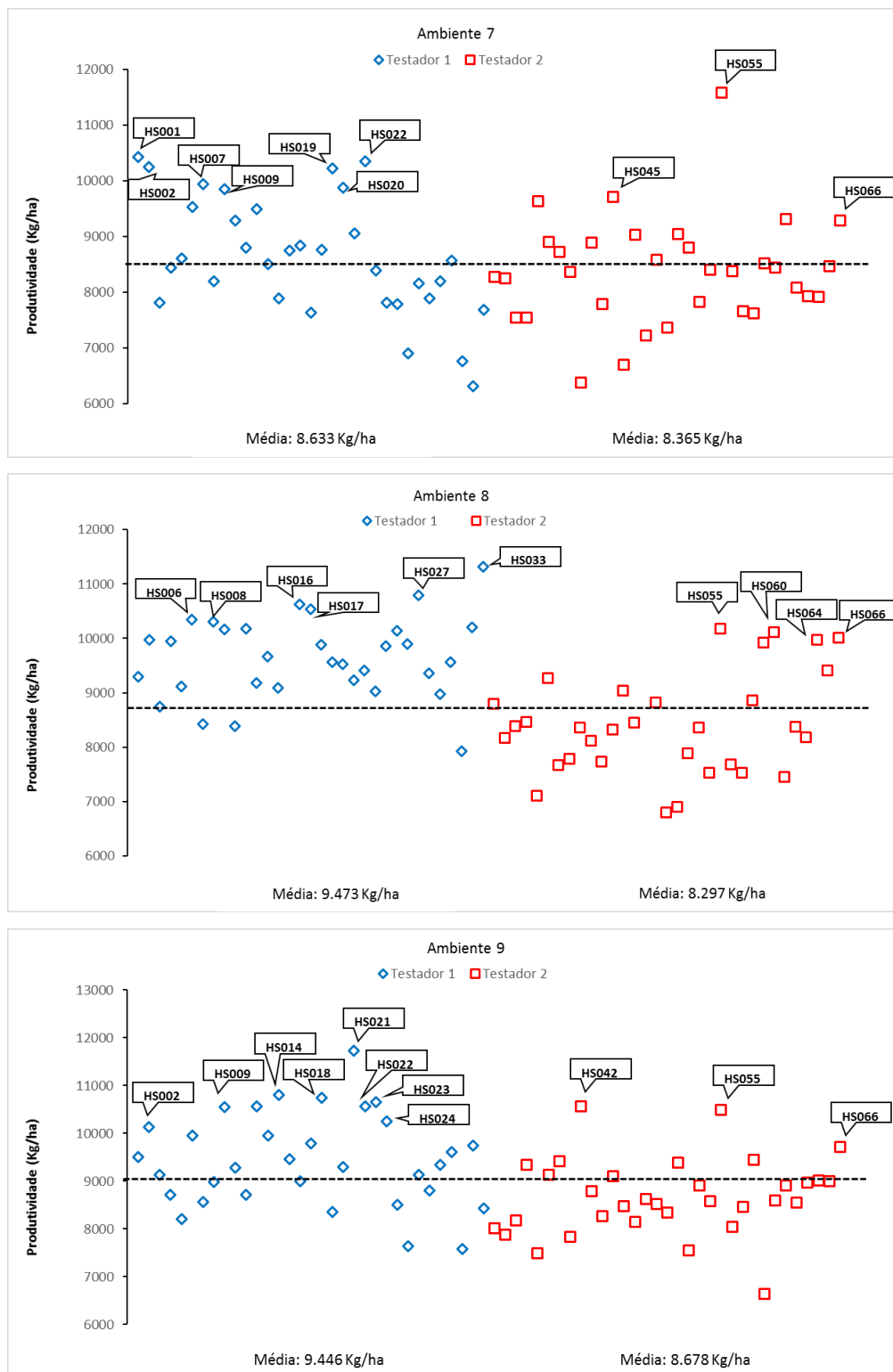
De toda forma, as avaliações em ambientes distintos deve fazer parte da estratégia de melhoramento de todos os programas, para assegurar as informações a respeito dos híbrido (s) candidato (s) em questão. Por essa razão, que a etapa de avaliações é uma das etapas mais onerosas e desafiadoras dentro dos programas (RIBEIRO et al., 2011).



**Figura 2.** Dispersão das médias da produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* avaliados nos ambientes 1 (Toledo-PR), 2 (Palotina-PR) e 3 (Assis Chateaubriand-PR). Linha tracejada aponta a média dos tratamentos. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.



**Figura 3.** Dispersão das médias da produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* avaliados nos ambientes 4 (Campo Mourão-PR), 5 (Sertãoópolis-PR) 6 (São Jorge do Ivaí-PR). Linha tracejada aponta a média dos tratamentos. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.



**Figura 4.** Dispersão das médias da produtividade de grãos dos híbridos *topcrosses* avaliados nos ambientes 7 (Caarapó-MS), 8 (Itaporã-MS) e 9 (Douradina-MS). Linha tracejada aponta a média dos tratamentos. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.



Analisando as estimativas dos componentes de variância, para o testador 1, os ambientes 3 e 4 foram os que proporcionaram melhores condições para os híbridos *topcrosses* expressarem a produtividade de grãos, com herdabilidade em torno de 60%. Por outro lado, nos ambientes 5 e 9 os genótipos responderam com baixas estimativas da variância genética e, portanto, baixa herdabilidade (Tabela 6).

**Tabela 6.** Estimativas dos componentes da variância e parâmetros genéticos das análises individuais da produtividade de grãos, de 33 híbridos *topcrosses* de milho oriundos do cruzamento de 33 linhagens com o testador 1, avaliados em 9 locais durante a segunda safra de 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

Parâmetros	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5
$\sigma^2_F$	0,8359	1,3760	0,8965	1,1251	0,6087
$\sigma^2_G$	0,3026	0,6287	0,5549	0,6703	0,1054
$\sigma^2_E$	0,5332	0,7473	0,3415	0,4547	0,5033
$h^2(\%)$	36,20	45,68	61,90	59,57	17,32
CVg	6,11	8,35	9,36	11,89	6,11

Parâmetros	Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9
$\sigma^2_F$	1,1087	1,1205	1,6210	0,9977
$\sigma^2_G$	0,4582	0,4978	0,5051	0,0306
$\sigma^2_E$	0,6504	0,6227	1,1159	0,9670
$h^2(\%)$	41,33	44,42	31,16	3,07
CVg	6,64	8,15	7,48	1,84

Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertãoópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

$\sigma^2_F$  = variância fenotípica;  $\sigma^2_G$  = variância genética;  $\sigma^2_E$  = variância ambiental;  $h^2(\%)$  = herdabilidade sentido amplo; CVg = coeficiente de variação genética

Analisando os componentes de variância e os parâmetros genéticos, de maneira geral, a produtividade dos híbridos com o testador 2 teve menor influência dos ambientes, com valores de herdabilidade média dos nove ambientes de 52,95%, enquanto que a média de herdabilidade da produtividade dos híbridos com o testador 1 foi de 37,85%, indicando uma importante característica do testador 2 em poder melhor discriminar as linhagens nos ambientes em que foram avaliados os respectivos híbridos (Tabelas 6 e 7).

A herdabilidade da produtividade de grãos dos híbridos com o testador 2 foi superior a 50% nos ambientes 2, 3, 6, 7, 8 e 9, com destaque para o ambiente 9, onde a herdabilidade foi de 90,27%. O ambiente 5, assim como ocorreu com os híbridos com o testador 1, foi onde os genótipos sofreram maior interferência do ambiente, com herdabilidade de apenas 25,22% (Tabelas 6 e 7).

**Tabela 7.** Estimativas dos componentes da variância e parâmetros genéticos das análises individuais da produtividade de grãos, de 33 híbridos *topcrosses* de milho oriundos do cruzamento de 33 linhagens com o testador 2, avaliados em 9 locais durante a segunda safra de 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

Parâmetros	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5
$\sigma^2_F$	0,9842	1,4924	0,7466	0,8515	0,9186
$\sigma^2_G$	0,4866	0,8198	0,3928	0,3065	0,2316
$\sigma^2_E$	0,4975	0,6725	0,3537	0,5449	0,6869
h <sup>2</sup> (%)	49,44	54,93	52,62	36,00	25,22
CVg	7,58	9,22	7,43	7,20	5,95

Parâmetros	Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9
$\sigma^2_F$	10,5057	0,9751	1,7508	0,8741
$\sigma^2_G$	9,4840	0,5260	1,0502	0,4737
$\sigma^2_E$	1,0217	0,4490	0,7005	0,4003
h <sup>2</sup> (%)	90,27	53,94	59,98	54,20
CVg	33,31	8,61	12,08	7,80

Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertãoópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.  $\sigma^2_F$  = variância fenotípica;  $\sigma^2_G$  = variância genética;  $\sigma^2_E$  = variância ambiental; h<sup>2</sup>(%) = herdabilidade sentido amplo; CVg = coeficiente de variação genética

## 5.2. Análise dialélica e estimativas dos efeitos de capacidade de combinação

De acordo com a análise de variância dialélica conjunta houve diferença significativa (p<0,01) entre os híbridos *topcrosses*. Não houve diferença significativa para CGC dos testadores, porém houve diferença significativa (p<0,05) para CGC das linhagens, bem como da capacidade específica de combinação (CEC). A análise apontou também diferença significativa (p<0,01) entre os ambientes, bem como significância das interações *topcrosses* x ambientes, CGC testadores x ambientes, CGC linhagens x ambientes e CEC x ambientes (Tabela 8).

**Tabela 8.** Análise dialélica parcial conjunta do cruzamento entre 33 linhagens de milho e 2 testadores, avaliados em 9 ambientes na segunda safra de 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

FV	GL	QM
<i>Topcrosses</i>	65	4,7718 **
CGC Testadores	1	4,4342
CGC Linhagens	32	5,1515 *
CEC	32	4,4026 *
Ambiente (A)	8	84,0801 **
<i>Topcrosses</i> x A	520	3,1414 **
CGC Testadores x A	8	18,3236 **

CGC Linhagens x A	256	3,2474 **
CEC x A	256	2,5610 **
Resíduo	585	1,2556

\*\* Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade. \* Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade.

A interação CGC testadores x ambientes significativa aponta que houve desempenho distinto entre os testadores, na contribuição com genes de efeitos aditivos para a produtividade dos híbridos nos ambientes em que foram avaliados. Como os ambientes em que os híbridos foram testados, em sua maior parte, são muito distintos entre si, a interação era esperada e importante para continuidade desse estudo.

Não houve diferença significativa entre os híbridos *topcrosses* nos ambientes 5 e 9, porém houve diferença significativa nos ambientes 1, 2, 3, 4, 6, 7 e 8 (Tabela 9). Embora não tenha havido diferença significativa da CGC dos testadores na análise dialélica conjunta, houve diferença significativa ( $p < 0,01$ ) para os ambientes 3, 4, 6, 7, 8 e 9 (Tabela 9).

Em relação à CGC das linhagens, não houve diferença significativa nos ambientes 2, 5 e 9, enquanto que houve diferença significativa nos ambientes 1, 3, 4, 6, 7 e 8 ( $p < 0,01$ ) (Tabela 9). Houve efeito significativo da CEC dos híbridos apenas nos ambientes 2 e 6 ( $p < 0,01$ ). Importante salientar que não houve efeito significativo para todas as fontes de variação, no ambiente 5 (Tabela 9).

**Tabela 9.** Análise dialélica parcial por ambiente, do cruzamento entre 33 linhagens de milho e 2 linhagens testadoras, avaliados em 9 ambientes na segunda safra de 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

FV	GL	QM				
		Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5
Tratamentos	65	1,5566 *	2,9554 **	1,1781 *	2,0490 **	1,6912
CGC Testadores	1	2,0326	4,7197	9,5581 **	27,9128 **	0,4216
CGC Linhagens	32	1,8006 **	2,0827	1,1938 *	2,0466 **	1,8182
CEC	32	1,2978	3,7730 **	0,9006	1,2431	1,6038
Resíduo	65	0,9000	1,4200	0,7100	1,0100	1,2000

FV	GL	QM			
		Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9
Tratamentos	65	12,9555 **	2,0644 **	3,5859 **	1,8664
CGC Testadores	1	38,9678 **	2,3626	45,6664 **	19,3813 **
CGC Linhagens	32	13,0458 **	2,4831 **	4,6427 **	2,0167
CEC	32	12,0524 **	1,6363	1,2141	1,1687
Resíduo	65	1,7800	1,0300	2,0000	1,2500

\*\* Significativo pelo teste F a 1% de probabilidade. \* Significativo pelo teste F a 5% de probabilidade.

Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertãoópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

A interação CGC testadores x ambientes foi significativa, e o testador 1 contribui positivamente nos ambientes 6, 7, 8 e 9, enquanto que o testador 2 contribui de forma positiva nos ambientes 1, 2, 3, 4, e 5 (Tabela 10).

Analisando as médias dos híbridos *topcrosses* de cada testador (Figuras 1, 2, 3, 4 e 5), observa-se que a contribuição positiva de cada testador esteve relacionada também com os locais onde as médias foram mais altas em relação ao outro testador. Desta forma é possível apontar o testador com maior CGC para cada ambiente. Como a maior parte dos ambientes de safrinha se caracterizam como ambientes mais desfavoráveis, o testador 2 demonstra ter características importantes que podem trazer segurança maior na escolha dos testadores.

**Tabela 10.** Estimativas da capacidade geral de combinação dos dois testadores em cada um dos 9 ambientes, contribuição em kg ha<sup>-1</sup>, Guarapuava. UNICENTRO, 2019.

	Testador	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 3	Ambiente 4	Ambiente 5
CGC	1	-124,0	-189,0	-269,0	-460,0	-57,0
	2	124,0	189,0	269,0	460,0	57,0

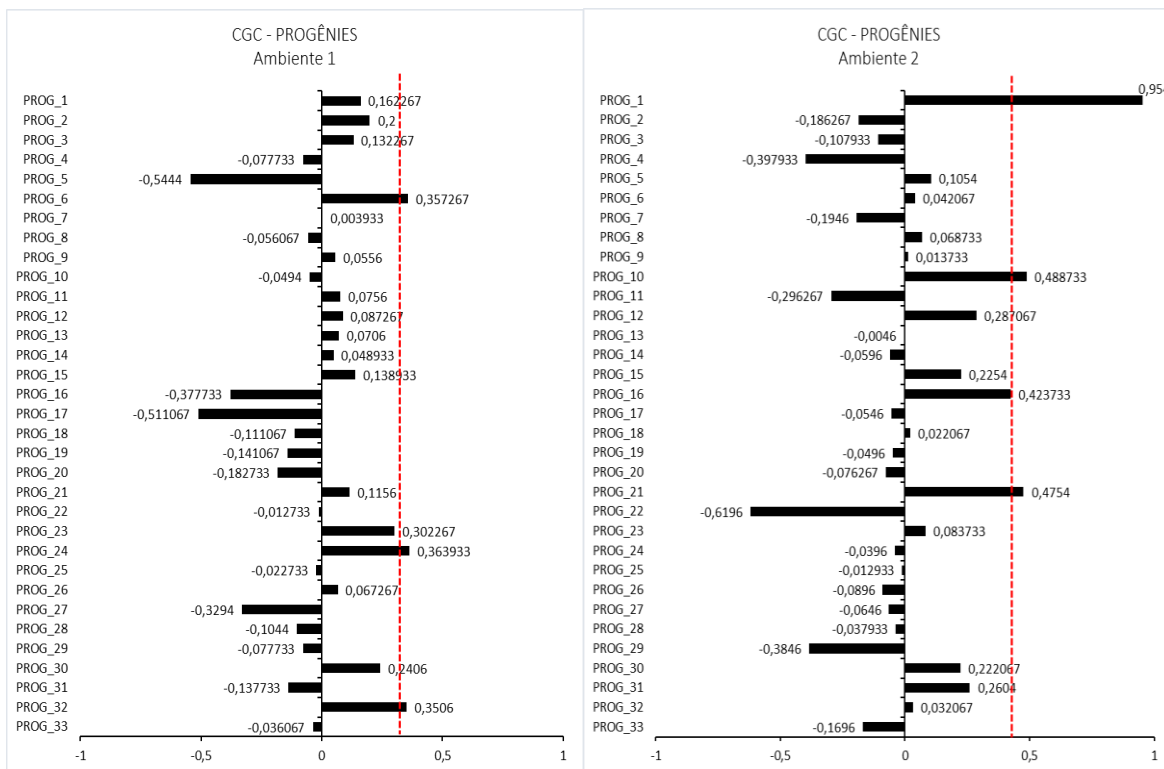
  

	Testador	Ambiente 6	Ambiente 7	Ambiente 8	Ambiente 9
CGC	1	543,0	134,0	588,0	383,0
	2	-543,0	-134,0	-588,0	-383,0

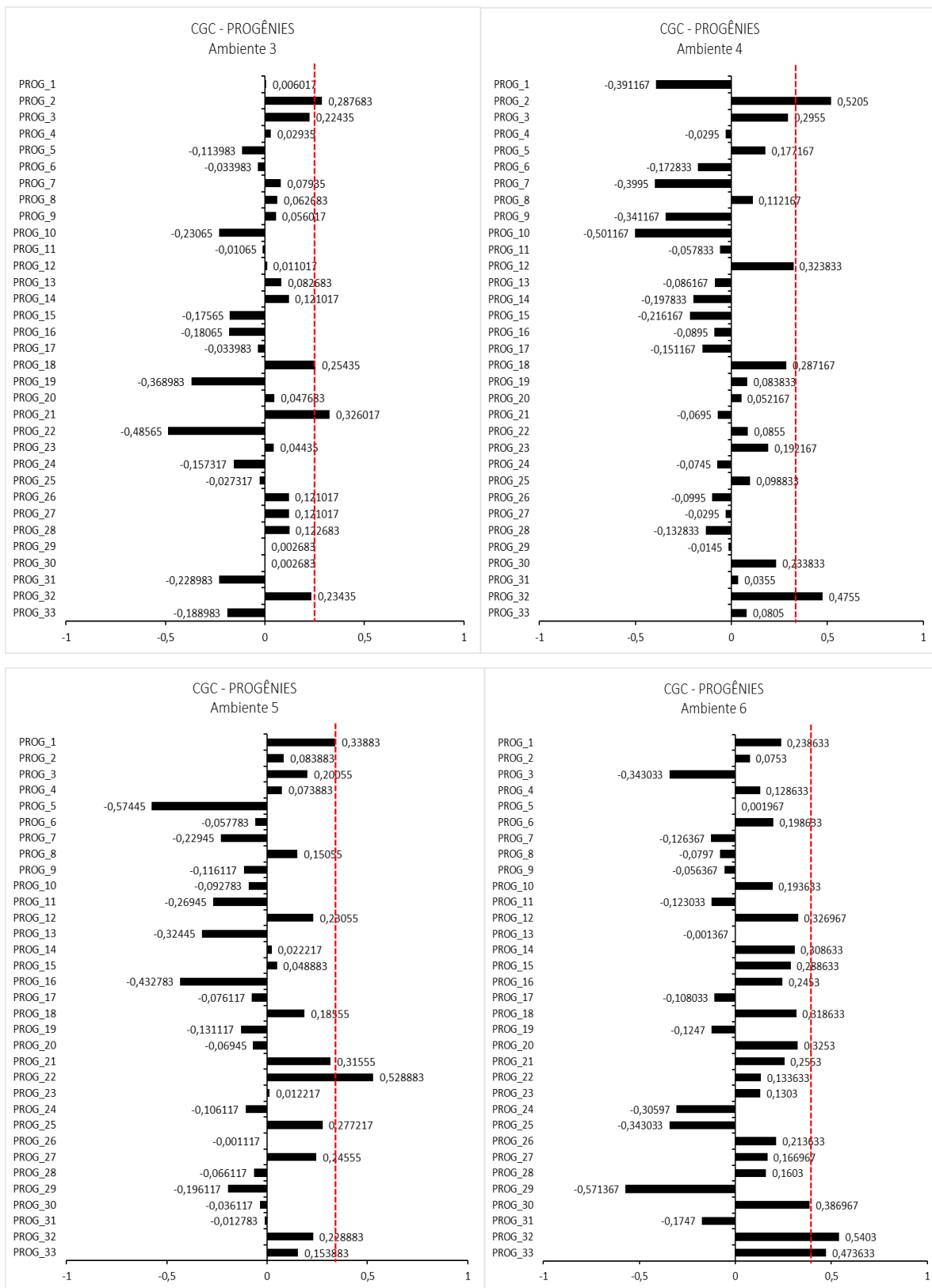
Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertanópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

Na avaliação de híbridos *topcrosses*, pode-se afirmar que seu principal objetivo é mensurar o mérito relativo de cada linhagem e seu respectivo potencial em cruzamentos. Assim, faz-se necessária a avaliação tanto da CGC das linhagens e testadores, quanto da CEC dos cruzamentos, promovendo desta forma resultados com maior assertividade e precisão, discriminando linhagens e híbridos mais promissores (CRUZ et al., 2004).

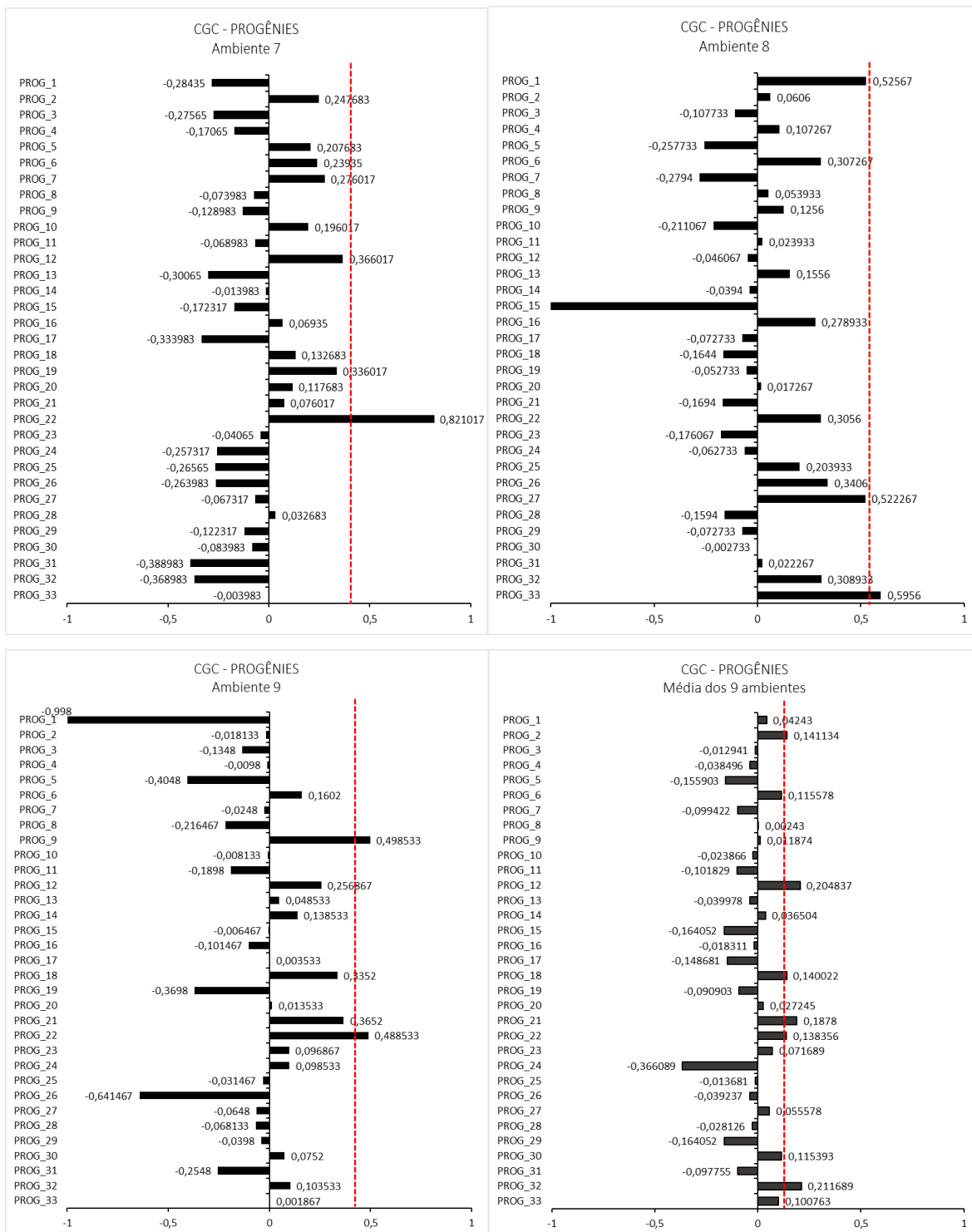
Em relação à CGC das linhagens, pode-se visualizar nas Figuras 6, 7 e 8, o comportamento e a contribuição média de cada uma delas em cada um dos ambientes. No ambiente 1 as linhagens 6, 24 e 32 foram as que melhor contribuíram para aumentar a produtividade. No ambiente 2 foram as linhagens 1, 10 e 21 e no ambiente 3 o destaque ficou para as linhagens 2 e 21. As linhagens que se destacaram no ambiente 4 foram as 2 e 32, no ambiente 5 as linhagens 1 e 22. No ambiente 6 as linhagens 32 e 33 se destacaram; já no ambiente 7, a linhagem 22 foi superior às demais. No ambientes 8 e 9 os destaques foram as linhagens 1 e 33, 9 e 22, respectivamente.



**Figura 5.** Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) das 33 linhagens nos ambientes 1 (Toledo-PR) e 2 (Palotina-PR). Linha vertical vermelha indica 1,5 vezes o DP da CGC. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.



**Figura 6.** Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) das 33 linhagens nos ambientes 3 (Assis Chateaubriand-PR), 4 (Campo Mourão-PR), 5 (Sertãoópolis-PR) e 6 (São Jorge do Ivaí-PR). Linha vertical vermelha indica 1,5 vezes o DP da CGC. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.



**Figura 7.** Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) das 33 linhagens nos ambientes 7 (Caarapó-MS), 8 (Itaporã-MS), 9 (Douradina-MS) e na média dos nove ambientes. Linha vertical vermelha indica 1,5 vezes o DP da CGC. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

Analisando os dados médios de CGC das linhagens (Figura 7), se destacam positivamente as linhagens 2, 12, 18, 21, 22, e 32 como promissoras para CGC na média dos 9 ambientes em que os híbridos topcrosses foram avaliados. As linhagens 5, 15, 17, 24 e 29 foram as que tiveram contribuições negativas de maior magnitude da CGC na média dos 9 ambientes.

Observando os resultados de capacidade específica de combinação (CEC) (Figura 8), observa-se comportamento distinto dos híbridos nos diferentes ambientes em que foram avaliados. Alguns híbridos por sua vez, apresentaram interessante CEC em vários ambientes, como, por exemplo, HS002, HS014, HS023, HS045, HS054, HS055 HS065 e HS066.

O híbrido que obteve maior CEC no ambiente 1 foi o HS039, já no ambiente 2 o HS019, no ambiente 3 o HS051, no ambiente 4 o HS002, no ambiente 5 o HS066, no ambiente 6 o HS024, no ambiente 7 o HS055, no ambiente 8 o HS064 e no ambiente 9 o híbrido HS021.



Híbrido	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	Médio	Híbrido	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	Médio
HS001	0,9235	0,1809	0,7582	0,5046	1,6246	1,8023	2,3964	0,7366	1,1333	1,1178	HS034	1,5622	2,1736	0,9082	-0,5956	0,1638	1,1214	0,4851	1,2958	0,3268	0,8268
HS002	0,9169	-0,2174	1,6465	2,6829	1,2546	0,0156	2,2530	1,4083	1,6817	1,2936	HS035	1,7156	1,4453	1,1465	0,8727	0,7338	2,2547	0,4817	0,6575	0,1052	1,0459
HS003	1,6135	1,1543	1,2699	0,7279	1,1479	0,5339	0,3364	0,3466	0,7983	0,8810	HS036	0,7522	0,3870	1,2699	1,9277	1,3071	0,0630	0,3051	1,0458	0,5218	0,8422
HS004	0,4135	1,7443	0,8649	1,0929	0,8146	1,3023	0,8614	1,3416	0,2533	0,9654	HS037	1,1122	-1,3630	0,8949	0,2627	1,1338	1,1814	0,2001	0,9108	1,5668	0,6555
HS005	-0,5598	0,5109	-0,0118	1,6762	-0,7571	-1,0211	0,6530	0,8766	0,1383	0,1673	HS038	0,2189	1,8836	1,1982	0,5060	0,1121	2,9980	1,9217	-0,0842	0,1018	0,9840
HS006	0,9185	0,3943	0,7082	0,0062	1,5363	1,4423	1,5414	1,5416	1,3133	1,0447	HS039	2,3472	1,7470	0,7982	0,7760	-0,1145	1,3214	1,1601	1,5108	1,1868	1,1926
HS007	2,0319	0,4509	1,6749	-0,1671	0,5079	0,8273	1,9147	0,2083	0,1083	0,8397	HS040	-0,1794	0,7436	0,2849	0,0427	0,2271	0,6364	0,9334	0,4975	1,6518	0,5376
HS008	1,2919	1,3576	0,9715	1,0612	0,8179	0,7006	0,5247	1,7549	0,7300	1,0234	HS041	0,3206	0,8903	0,9215	0,8610	1,4371	0,9497	0,9234	0,2841	0,2635	0,7613
HS009	0,9402	0,1526	1,6082	0,0646	0,3346	1,5573	2,2297	1,5433	1,5750	1,1117	HS042	1,1189	1,8753	0,2582	0,0444	0,8538	0,1864	-1,0016	0,7825	2,2785	0,7107
HS010	1,7152	1,8376	1,2649	-0,5854	1,1213	1,0673	1,3447	0,0999	0,8117	0,9641	HS043	-0,0761	2,0903	-0,5451	0,0544	0,1605	1,6763	1,1834	0,8791	1,0152	0,7153
HS011	0,4302	2,1126	-0,1151	0,1312	0,5379	0,7939	1,1197	1,6549	0,4333	0,7888	HS044	1,7089	-1,3247	1,7149	1,1110	0,0371	0,6830	0,3484	0,2641	0,6668	0,5788
HS012	0,9985	0,0893	1,1432	0,6796	1,3079	1,5738	1,3747	0,7249	1,8267	1,0799	HS045	1,1872	3,0320	0,5432	2,0894	1,2671	1,7030	1,8334	0,9141	1,0602	1,5144
HS013	1,1952	0,0809	1,4115	1,3696	1,0029	1,6423	1,0514	1,0133	1,4250	1,1325	HS046	0,9239	1,8736	0,5615	-0,2406	-0,6479	0,3214	-0,5099	1,4325	0,6285	0,4826
HS014	1,6169	1,4959	1,5732	1,2312	1,6463	1,1423	0,1547	0,6283	2,1950	1,2982	HS047	0,4156	0,2386	0,5532	-0,5490	0,0955	2,0614	1,5334	1,0375	0,2185	0,6227
HS015	1,3469	2,1309	-0,1601	0,4996	0,6396	0,6122	1,1730	-2,9234	0,9900	0,4788	HS048	1,0456	0,7436	1,0999	0,1094	1,2088	2,5114	-0,1183	-1,6842	0,8435	0,6400
HS016	1,0435	2,0126	0,6449	0,8129	-0,1287	1,8056	1,0114	1,8499	0,6250	1,0752	HS049	-0,7178	1,6553	0,2749	0,3027	0,0505	1,1447	1,0101	1,0891	0,8285	0,6264
HS017	0,3569	2,1509	1,0582	0,2646	0,9146	1,2789	0,2147	2,1116	1,3200	1,0745	HS050	-0,5644	-0,3964	0,4482	0,6044	0,4338	0,2580	0,1934	-0,5792	0,5535	0,1057
HS018	0,4769	0,3143	0,7899	1,6862	1,7729	0,4423	0,8780	1,5533	1,9383	1,0947	HS051	0,9156	1,7470	1,8699	0,9360	0,6221	2,8014	1,3967	-0,3875	1,2618	1,2403
HS019	0,1769	2,8659	0,9032	1,1896	1,6896	0,1856	2,1347	1,1216	0,2533	1,1689	HS052	1,0956	-1,0914	-0,7368	0,6190	-0,5612	1,2847	0,9534	0,4908	0,1268	0,2424
HS020	-0,1615	2,7126	1,0665	0,5612	-0,1821	1,2256	2,0130	1,0016	0,8100	1,0052	HS053	1,2672	-1,0447	0,7665	1,1210	1,5571	2,0447	0,2017	0,8908	1,1035	0,8787
HS021	0,4902	1,4609	1,4682	-0,5771	0,7529	1,7356	1,2347	0,8983	2,8883	1,1502	HS054	1,8089	2,4136	1,4782	1,7727	2,1621	1,2547	0,8134	0,2475	0,4318	1,3759
HS022	1,2185	-2,5940	-0,3101	-0,3521	1,3596	1,4573	1,7797	0,6133	1,6050	0,5308	HS055	0,5672	2,0886	0,0099	2,1677	2,4088	1,0464	3,2484	2,4325	2,2085	1,7976
HS023	1,3335	0,9126	1,2399	1,6312	1,6063	1,9306	0,6814	0,7049	2,0867	1,3475	HS056	1,7122	1,3953	0,5799	0,6110	0,0955	0,5597	0,9001	0,4141	0,1602	0,7142
HS024	1,1219	1,2259	-0,2785	0,3779	0,4146	3,8006	0,3180	1,4316	1,6850	1,1219	HS057	2,1706	0,5886	1,2915	0,7977	0,8138	-1,0450	0,3967	0,1408	0,5685	-0,8113
HS025	1,0785	0,3093	0,1415	-0,1454	1,4613	-0,4860	0,3064	1,4349	0,0550	0,4617	HS058	0,6672	1,6120	1,3915	2,0144	1,3005	1,0830	0,3751	1,2041	1,6785	1,2585
HS026	0,7185	0,8459	0,5532	0,0129	0,6296	0,3673	-0,5853	1,0583	-0,1950	0,3784	HS059	1,3872	0,7686	1,5732	1,0627	1,0188	2,4564	1,2734	2,1275	-0,5115	1,2396
HS027	-0,5048	-0,2390	0,9832	0,6229	0,8129	1,2939	0,4780	1,7666	0,7283	0,6602	HS060	1,0239	1,9536	1,1432	0,7327	1,8221	1,3430	0,9967	2,1458	0,8718	1,3370
HS028	1,2702	0,9943	1,0715	0,4662	1,1946	2,4506	0,1080	1,0283	0,3917	0,9973	HS061	0,1489	0,8270	1,0615	0,4760	0,1938	0,1597	1,7667	0,1575	1,1952	0,6651
HS029	1,1835	0,3409	0,8315	0,2779	0,1446	-0,6370	0,5630	0,5416	0,9033	0,4610	HS062	0,3422	0,0936	0,8215	1,1377	0,7238	0,3214	0,6917	0,9908	0,7968	0,6577
HS030	1,4852	1,5743	0,1215	1,3196	0,9346	1,8539	0,9047	1,0716	1,0583	1,1471	HS063	1,3139	1,2870	1,5315	1,0894	0,5738	1,6630	0,5034	0,7408	1,1018	1,0894
HS031	1,3635	1,7259	0,0532	0,6779	-0,6087	-0,6340	-0,6003	-0,5934	-0,6417	0,0825	HS064	-0,0778	1,2886	0,6732	0,9377	2,2105	1,9047	0,7884	2,5058	1,4818	1,3014
HS032	1,8552	1,4043	0,9399	2,1279	1,3696	1,0506	-1,0603	1,3999	1,1700	1,1397	HS065	1,3839	0,6970	1,6399	1,2477	1,1988	3,0797	1,3284	1,6591	1,1035	1,4820
HS033	-0,4381	0,3859	0,2532	0,7429	-0,6054	1,3173	-0,0553	2,2333	-0,0483	0,4206	HS066	2,1306	0,9086	0,6332	1,0527	2,8738	2,5464	1,7834	1,9725	1,9152	1,7574

**Figura 8.** Estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) média e nos 9 ambientes em que os genótipos foram avaliados. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertãoópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

### 5.3. Análise de adaptabilidade e estabilidade

#### 5.3.1. Classificação dos ambientes e análise de estabilidade de Schmidt et al. (2011)

Com base na análise de estabilidade de Schmidt et al. (2011), os ambientes 1, 2, 6, 8 e 9 foram classificados como ambientes favoráveis (Tabela 11), onde o índice ambiental foi positivo, caracterizando ambientes que favorecem os genótipos a expressarem seu potencial produtivo. Foram classificados como desfavoráveis os ambientes 3, 4, 5 e 7, que por sua vez tiveram índices ambientais negativos e, portanto, podem auxiliar nas respostas de cada genótipo frente aos desafios encontrados nesses ambientes, o que auxilia no processo de avanço e seleção de híbridos quando se avalia a estabilidade de genótipos.

**Tabela 11.** Classificação dos 9 ambientes com base na análise de estabilidade de Schmidt et al. (2011), na avaliação dos 66 genótipos, durante a segunda safra de 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

Ambiente	Média de Produtividade (kg ha <sup>-1</sup> )	Índice	Classe	Média Testador 1 (kg ha <sup>-1</sup> )	Média Testador 2 (kg ha <sup>-1</sup> )
1	8.953	0,3004	Favorável	8.830	9.075
2	9.618	0,9660	Favorável	9.428	9.807
3	8.007	-0,6457	Desfavorável	7.735	8.273
4	7.183	-1,4692	Desfavorável	6.721	7.640
5	8.058	-0,5943	Desfavorável	7.999	8.112
6	9.599	0,9464	Favorável	10.140	9.525
7	8.502	-1,5074	Desfavorável	8.633	8.365
8	8.888	0,2354	Favorável	9.473	8.297
9	9.064	0,4116	Favorável	9.446	8.678

Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertanópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

Observando o desempenho de cada testador em cada ambiente, é possível verificar que os híbridos com o testador 2 obtiveram maiores médias de produtividade na maioria dos ambientes desfavoráveis (ambientes 3, 4 e 5), enquanto os híbridos com o testador 1 obtiveram maiores médias nos ambientes favoráveis 6, 8 e 9 (Figuras 1, 2, 3 e 4). Em relação à CGC dos testadores, é possível verificar que o mesmo ocorreu, ou seja, para os ambientes 6, 8 e 9, classificados como favoráveis e com maiores médias de produtividade, o testador 1 contribuiu de forma positiva, enquanto que o testador 2 contribuiu positivamente para CGC na maioria dos ambientes desfavoráveis e com menores médias (Figuras 5, 6 e 7).

A análise de estabilidade (Tabela 12) demonstra que a média do índice geral de estabilidade (índice para todos os ambientes) foi de 91,93 entre todos os tratamentos. Para os híbridos do testador 1 o índice geral médio foi de 92,97, enquanto que para os híbridos do testador 2 foi de 91,93.

Os híbridos *topcrosses* que possuíram maiores índices de estabilidade geral foram HS012 (100,08), HS014 (100,93), HS023 (102,40), HS045 (101,91), HS055 (101,93), HS060 (100,77), HS065 (103,48) e HS066 (105,18), com destaque para os híbridos HS055, com média geral de 9.645 kg ha<sup>-1</sup>, HS065 com média geral de 9.404 kg ha<sup>-1</sup> e HS066 com média de 9.566 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 12).

Nos ambientes desfavoráveis, a média de produtividade de todos os tratamentos foi de 7.938 kg ha<sup>-1</sup>, a média dos híbridos *topcrosses* com o testador 1 foi de 7.775 kg ha<sup>-1</sup>, enquanto que a média dos híbridos *topcrosses* com o testador 2 foi de 8.101 kg ha<sup>-1</sup>. Os híbridos *topcrosses* que possuíram maiores índices de estabilidade para os ambientes desfavoráveis foram HS002 (110,21), HS018 (102,91), HS023 (101,81), HS041 (102,34), HS045 (105,43), HS051 (104,64), HS054 (107,36), HS055 (105,65), HS059 (102,74), HS060 (102,98), HS065 (105,39) e HS066 (104,17) (Tabela 12).

Nos ambientes desfavoráveis, os híbridos que possuíram índices de estabilidade alto e produtividade média elevada foram os *topcrosses* HS002 e HS055 com médias de 9.223 kg ha<sup>-1</sup> e 9.465 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente, muito superiores a média dos demais tratamentos (Tabela 12).

A média da produtividade dos híbridos nos ambientes favoráveis foi de 9.224 kg ha<sup>-1</sup>, enquanto que a média dos híbridos *topcrosses* com o testador 1 foi de 9.465 kg ha<sup>-1</sup>, e com o testador 2 foi de 8.984 kg ha<sup>-1</sup>. Os híbridos *topcrosses* que possuíram maiores índices de estabilidade para os ambientes favoráveis foram HS014 (104,07), HS016 (102,37), HS021 (102,53), HS023 (102,84), HS024 (103,05), HS030 (106,17), HS032 (107,04), HS039 (102,10), HS065 (101,51) e HS066 (105,68) (Tabela 12).

Nos ambientes favoráveis, os híbridos que possuíram índice de estabilidade alto e média de produtividade também elevada foram HS016 (10.054 kg ha<sup>-1</sup>), HS021 (10.196 kg ha<sup>-1</sup>), HS030 (10.086 kg ha<sup>-1</sup>), HS032 (10.136 kg ha<sup>-1</sup>), HS039 (9.900 kg ha<sup>-1</sup>), HS065 (9.916 kg ha<sup>-1</sup>) e HS066 (10.132 kg ha<sup>-1</sup>) (Tabela 12).

Os resultados da análise de estabilidade permitem concluir que os híbridos HS023, HS065 e HS066 tiveram bons índices de estabilidade e boas médias de produtividade, tanto nos ambientes favoráveis como nos ambientes desfavoráveis.

**Tabela 12.** Índices de estabilidade geral, ambientes desfavoráveis e favoráveis, para os 66 híbridos *topcrosses* avaliados nos 9 ambientes da safrinha 2017. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

Híbrido	Testador	Linhagem	Índice Geral	Produtividade Média Geral (kg ha <sup>-1</sup> )	Índice Ambientes Desfavoráveis	Produtividade		Produtividade Média Ambientes Favoráveis (kg ha <sup>-1</sup> )
						Média Ambientes Desfavoráveis (kg ha <sup>-1</sup> )	Índice Ambientes Favoráveis	
HS001	1	1	96,26	8.991	93,69	8.283	97,83	9.538
HS002	1	2	99,66	9.253	110,21	9.223	93,60	9.280
HS003	1	3	97,32	8.686	96,27	7.960	97,86	9.270
HS004	1	4	97,07	8.746	98,47	7.863	97,23	9.454
HS005	1	5	83,10	7.828	82,03	7.293	83,43	8.262
HS006	1	6	96,34	8.978	90,75	7.920	100,95	9.828
HS007	1	7	90,97	8.558	87,50	7.893	93,64	9.094
HS008	1	8	98,73	8.843	98,14	7.885	100,21	9.614
HS009	1	9	94,82	8.941	89,07	7.905	99,23	9.774
HS010	1	10	92,43	8.758	83,99	7.608	100,64	9.682
HS011	1	11	91,70	8.505	86,21	7.295	97,63	9.476
HS012	1	12	100,08	9.103	100,90	8.338	99,12	9.718
HS013	1	13	98,59	8.911	99,16	8.030	98,62	9.618
HS014	1	14	100,93	9.152	97,31	8.113	104,07	9.988
HS015	1	15	80,96	8.132	87,13	7.388	77,05	8.732
HS016	1	16	94,27	8.874	87,71	7.405	102,37	10.054
HS017	1	17	93,52	8.744	89,28	7.443	98,87	9.788
HS018	1	18	99,15	9.051	102,91	8.475	96,12	9.518
HS019	1	19	95,90	8.896	99,02	8.438	93,03	9.266
HS020	1	20	94,49	8.849	90,87	7.880	96,86	9.630
HS021	1	21	95,99	9.156	88,62	7.860	102,53	10.196
HS022	1	22	84,23	8.487	83,97	7.835	82,80	9.012
HS023	1	23	102,40	9.236	101,81	8.320	102,84	9.974
HS024	1	24	91,95	8.573	85,36	7.038	103,05	9.806
HS025	1	25	88,87	8.265	86,12	7.440	90,45	8.930
HS026	1	26	88,00	8.154	84,00	7.070	91,94	9.030
HS027	1	27	90,81	8.533	95,00	7.770	88,54	9.148
HS028	1	28	95,36	8.786	92,29	7.678	98,55	9.678
HS029	1	29	89,23	8.114	89,34	7.350	89,14	8.730
HS030	1	30	99,69	9.081	94,22	7.828	106,17	10.086
HS031	1	31	83,88	7.802	80,92	6.710	87,35	8.680
HS032	1	32	97,96	9.168	89,25	7.965	107,04	10.136
HS033	1	33	86,94	8.338	86,16	7.073	90,20	9.356
<b>Média</b>			93,68	8.712	91,75	7.775	96,03	9.465
HS034	2	1	92,27	8.577	88,23	7.493	95,90	9.450
HS035	2	2	97,14	8.895	100,57	8.363	94,19	9.326
HS036	2	3	91,21	8.540	99,38	8.583	88,03	8.506
HS037	2	4	90,35	8.324	94,57	7.868	86,93	8.696
HS038	2	5	89,58	8.536	94,73	8.128	85,13	8.868
HS039	2	6	98,66	9.017	95,02	7.918	102,10	9.900
HS040	2	7	90,25	8.147	91,55	7.573	88,88	8.610
HS041	2	8	93,09	8.472	102,34	8.368	88,98	8.560
HS042	2	9	89,39	8.430	83,92	7.175	94,76	9.440
HS043	2	10	89,87	8.401	86,45	7.325	92,94	9.264
HS044	2	11	87,11	8.184	92,71	7.970	82,88	8.362
HS045	2	12	101,91	9.427	105,43	8.935	98,82	9.826

HS046	2	13	87,09	8.150	80,59	6.903	93,83	9.154
HS047	2	14	91,66	8.367	90,26	7.660	92,21	8.938
HS048	2	15	82,43	8.184	91,27	7.715	76,18	8.564
HS049	2	16	89,94	8.316	90,60	7.520	89,26	8.958
HS050	2	17	83,95	7.664	91,36	7.540	80,24	7.770
HS051	2	18	97,58	9.088	104,64	8.690	92,49	9.412
HS052	2	19	84,45	7.860	83,81	7.318	84,40	8.298
HS053	2	20	93,78	8.613	98,57	8.218	90,11	8.936
HS054	2	21	99,44	9.272	107,36	8.988	93,88	9.504
HS055	2	22	101,93	9.645	105,65	9.465	100,70	9.792
HS056	2	23	92,61	8.494	95,55	7.868	90,18	9.000
HS057	2	24	38,03	8.258	95,65	7.945	6,80	5.404
HS058	2	25	97,52	8.954	99,68	8.560	96,83	9.272
HS059	2	26	95,57	8.908	102,74	8.440	90,65	9.288
HS060	2	27	100,77	9.101	102,98	8.510	98,75	9.578
HS061	2	28	91,44	8.344	97,41	8.133	88,13	8.520
HS062	2	29	90,42	8.203	97,08	8.030	87,31	8.344
HS063	2	30	98,26	8.912	97,65	8.223	98,32	9.470
HS064	2	31	97,44	8.912	97,74	8.273	96,61	9.428
HS065	2	32	103,48	9.404	105,39	8.765	101,51	9.916
HS066	2	33	105,18	9.566	104,17	8.865	105,68	10.132
<b>Média</b>			91,93	8.641	96,21	8.101	89,50	8.984

### 5.3.2. AMMI e GGE *biplot*

Os resultados da análise de variância conjunta demonstraram diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) para os genótipos, ambientes e interação GE (Tabela 12). A presença de interação indica que há diferenças de comportamento dos genótipos frente às variações dos ambientes em que foram avaliados. A análise demonstrou também a diferença significativa ( $p < 0,01$ ) para os dois primeiros componentes principais (IPCA 1 e IPCA 2), os quais explicam cerca de 62% da variação.

**Tabela 13.** Resumo da análise conjunta de variância da produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) de 66 genótipos avaliados em 9 ambientes na segunda safra de 2017, Guarapuava. UNICENTRO, 2019.

	GL	QM
Genótipos	65	2,3882**
Ambientes	8	42,0731**
Interação	520	1,5709**
IPCA1	72	5,2385**
IPCA2	70	1,8490**
IPCA3	68	1,3022
IPCA4	66	1,0834
IPCA5	64	0,8756
IPCA6	62	0,6614
IPCA7	60	0,4835
IPCA8	58	0,4167
Erro Médio	750	1,1022
Média ( $\text{kg ha}^{-1}$ )	8.650	
CV (%)	14,1	

Na análise AMMI *biplot* o eixo das abscissas representa a produtividade ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) e o eixo das ordenadas representa o primeiro componente principal (IPCA 1). A reta tracejada, posicionada na vertical, aponta a média dos genótipos (Figura 9). Os genótipos que estão próximos de zero no eixo de IPCA 1 são os mais estáveis, enquanto que os mais distantes de zero no IPCA 1 são mais adaptados aos ambientes específicos e contribuem mais com a interação GE.

Silva e Benin (2012) concluíram que o modelo AMMI 1 (IPCA 1 vs média dos genótipos) pode ser usado para selecionar, ao mesmo tempo, os melhores ambientes, segundo a estratégia de cada programa de melhoramento, bem como os genótipos que se mostraram mais estáveis.

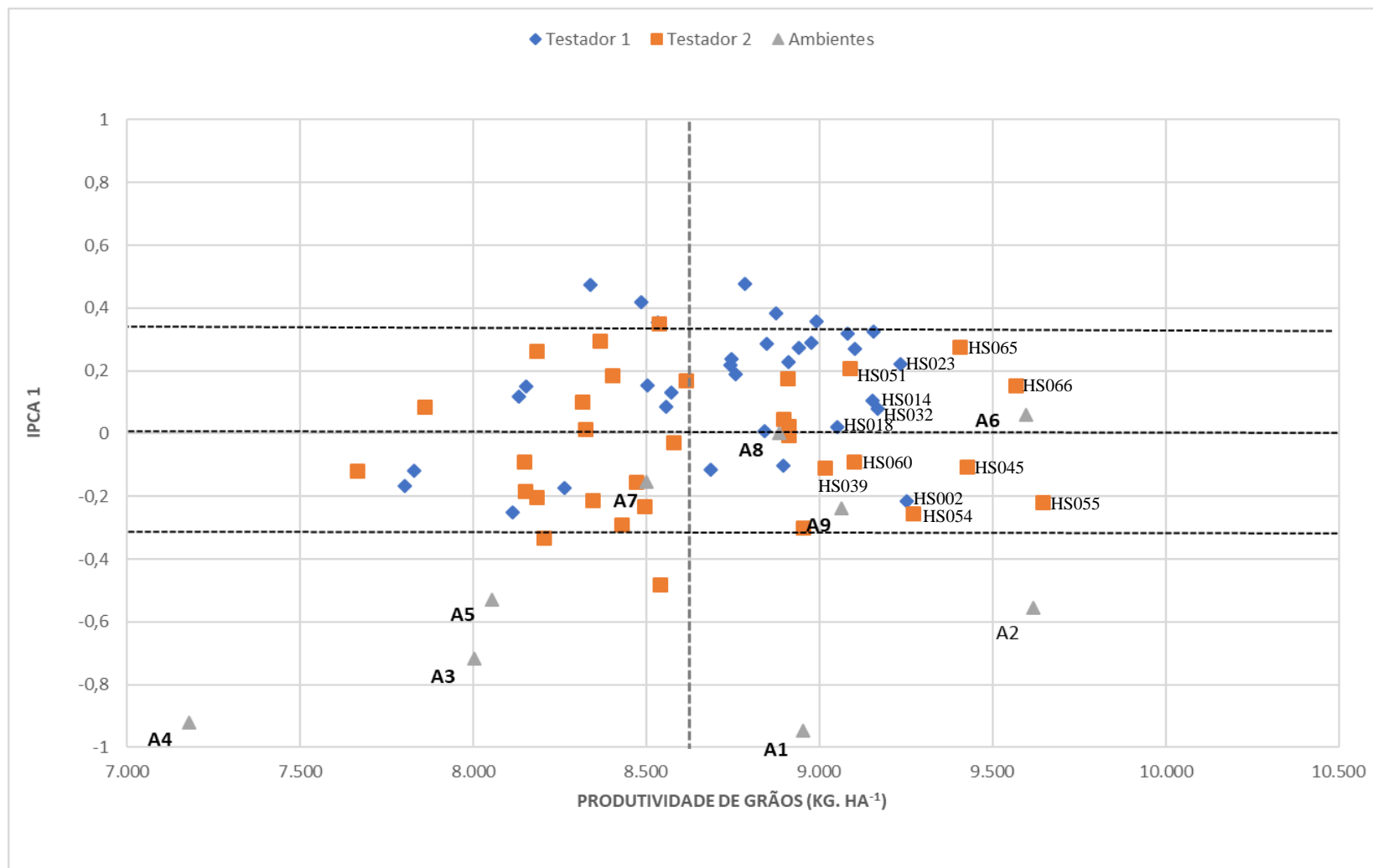
Um “ideótipo” é uma forma ideal de genótipo para determinado ambiente, portanto é um genótipo que apresenta alto desempenho médio e alta estabilidade por meio de um mega ambiente. Porém, para a caracterização de um mega ambiente, se fazem necessárias avaliações em mais de um ano ou safra. A visualização do GGE *biplot* “média vs estabilidade” é uma ferramenta eficaz para a avaliação de genótipos em ambos os aspectos (YAN et al., 2007; YAN, 2011).

Outra informação que é possível observar no GGE *biplot* “média vs estabilidade”, são as médias de produtividade de cada local e o comportamento médio de cada genótipo para cada ambiente, trazendo informações importantes quanto ao perfil do ambiente. O ambiente 4 foi o que induziu a menor média dos genótipos ( $7.183 \text{ kg ha}^{-1}$ ), já os ambientes 2 e 6

proporcionaram condições dos genótipos apresentarem as maiores médias, 9.618 kg ha<sup>-1</sup> e 9.599 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente (Tabela 1A).

Quanto mais um ambiente se distancia da linha central do gráfico, maior foi a variação do desempenho dos genótipos, o que informa que esse ambiente pode ser interessante para discriminar melhor o comportamento médio dos genótipos e facilita a avaliação de adaptabilidade de cada genótipos para o ambiente em questão. O ambiente 5 apresentou valor de IPCA 1 elevado e média relativamente mais baixa (8.058 kg ha<sup>-1</sup>), sendo interessante para avaliar o desempenho dos genótipos em ambientes mais desfavoráveis. O ambiente 2, por sua vez, apresentou também valor de IPCA 1 elevado, porém com média de produtividade dos genótipos também elevada (9.618 kg ha<sup>-1</sup>), podendo ser um ambiente interessante para se avaliar a adaptabilidade dos híbridos em um ambiente favorável.

Entre os híbridos *topcrosses* que responderam com maiores médias de produtividade nos ambientes avaliados, destacaram-se HS045, HS065, HS066 e HS055, que produziram em média 9.427 kg ha<sup>-1</sup>, 9.404 kg ha<sup>-1</sup>, 9.566 kg ha<sup>-1</sup>, 9.645 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Dentre os referidos híbridos, é possível afirmar que HS045 e HS066 foram os mais estáveis nos ambientes avaliados (Figura 9).



**Figura 9.** GGE *biplot* AMMI 1 (“Média vs Estabilidade”) relativo ao IPCA 1e produtividade média dos híbridos e ambientes, nos eixos y e x, respectivamente. Linha pontilhada vertical indica a média geral dos genótipos. Guarapuava, UNICENTRO, 2019. Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertanópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

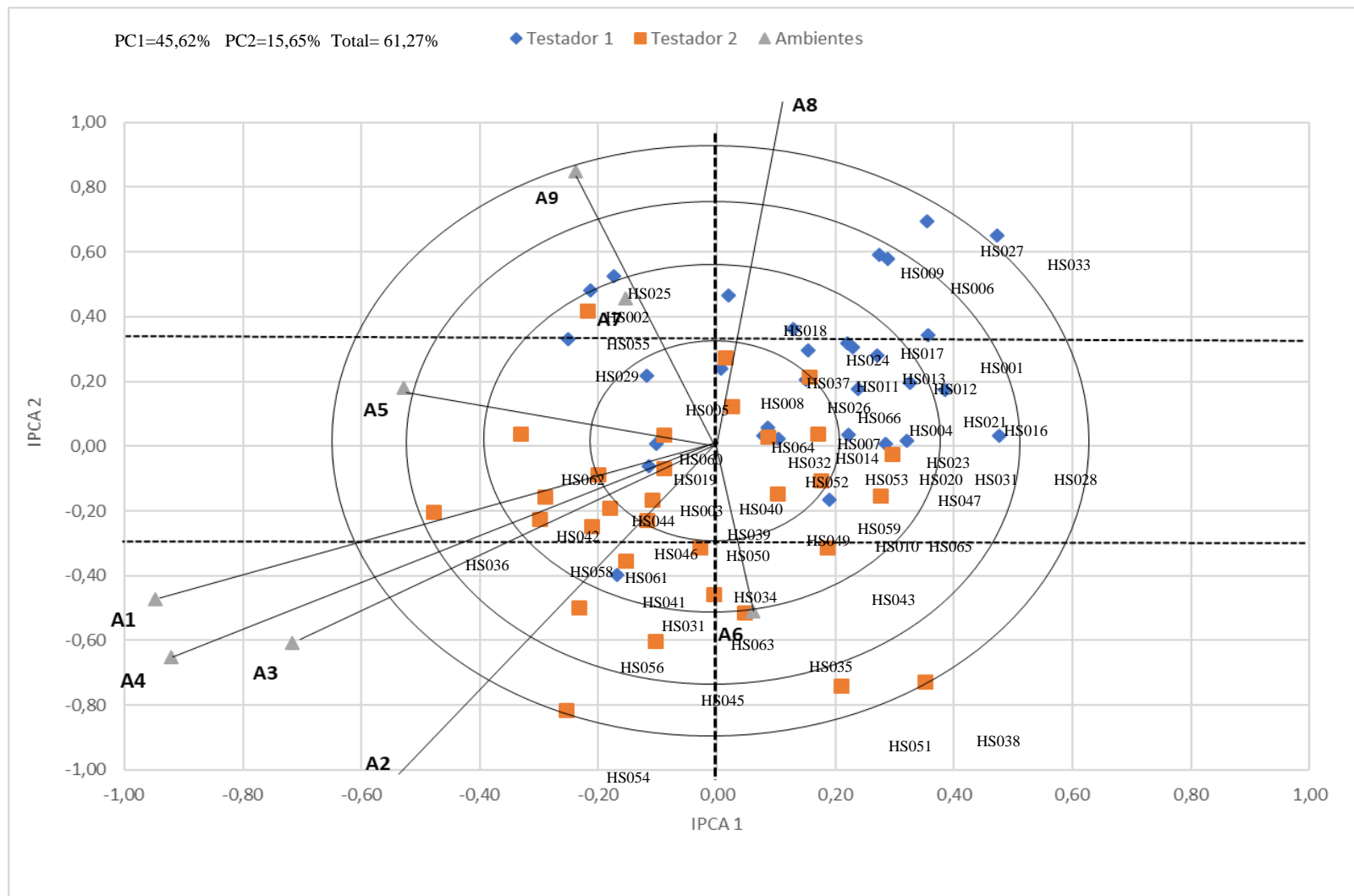


Na Figura 9, em que o modelo AMMI 2 (IPCA 2 vs IPCA 1) está representado, é possível observar que os genótipos HS014, HS018, HS019, HS040, HS032, HS034, HS044, HS050, HS052, HS064, HS066 demonstraram alta estabilidade. Esses genótipos estão próximos do centro do gráfico, o que significa dizer que foram os híbridos que menos sofreram interação GE. Dentre esses híbridos que tiveram maior estabilidade, os que tiveram média superior à média geral dos experimentos ( $8.650 \text{ kg ha}^{-1}$ ) foram HS014, HS018, HS019, HS032, HS064 e HS066, com  $9.152 \text{ kg ha}^{-1}$ ,  $9.0511 \text{ kg ha}^{-1}$ ,  $8.896 \text{ kg ha}^{-1}$ ,  $9.168 \text{ kg ha}^{-1}$ ,  $8.911 \text{ kg ha}^{-1}$  e  $9.565 \text{ kg ha}^{-1}$ , respectivamente.

O agrupamento dos ambientes 7 e 9 revelou que os híbridos HS025, HS002 e HS055 foram os que demonstraram maior adaptabilidade a esses ambientes, já no ambiente 6 os híbridos HS034 e HS063 foram os mais adaptados. Os híbridos HS027, HS033, HS038, HS051 e HS054 foram os mais instáveis segundo a análise (Figura 10).

De maneira geral os híbridos com o testador 1 se mostraram menos estáveis e mais adaptados aos ambientes 7, 8 e 9. Observando os ambientes 1, 2, 3 e 4 e 6 é possível afirmar que os híbridos com o testador 2 apresentaram, de forma geral, maior adaptabilidade (Figura 9). Portanto, os dois testadores foram complementares para discriminação das linhagens nos ambientes avaliados.

Esses resultados foram importantes também para reforçar a importância da escolha do testador para, além de discriminar as linhagens, ser relevante e definitivo para a seleção de híbridos superiores, para cada ambiente de interesse e como a interação GE pode interferir nessa importante tomada de decisão.



**Figura 10.** GGE *Biplot* AMMI 2, relativo ao primeiro componente principal (IPCA 1) e segundo componente principal (IPCA 2), nos eixos x e y, respectivamente. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

Ambientes: 1-Toledo-PR, 2-Palotina-PR, 3-Assis Chateaubriand-PR, 4-Campo Mourão-PR, 5-Sertãoópolis-PR, 6-São Jorge do Ivaí-PR, 7-Caarapó-MS, 8-Itaporã-MS e 9-Douradina-MS.

## 6. CONCLUSÕES

Os testadores foram complementares para melhor avaliação das linhagens, nos 9 ambientes. O testador 1 contribui com CGC positiva nos ambientes 6, 7, 8 e 9, enquanto que o testador 2 contribuiu positivamente nos ambientes 1, 2, 3, 4 e 5.

Quanto à CGC da produtividade de grãos se destacaram as linhagens 2, 12, 18, 21, 22 e 32. As linhagens 21, 22, 31 e 32 tiveram maior contribuição de CGC em boa parte dos ambientes.

Em relação à CEC, se destacaram os híbridos HS002, HS014, HS023, HS045, HS054, HS055 HS065 e HS066.

Entre os híbridos *topcrosses* que responderam com maiores médias de produtividade nos ambientes avaliados, destacaram-se HS045, HS065, HS066 e HS055, dentre os quais. HS045 e HS066 foram os mais estáveis.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, v. 46, n. 1, p. 269-278, 1992.
- ARAUS, J. L.; SÁNCHEZ, C.; EDMEADES, G. O. **Phenotyping maize for adaptation to drought**. In: MONNEVEUX, P.; RIBAUT, J. M. (Ed.). **Drought phenotyping in crops: from theory to practice**. Texcoco: CGIAR Generation Challenge Programme, 2011. p. 263-283.
- BANZINGER, M. et al. **Breeding for drought and nitrogen stress tolerance in maize: from theory to practice**. Mexico: CIMMYT, 68 p, 2000.
- BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Mathematical and Physical Sciences**, v. 160, p. 268-282, 1937.
- BECKER, H. C., LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v.101, n.1, p. 1/23, 1988.
- CAMARGO, B. I., INTIRE, E. Q. M. GORDÓN, M. R. Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genótipos superiores de arroz em Panamá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.9, p.1601-1069, 2011.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira**. Disponível em: [https://www.conab.gov.br/component/k2/item/download/22459\\_07172d10b7104ce2765c1734d0f7e857](https://www.conab.gov.br/component/k2/item/download/22459_07172d10b7104ce2765c1734d0f7e857). Acesso em: 11 de novembro de 2018.
- COSTA, E. F. N.; SOUZA, J. C.; LIMA, J. L.; CARDOSO, G. A. Interação entre genótipos e ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.12, 2010.
- CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, v.44, p.55-85, 1990.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa. UFV, 2010. 394p.
- CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação GE em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p.422-430, 1991.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A.; PIMENTEL, M. A. G.; COELHO, A. M.; ARAM, D.; CRUZ, I.; GARCIA, J. C.; MOREIRA, J. A. A.; OLIVEIRA, M. F. de; GONTIJO NETO, M. M.; ALBUQUERQUE, P. E. P. de; VIANA, P. A.; MENDES, S. M.; COSTA, R. V. da; ALVARENGA, R. C.; MATRANGOLO, W. J. R. Produção de milho na agricultura familiar. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2011. 45 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v.1, 3. ed. Viçosa: UFV, 2004.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A., CARNEIRO, P. Ç. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 3 ed., vol. 2. Viçosa, MG: UFV, 2013. 514p.

DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Agricultura Experiment Annual Report**, v. 12, p. 14-15, 1927.

DUVICK, D. N. Biotechnology in the 1930's: the development of hybrid maize. **Nature Reviews Genetics**, Hampshire, v.2, n.1, p. 69-74, 2001.

DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.) **Advances in Agronomy**, San Diego, v.86, p. 83-145, 2005.

FAOSTAT. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor>>. Acesso em 2 de novembro de 2018.

FANCELLI, A. L.; D. DOURADO NETO. Produção de milho. Guaíba: 2.ed., Agropecuária. 2008. 360p.

FAOSTAT. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx#ancor>>. Acesso em 20 de janeiro de 2018.

FERREIRA, E. A., PATERNIANI, M. E., DUARTE, A. P., GALLO, P. B., SAWAZAKI, E., FILHO, J. A., GUIMARÃES., P. D. Desempenho de híbridos top crosses de linhagens s3 de milho em três locais do estado de são paulo. **Bragantia**, v. 68, n. 2, p. 319-327, 2009.

FUZATTO, S. R. **Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.): efeito do número (s) de cruzamentos**. 2003. 131 f. Tese (Doutorado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrix with application to principal component analysis. **Biometrika**. London, v.58, n.3, p. 453-467, 1971.

GAUCH JUNIOR, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials**. AMMI analysis of factorial designs. New York. Elsevier, 1992. 278 p.

GAUCH, H. G. J. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v.46, n.4, p.1488-1500, 2006.

GAUCH, H. G. J., PIEPHO, H. P., ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield of field trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v.48, n.2, p.866-889, 2008.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of variety cross diallel and related population. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.

GRIFFING, B. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, v. 10, p. 31-50, 1956.

HALLAUER, A. R., MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**, 2 ed. Iowa State university, 2010, 468p.

HAYMAN, B. I. The analysis of variance of diallel tables. **Biometrics**, v. 10, p. 235-244, 1954.

HONGYU, K. SILVA, F. S., OLIVEIRA, A. C. S., SARTI, D. A., ARAUJO, L. B., DIAS, C. T. S., Comparicon between AMMI models and GGE biplot for multi-environment trails. **Revista Brasileira de Biometria**, v.33, n.2, p.139-155, 2015.

KANG, M. S., GAUCH Jr., H. G. Genotype by environment interaction. New York: **CRC Press**, 416 p., 1996.

LANGER, I. FREY, K. J., BAILEY, T. Associations among productivity, production response and stability indexes in oat varieties. **Euphytica**, 28, n.1, p. 17-24, 1979.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis: Where do we stand? **Crop Science**, v. 26, p. 894-900, 1986.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.193-198, 1988.

MACHADO, J.C.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; LIMA, J.L. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos de milho oriundos de um mesmo conjunto gênico. **Bragantia**, v67, n.3, p.627-631, 2008.

MAGALHÃES, P. C. **Tecnologias para desenvolvimento de milho em condições de Segunda Safra**. In: CECCON, G.; STAUT, L. A. **9º Seminário Nacional Milho Segunda Safra Rumo à Estabilidade**. Dourados:MS, EMBRAPA, 2007. p. 108-121. (Documentos 89).

MATHENSON, A. C., RAYMOND, C. A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the topics. **Commonwealth Forestry Review**, Oxford, v.65, n.4, p.283-302, 1986

MIRANDA, G. Multivariate analyses of genotype x environment interaction of popcorn. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 45-50, 2009.

MIRANDA FILHO, J. B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v. 7, n. 4, p. 677-688, 1984.

NETO, F. R. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype x environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.5, p.1043-1048, 2010.

PATERNIANI, E., CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. IN: A. BORÉM, **Melhoramento de espécies cultivadas** 2 ed. Viçosa: UFV, 2005, p. 491-552.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; LÜDERS, R. R.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; SAWAZAKI, E. Desempenho de híbridos triplos de milho obtidos de *top crosses* em três locais do estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 65, n. 4, p. 597-605, 2006.

PAULA, T.O.M.P.; JUNIOR, A.T.A.; GONÇALVES, L.S.A.; SCAPIM, C.A.; PETERNELLI, L.A.; SILVA, V.Q.R. Pi statistics underlying the evaluation of stability, adaptability and relation between the genetic structure and homeostasis in popcorn. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n.2, p.269-277, 2010.

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; FARIA, L.C. de; DEL PELOSO, M.J.; WENDLAND, A. Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de feijoeiro-comum tipo Carioca em Goiás e no Distrito Federal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.554-562, 2010.

POSSATTO J. O., Adaptability and stability of weath genotypes on ten enviroments in the states of Paraná and São Paulo, Brazil. Agrária – **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v.12, n.2, p.113-121, 2017.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. V.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2005.

RIBEIRO, J.Z.; ALMEIDA, M.I.M. Estratificação ambiental pela análise da interação GE em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.4, 2011.

RISSI, R.; HALLAUER, A. R. Evaluation of four testers for evaluating maize (*Zea mays* L.) lines in a hybrid development program. **Revista Brasileira de Genética**, v. 14, n. 2, p. 467-481, 1991.

ROOZEBOOM, K. L. Testing weath in variable enviroments: Genotype, enviroment, interaction effects, and grouping test locations. **Crop Science**, Madison, v.48, p.317-330, 2008.

SANTOS, E.L.; GARBUGLIO, D.D.; ARAUJO, P. M.; GERAGE, A.C.; SHIOGA, P.S.; PRETE, C.E. Uni and multivariate methods applied to studies of phenotypic adaptability in maize. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.33, n.4, p.633-639, 2011.

SCHIMIDT, E. R., CRUZ, C. D. Análise de adaptabilidade e estabilidade do milho pelos métodos de Eberhart e Russell e de Annicchiarico. **Revista Ceres**, v.52, n.29, p.45-58, 2005.

SHIOGA, P. S.; GERAGE, A. C. Influência da época de plantio no desempenho do milho Segunda Safra no estado do paraná, Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.9, n.3, p. 236-253, 2010.

SINEBO, W., LAKEW, B., FEYISSA, A. Biplot analysis of grain yield barley grown under differing management levels in years of contrasting season end drought. **Journal of plant breeding and Crop Science**, v.2, n.6, p. 152-164, 2010.

SILVA, R. S.; BISOGNIN, D.A.; LOCATELLI, A. B.; STORK, L. Adaptability and stability of corn hybrids grow for high grains yield. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.36, n.2, p.175-181, 2014.

SILVA, R. R., BENIN, G. Análises Biplot: Conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, v.42, n.8, p. 1404-1412, 2012.

SILVA, W. C. J., DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p. 23-30, 2006.

SOUZA, T. C. **Parâmetros fisiológicos em milho Segunda Safra**. 12º Seminário Nacional Milho Segunda Safra Rumo à Estabilidade. Dourados: MS, EMBRAPA, 2013

SOUZA JUNIOR, C. L.; VENCOSKY, R. Covariância entre parentes na presença da inteação genótipos x ambientes. In: **Simposio de estatística aplicada a experimentação agrônômica**. Resumos. Lavras: ESAL, p.50-51, 1989

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

TAI, G.C.C. Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, v.11, n. 2, p. 184-190, 1971.

TROYER, F., WELLIN, E. Heterosis decreasing in Hybrids: Yield Test Inbreds. **Crop Science**, v. 49, n. 6, p. 1969-1976, 2009.

VENCOSKY, R., BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto. **Sociedade Brasileira de Genética**, p.426, 1992.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analyses of yield trial. **Agronomy Journal**, v.80m p.388-393, 1988.

YAN, W. **Crop Variety Trials: Data Management and Analysis**. New York: John Wiley & Sons, 2014.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics**, v.65, p. 181-193, 2011.

YAN, W. Optimal use of biplots in analysis of multi-location variety test data. **Acta Agronomica Sinica**, v.36, n.11, p.1805-1819, 2010.

YAN, W. GGE biplot: A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, v.93, p. 1111-1118, 2001.

YAN, W. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. **Crop Science**, v.40, p. 569-605, 2000.

YAN, W. et.al., Identify essential test locations for oat breeding in eastern Canada. **Crop Science**, v. 50, p. 504-515, 2010.

YAN, W. **Crop Variety Trials. Data Management Analysis**. New York. **John Wiley & Sons**. 2014

YAN, W., KANG, M. S. GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, **Geneticists and Agronomists**. v.1, n.1 p. 288. 2003.

YAN, W., KANG, M. S., MA, B., WOODS, S., CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype by environment data. **Crop Science**, v.47, p. 643-653, 2007.



## ANEXOS

**Tabela 1 A.** Dados de produtividade dos 66 genótipos avaliados em 9 ambientes. Guarapuava, UNICENTRO, 2019.

GENÓTIPO	AMB. 1	AMB. 2	AMB. 3	AMB. 4	AMB. 5	AMB. 6	AMB. 7	AMB. 8	AMB. 9	Média (Kg ha-1)
1	9.135	8.735	7.705	6.145	8.840	11.140	10.425	9.290	9.505	8.991
2	9.035	8.055	8.880	9.240	8.515	9.190	10.250	9.970	10.140	9.253
3	9.670	9.510	8.435	7.055	8.530	9.285	7.810	8.740	9.140	8.686
4	8.260	9.810	7.835	7.100	8.070	10.530	8.440	9.950	8.715	8.746
5	6.815	9.075	6.820	7.890	5.845	8.075	8.610	9.115	8.210	7.828
6	9.195	8.900	7.620	5.870	8.655	10.740	9.525	10.345	9.950	8.978
7	9.955	8.720	8.695	5.465	7.460	9.800	9.940	8.425	8.560	8.558
8	9.155	9.890	7.975	7.210	8.150	9.715	8.200	10.305	8.990	8.843
9	8.920	8.625	8.605	5.755	7.400	10.600	9.850	10.165	10.550	8.941
10	9.590	10.785	7.975	4.950	8.205	10.360	9.285	8.390	9.280	8.758
11	8.430	10.280	6.820	6.110	7.450	9.765	8.795	10.175	8.720	8.505
12	9.010	8.840	8.095	7.040	8.720	10.995	9.490	9.175	10.560	9.103
13	9.190	8.535	8.440	7.320	7.860	10.735	8.500	9.670	9.950	8.911
14	9.590	9.900	8.640	7.065	8.850	10.550	7.885	9.085	10.805	9.152
15	9.405	10.815	6.605	6.320	7.865	10.000	8.750	3.965	9.460	8.132
16	8.590	10.900	7.410	6.760	6.615	11.145	8.830	10.625	8.995	8.874
17	7.770	10.560	7.965	6.150	8.020	10.265	7.630	10.540	9.795	8.744
18	8.290	8.795	7.985	8.005	9.140	9.855	8.755	9.885	10.750	9.051
19	7.960	11.280	7.480	7.305	8.740	9.155	10.220	9.570	8.355	8.896
20	7.575	11.100	8.055	6.645	6.925	10.645	9.875	9.520	9.300	8.849
21	8.525	10.400	8.740	5.385	8.245	11.085	9.060	9.230	11.730	9.156
22	9.130	5.250	6.145	5.770	9.065	10.685	10.350	9.415	10.570	8.487
23	9.555	9.455	8.230	7.855	8.800	11.155	8.385	9.025	10.660	9.236
24	9.405	9.645	6.510	6.340	7.490	9.840	7.805	9.865	10.255	8.573
25	8.975	8.755	7.060	5.985	8.920	8.270	7.785	10.135	8.500	8.265
26	8.705	9.215	7.615	5.950	7.805	9.675	6.895	9.895	7.635	8.154
27	7.090	8.160	8.045	6.625	8.235	10.555	8.155	10.790	9.140	8.533
28	9.085	9.420	8.135	6.365	8.310	11.710	7.885	9.365	8.800	8.786
29	9.025	8.415	7.775	6.295	7.125	7.890	8.190	8.970	9.340	8.114
30	9.650	10.260	7.065	7.590	8.075	11.340	8.565	9.570	9.610	9.081
31	9.145	10.450	6.770	6.745	6.555	8.285	6.760	7.925	7.580	7.802
32	10.125	9.895	8.120	8.640	8.775	10.690	6.315	10.205	9.750	9.168
33	7.445	8.680	7.005	6.860	6.725	10.890	7.685	11.325	8.425	8.338
34	9.865	11.070	8.340	5.870	7.475	9.490	8.275	8.795	8.015	8.577
35	10.060	10.055	8.855	8.250	8.095	10.460	8.240	8.165	7.875	8.895
36	9.030	9.080	8.920	9.080	8.790	7.850	7.540	8.390	8.180	8.540
37	9.175	7.035	8.345	7.085	8.490	9.440	7.535	8.465	9.345	8.324
38	7.815	10.790	8.510	7.535	6.820	11.130	9.635	7.105	7.485	8.536
39	10.850	10.590	8.190	7.460	7.110	9.645	8.905	9.265	9.135	9.017
40	7.965	9.350	7.790	6.495	7.280	8.640	8.715	7.670	9.420	8.147
41	8.410	9.760	8.405	7.825	8.865	9.000	8.355	7.785	7.840	8.472
42	9.315	10.690	7.740	6.555	8.015	8.255	6.375	8.355	10.570	8.430
43	8.015	11.380	6.650	6.410	7.350	10.000	8.890	8.115	8.795	8.401
44	9.925	7.180	9.125	7.905	7.045	8.685	7.785	7.735	8.270	8.184
45	9.420	12.120	7.975	9.265	8.775	10.160	9.705	8.320	9.105	9.427
46	9.135	10.665	8.065	6.530	6.305	8.445	6.695	9.040	8.470	8.150
47	8.605	8.980	8.095	6.105	7.395	10.495	9.025	8.450	8.150	8.367
48	9.330	9.770	8.345	6.750	8.540	10.925	7.215	4.155	8.630	8.184

49	7.045	10.880	7.520	7.065	6.895	9.520	8.585	8.815	8.515	8.316
50	7.070	8.345	7.835	7.305	7.635	8.280	7.365	6.800	8.345	7.664
51	8.950	10.565	9.550	8.075	8.090	11.245	9.040	6.895	9.385	9.088
52	9.095	7.660	6.320	7.555	6.590	9.290	8.795	7.885	7.550	7.860
53	9.225	7.680	8.235	8.025	8.770	10.500	7.825	8.355	8.905	8.613
54	10.070	11.685	9.225	8.560	9.755	9.640	8.400	7.525	8.585	9.272
55	8.695	10.270	6.945	9.110	10.220	9.310	11.580	10.185	10.490	9.645
56	10.160	10.275	8.050	7.660	7.385	8.820	8.370	7.685	8.045	8.494
57	10.680	9.350	8.560	7.575	7.985	6.534	7.650	7.530	8.455	8.258
58	8.790	10.400	8.790	8.965	8.860	8.870	7.615	8.855	9.440	8.954
59	9.595	9.480	9.120	7.815	8.295	10.795	8.515	9.920	6.635	8.908
60	8.835	10.690	8.685	7.560	9.350	9.635	8.440	10.115	8.595	9.101
61	8.185	9.590	8.605	7.195	7.405	8.450	9.305	7.450	8.915	8.344
62	8.410	8.510	8.245	7.980	7.805	7.880	8.080	8.370	8.550	8.203
63	9.700	10.310	8.955	8.175	7.815	10.175	7.925	8.185	8.965	8.912
64	7.925	10.350	7.865	7.830	9.475	9.855	7.910	9.980	9.015	8.912
65	9.880	9.530	9.300	8.580	8.710	11.750	8.470	9.415	9.000	9.404
66	10.235	9.535	7.865	7.985	10.310	11.145	9.290	10.015	9.710	9.566
Média	8.952	9.617	8.004	7.181	8.056	9.832	8.499	8.885	9.062	8.677