

**Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”**  
**Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, campus de**  
**Jaboticabal/SP**

**INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO vs LOCAIS, ANOS E**  
**ÉPOCAS DE SEMEADURA**

**Rodolfo Buzinaro**  
**Engenheiro Agrônomo**

**2014**

**Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”**

**Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, campus de  
Jaboticabal/SP**

## **Interação de Genótipos de Milho vs Locais, Anos e Épocas de Semeadura**

**Rodolfo Buzinaro**

**Orientador: Profº Dr. Gustavo Vitti Mõro**

**Coorientador: Profª Dr. Fabíola Vitti Mõro**

**Dissertação apresentada na Faculdade  
de Ciências Agrárias e Veterinárias –  
UNESP, Campus de Jaboticabal, como  
parte das exigências para a obtenção  
do título de Mestre em Agronomia  
(Genética e Melhoramento de Plantas)**

**2014**

Buzinaro, Rodolfo

B992i Interação de Genótipos de Milho vs Locais, Anos e Épocas de Semeadura /  
Rodolfo Buzinaro. -- Jaboticabal, 2014

x, 56 p. : il. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências  
Agrárias e Veterinárias, 2014

Orientador: Gustavo Vitti Môro

Banca examinadora: Rinaldo César de Paula, Bruno Éttori Pavan

Bibliografia

1. Caracterização ambiental. 2. Interação G x A. 3. Métodos de estratificação. 4.  
*Zea mays*. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.15

## DADOS CURRICULARES DO AUTOR

**Rodolfo Buzinaro** – filho de Silvana Buzinaro nasceu em 03 de março de 1988 na cidade de Barretos, estado de São Paulo. Ingressou em 2007, no curso de Engenharia Agrônoma na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária – UNESP, campus de Jaboticabal/SP. Obteve o título de Engenheiro Agrônomo em dezembro de 2011.

Em 2012 ingressou no curso de mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas na mesma instituição da graduação. Durante o período de mestrado foi bolsista da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). Obteve o título de mestre em Genética e Melhoramento de Plantas em 25 de fevereiro de 2014. Em março de 2014 ingressou no curso de doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas na mesma instituição, prosseguindo em seus trabalhos com a cultura do milho.

*Nenhuma alta sabedoria pode ser alcançada  
sem uma dose de sacrifício.*

*(LEWIS, 1898)*

## **DEDICO**

*A minha mãe, Silvana Buzinaro, por todo carinho, apoio, paciência,  
conselhos, incentivo e confiança em mim.*

## **OFEREÇO**

*Aos meus familiares e amigos, em especial minhas tias Silvanira L. Buzinaro e  
Silvanete Buzinaro, pessoas fundamentais na minha vida.*

## AGRADECIMENTOS

À Deus, pela força para lidar com as dificuldades encontradas e por me guardar sempre minha vida cheia de graças e de pessoas maravilhosas.

Ao Professor Dr. Gustavo Vitti Môro, pela orientação no meu curso de mestrado, pela confiança e pela convivência agradável, permitindo-me compartilhar um pouco de sua grande sabedoria.

Aos Professores Dr. Domingos Fornasieri Filho e Professor Dr. João Carlos de Oliveira, que gentilmente aceitaram meu convite para participar da banca examinadora de qualificação; e ao Professor Dr. Rinaldo César de Paula e Bruno Éttori Pavan, que aceitaram meu convite para participar da banca geral de defesa do curso de mestrado.

A minha mãe Silvana Buzinaro pela educação, pelo amor e pela contribuição na minha formação pessoal e intelectual, ajudando-me a superar todos os obstáculos.

Às minhas tias, aos meus tios, aos meus primos e primas, demais familiares e a todos que de alguma forma contribuíram para que eu alcançasse meus objetivos.

À Lourdes de Oliveira Villar, grande amiga da família pela consideração, apoio e incentivo.

Ao Rafael Parras e à Silviane de Santiago, eterno amigos, eu agradeço pela confiança, fidelidade e companheirismo, mesmo estando distantes.

Aos meus amigos de Barretos Ludmila Carla Batista Augusto, Pedro H. Serradela, Michel Vinagre, Vinicius Serrano Mello, Helbert Minuncio Pereira Gomes,

Claudio Luiz Ubeda Jr., Lethenye Souza Oliveira e Paulo Bianchini pela longínqua e confiante amizade.

Aos meus amigos acadêmicos Kauê Sharnai, Lucas Tadeu Mazza Revolti, Bruno Val, Bruna Andreosi Galoppini, Elise de Matos, Lívia de Matos, Tallyta Silva, Fabiana Motta, Marcela Marconato, Felipe Salazar e Maria Fernanda Paiva pelo apoio nas horas felizes, nas tristes, nas brigas, por estarem sempre juntos comigo.

Aos amigos de republica Só-Kzona (Futura Só Paixão) Marcelo Moretto e Romeu M. Santos pelas risadas, pelas conversas jogadas foras e pelo convívio dia-a-dia com pessoas loucas que tentam viver entre nós!

A Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – Campus de Jaboticabal pela realização da minha formação.

A CAPES pelo auxílio financeiro no decorrer do curso de mestrado e do projeto.

A todos os Professores, Colegas e Funcionários do Departamento de Produção Vegetal da FCAVJ, em especial Mauro Augusto Volpe que mesmo aposentado nunca se esqueceu de mim e a todos que de alguma forma foi responsável por tornarem a realização das atividades uma tarefa agradável.

Aos docentes da faculdade que compartilharam um pouco de seus conhecimentos para meu aprendizado e formação acadêmica. Em especial ao Prof. Dr. Rinaldo César de Paula pelas dicas, conversas, conselhos e ajudas.

A todos meu sincero OBRIGADO.



## SUMÁRIO

RESUMO.....	II
ABSTRACT.....	III
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. A Origem, Expansão e Importância do Milho .....	3
2.2. Cultivo e Fatores que Influenciam na Produtividade do Milho.....	6
2.3. Melhoramento da Cultura do Milho .....	9
2.4. Interação de Genótipos com o Ambiente (G x A) .....	10
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	16
3.1. Material Genético .....	16
3.2. Ambientes .....	16
3.3. Características Agronômicas Avaliadas .....	17
3.4. Análise Estatística .....	18
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	21
5. CONCLUSÕES.....	35
6. REFERÊNCIAS .....	36

## INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO vs LOCAIS, ANOS E ÉPOCAS DE SEMEADURA

**RESUMO** - O objetivo desta pesquisa foi avaliar a interação G x A e seu desdobramento em parte simples e complexa, a fim de estudar quais os melhores locais e épocas de semeadura para avaliação de genótipos de milho, quanto à produção de grãos nas cidades de Jaboticabal-SP e Campo Alegre de Goiás-GO. Foram conduzidos quatro experimentos no delineamento de blocos casualizados com três repetições e 17 genótipos sendo 13 sintéticos experimentais, três variedades e um híbrido comercial. Foram avaliadas duas épocas de cultivo para cada local. A estratificação ambiental foi mensurada pelo método tradicional de Lin (1982) e a dissimilaridade ambiental foi estimada pelo método de Cruz e Castoldi (1991), além da correlação de Pearson entre os pares de ambientes. Os resultados demonstraram que houve discordância entre os métodos utilizados. Nos programas de melhoramento, devem-se priorizar avaliações em anos e locais distintos, em detrimento de épocas de semeadura diferentes, a fim de discriminar os melhores genótipos e fazer as recomendações precisas dos mesmos.

**Palavras-chave:** Caracterização ambiental, Interação G x A, Métodos de estratificação, *Zea mays*

## MAIZE GENOTYPES INTERACTION vs LOCATIONS, YEARS AND SOWING DATES

**ABSTRACT** - This work aims to evaluate the G x E interaction and its unfolding in simple and complex part, in order to study the best locations and sowing dates for evaluation of genotypes grain yield of maize, at Jaboticabal-SP and Campo Alegre de Goiás-GO. Four experiments were carried out in randomized blocks design with three replications and 17 genotypes where 13 are experimental synthetic, three varieties and a commercial hybrid. Two seasons of cultivation were evaluated for each location. Environmental stratification was measured by the traditional method of Lin (1982) and the dissimilarity has been estimated by the method of Cruz & Castoldi (1991), in addition to the Pearson correlation coefficient between environments pairs. The results showed that there was disagreement between the methods used. Breeding programs must prioritize evaluations in years and locations to the detriment of different sowing dates in order to discriminate the best genotypes and make precise recommendations.

**KEYWORDS:** Environmental characterization, G x E interaction, Stratification methods, *Zea mays*

## 1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma cultura de grande importância, ocupando posição de destaque tanto em pesquisas científicas quanto na economia mundial, sendo o Brasil um dos maiores produtores, produzindo aproximadamente 75,5 milhões de toneladas e produtividade média nacional acima de 5100 kg· ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2014).

Essa elevada produção e produtividade se dá graças aos programas de melhoramento genético de plantas, que disponibilizam genótipos melhorados com alta adaptabilidade a diferentes condições climáticas (CRUZ e CASTOLDI, 1991).

A obtenção de genótipos com características agronômicas desejáveis depende da capacidade do melhorista em escolher parentais que atendam os requisitos do programa de melhoramento, a fim de explorar ao máximo as combinações genéticas (POEHLMAN e SLEPER, 1995). Essas combinações, por sua vez, permitem a obtenção de genótipos capazes de utilizar eficientemente os nutrientes do solo, a energia solar e outros fatores ambientais, resultando em maior produtividade. Assim, o melhoramento sempre foi um fator decisivo para se alcançar elevada produtividade agrícola (ALLARD, 1971).

Os melhoristas têm utilizado diversas populações como fontes para a obtenção de progênies endogâmicas. Como destaque, temos a autofecundação de híbridos comerciais, que visa aproveitar a elevada concentração de alelos favoráveis nesses materiais. Contudo, em longo prazo, isto causa impacto negativo no programa de melhoramento devido à redução da base genética (NUNES et al., 2002).

Uma alternativa para isso é a utilização de variedades sintéticas como fonte para obtenção dessas progênies, mantendo ampla base genética nos programas de melhoramento e garantindo a continuidade do programa em longo prazo (NUNES et al., 2002).

Segundo Nunes (2002), a principal maneira de estudar o comportamento de variedades sintéticas é por meio de experimentos instalados em diferentes anos,

locais e épocas de semeadura para caracterizar regiões favoráveis ao cultivo e identificar as interações entre os genótipos com o ambiente entre os genótipos vs anos, genótipos vs locais, anos vs locais e genótipos vs locais vs anos. A partir dos resultados obtidos, consegue-se identificar os genótipos que apresentam melhor adaptabilidade e estabilidade.

De acordo com Chaves (2001), a interação do genótipo com o ambiente, pode ser definida como sendo o efeito diferencial dos ambientes sobre os genótipos. Em sentido oposto, resulta da resposta diferencial dos genótipos em relação à variação ambiental. De modo prático, a interação entre genótipo com o ambiente representa a capacidade do genótipo em exibir seu desempenho em determinado ambiente de cultivo ao longo do ano. (BIUDES, 2007).

O genótipo ideal seria uma cultivar altamente produtiva, com adaptabilidade ampla e estável, independentemente da época de semeadura. Entretanto, este fato é de limitada ocorrência, fazendo-se necessário o estudo do comportamento de genótipos em diferentes anos, locais e épocas de semeadura (RAMALHO et al., 1993).

Considerando estes aspectos e frente às expectativas de variabilidade ambiental existente entre a cidade de Jaboticabal – SP e Campo Alegre de Goiás – GO, o presente trabalho objetivou:

- a) Avaliar a presença de interação genótipo com o ambiente (G x A);
- b) Desdobrar a interação em parte simples e complexa;
- c) Identificar possíveis homogeneidades entre os ambientes de avaliação de ensaios.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. A Origem, Expansão e Importância do Milho

O milho é um dos cereais mais antigos sendo consumido desde a era das antigas civilizações como os Maias, os Incas e os Astecas. Através de estudos, escavações arqueológicas e geológicas e, com base em medições por desintegração radioativa, foi determinado que o milho era cultivado há pelo menos 5.000 anos. Através dos estudos constataram também que sua origem é mexicana, segundo Udry et al. (2000), relatando sobre a origem do milho na América central.

Na comunidade científica ha inúmeras discussões a respeito do milho, o qual não se apresentava associado a nenhuma outra espécie selvagem que pudesse ser considerada como seu ancestral (DOEBLEY, 1990). Experimentos realizados no início do século XX revelaram que o teosinte e milho podiam se cruzar com muita facilidade tendo como resultado progênies férteis. Com o auxílio de pesquisas laboratoriais foi possível analisar a constituição genômica de ambos os indivíduos e constatar grandes semelhanças entre ambos. Com isso, os diferentes tipos de teosintes foram renomeados e incluídos dentro do gênero *Zea* (REEVES; MANGELSDORF, 1942).

Atualmente é aceita a hipótese que o milho é descendente do teosinte, apesar de o teosinte ser muito distinto do milho (ALMEIDA, 2003).

A cargo dos povos antigos da América central se deu o início da domesticação e seleção dos melhores tipos de milho. Quando os europeus chegaram às Américas, em meados de 1492, encontraram os mais diversificados tipos de milho domesticados e cultivados pelos povos locais (UDRY et al., 2000).

Após o descobrimento, o milho foi levado para a Europa onde de início era tipicamente usado para decorações em jardins. Assim foi até que seu valor nutritivo foi descoberto. A partir de então, a cultura passou a ser cultivada em larga escala comercial, espalhando-se para os demais países europeus e para o mundo (UDRY et al., 2000).

De acordo com as necessidades, houve mudanças nas variedades e nos métodos de cultivo com o passar do tempo, o que permitiu melhorias ao desenvolvimento da cultura, obtendo genótipos com diferentes características, direcionadas para alimentação humana ou animal (UDRY et al.,2000).

Para o índio brasileiro, o milho teve grande importância quanto ao caráter sagrado, como relatado por Fernandes (2004) em uma lenda sobre a cultura, que contava o seguinte:

*“Segundo uma lenda guarani, dois guerreiros depois de uma caçada em vão não obtiveram nenhum tipo de alimento para alimentar suas famílias, então, um grande espírito Nhandeïara disse a eles que só uma luta mortal entre eles traria a solução da fome. O vencedor seria enterrado ali mesmo e da sua sepultura nasceria uma planta que alimentaria toda a tribo. Então, os dois índios lutaram até a morte e Avati foi derrotado. Da sua sepultura nasceu uma planta, um pé de milho, denominado avati no idioma tupi.”*

O milho é uma gramínea anual classificada taxonomicamente como *Zea mays* L. O gênero *Zea* tem como ancestral comum silvestre o teosinte (MACHADO; PATERNIANI, 1998). As duas espécies possuem aparência diferente, pois o milho apresenta apenas um pedúnculo alto e com múltiplas folhas e o teosinte é uma planta curta e frondosa (DOEBLEY, 1990).

A planta de milho possui haste e colmos cilíndricos onde se encontram os nós, que são estruturas compactas de onde se manifestam as folhas. Os nós abaixo do solo produzem raízes, enquanto que os encontrados ao nível do solo ou pouco acima podem produzir perfilhos e raízes adventícias (FORNASIERI FILHO, 2007).

O milho é uma planta monóica e apresenta fecundação cruzada, com estruturas de reprodução bem distintas. As folhas são inseridas á partir dos nós e pode permanecer no estado rudimentar ou se modificar, formando a inflorescência feminina (espiga). O colmo é compacto e tem como terminação a inflorescência masculina (pendão) (FORNASIERI FILHO, 2007).

A importância econômica do milho é caracterizada pelas diversas formas de sua utilização, que se estende desde a alimentação animal até a indústria e ao comércio. Na realidade, o uso do milho em grão como alimentação animal representa a maior parte do consumo desse cereal, isto é, cerca de 70% de tudo

produzido no mundo. Nos Estados Unidos, cerca de 50% da produção é destinada à alimentação animal, enquanto que no Brasil essa porcentagem varia de 60 a 80%, dependendo da fonte da estimativa e de ano para ano (CONAB, 2014).

Por esses motivos, a cultura do milho possui lugar de destaque na agricultura, não só pelo grande progresso no acúmulo de conhecimentos técnico-científicos, mas também pelo elevado valor econômico (PATERNIANI; CAMPOS, 2005).

O milho, atualmente, é o segundo cereal mais importante no mundo, ficando atrás do trigo e a frente do arroz. O Brasil ocupa o quarto lugar entre os principais países produtores desses outros dois cereais (RIBEIRO, 2011).

A produção de milho no Brasil, na safra 2013/14, foi de 75,5 milhões de toneladas, em uma área de aproximadamente 15 milhões de hectares, referente a safra e a safrinha, com rendimento médio de cinco toneladas por hectare. As principais regiões brasileiras produtoras são o centro-oeste e sudeste. O sul é a região que apresenta maior rendimento por hectare, seguido pelas regiões norte e nordeste (CONAB, 2014).

Suas boas características fisiológicas proporcionam alto potencial produtivo à cultura. Contudo, Andrade (1995) ressalta que, mesmo com seu elevado potencial produtivo, o milho apresenta acentuada sensibilidade a fatores bióticos e abióticos, fazendo com que seu cultivo seja criteriosamente planejado e manejado de forma que favoreça a capacidade produtiva dos genótipos.

Segundo a Secretaria de Estado da Agricultura e do Abastecimento, SEAB, o Brasil é o terceiro maior produtor de milho do mundo, ficando atrás dos Estados Unidos da América e da China, primeiro e segundo maiores produtores mundiais, respectivamente. No ranque mundial, atrás do Brasil estão a União Européia, a Argentina e a Ucrânia.

Ainda, segundo dados desta mesma secretaria, os principais países consumidores do grão são os próprios Estados Unidos e China, seguidos pela União Européia, Brasil e México (YAGUSHI, 2012).

Graças aos programas de melhoramento, ano após ano, novos genótipos são desenvolvidos. A cada fase do Programa de Melhoramento, o número de genótipos diminui, devido à seleção dos genótipos mais produtivos e promissores. Em contra partida, o número de locais de avaliação aumenta, a fim de se obter um grupo seletivo



de genótipos com melhores desempenhos e características agronômicas desejáveis (RIBEIRO, 2011).

## **2.2. Cultivo e Fatores que Influenciam na Produtividade do Milho**

Mota (1983) levando em consideração a escolha da época de semeadura relata que ela deve ser cuidadosamente escolhida, pois diversos fatores como o estresse hídrico e o fluxo de absorção de água são afetados, refletindo no desenvolvimento das plantas.

A escolha da época de semeadura é feita em função de fatores cujos limites extremos são variáveis entre as diferentes regiões agroclimáticas (CRUZ et al., 2006).

A determinação da melhor época de semeadura em função das necessidades da cultura foi, e é objeto de estudos realizados por diversos pesquisadores que evidenciaram a necessidade de se trabalhar, em termos de manejo, com a relação funcional entre fenologia e graus-dia (RIBEIRO, 2011).

Para Bergamaschi et al. (2006) os estudos relacionados a épocas de semeadura sevem para determinar adaptação dos genótipos aos períodos críticos; determinar a deficiência hídrica; analisar os períodos de maior necessidade de água para a elaboração dos zoneamentos agrícolas; determinar épocas de aplicação de fertilizantes; classificar genótipos quanto à precocidade e o manejo de pragas.

As diferenças entre os anos e locais de cultivo podem afetar o comportamento dos genótipos em função do efeito de interação genótipo x ambiente. A ocorrência dessa interação é de grande importância para os programas de melhoramento, cabendo ao melhorista avaliar e quantificar a grandeza e a significância dos efeitos dessa interação a fim de adotar estratégias que permitam minimizá-la ou aproveitá-la (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Para Silva (2008), um material é considerado ideal quando apresenta elevada média de rendimento e baixo grau de flutuação em seu desempenho, quando cultivado sob diversas condições ambientais. O autor ressalta também que em

casos restritos é interessante identificar genótipos adaptadas a ambientes específicos.

Assim, as respostas diferenciadas dos genótipos à variabilidade ambiental, ou seja, à interação genótipo e ambiente, significam que os efeitos genotípicos e ambientais não são independentes entre si. Daí a importância de conhecer a época de plantio, analisando todo o ciclo da cultura a fim de procurar prever as condições ambientais em todas as fases de desenvolvimento da cultura (SANS; GUIMARÃES; 2009).

O período de crescimento e desenvolvimento é afetado pela umidade do solo, temperatura, radiação solar e fotoperíodo. A época de plantio é subordinada a tais fatores, cujos limites extremos são variáveis entre as diferentes regiões agroclimáticas. A época de semeadura mais adequada é aquela em que conhece o período de floração com os dias mais longos do ano, enquanto que para o enchimento de grãos o período deve conhecer em épocas de temperaturas mais elevadas e alta disponibilidade de radiação solar, desde que as necessidades de água pela planta sejam adequadas (CRUZ et al., 2006).

Ainda, segundo Cruz et al. (2006), a época de semeadura, afeta várias características da planta, podendo ocorrer um decréscimo mais acentuado no número de espigas por planta e no rendimento de grãos, mas isso pode ser revertido se não houver *déficit* hídrico e se ocorrer uma redução na temperatura do ar.

Os ganhos no rendimento e na qualidade dos genótipos são resultados dos acumulados conhecimentos científicos originados dos diversos programas de melhoramento genético, principalmente sobre trabalhos de estabilidade fenotípica e adaptabilidade de plantas. As técnicas utilizadas nessas análises permitiram um aumento dos ganhos genéticos, propiciados a alocação de genótipos nos vários ambientes (LAVORANTI, 2003).

Entre os fatores bióticos, as doenças se destacam por causar danos na germinação de sementes, bem como em sua emergência e no estabelecimento das plantas (DURÃES et al., 2004).

No Brasil, muitas doenças relacionadas com a germinação de sementes, podridões do colmo e da espiga, e doenças foliares causadas por fungos são relatadas em milho (PINTO; FERNANDES; OLIVEIRA, 1997; PEREIRA, 1997),

sendo que a região sul é a principal área de ocorrência da maioria delas (CASA et al., 2000). Também, nos órgãos aéreos do milho, se destaca o enfezamento, doença transmitida pela cigarrinha (*Dalbulus maidis*) (DURÃES, 2007), enquanto que fungos são os principais patógenos envolvidos nas podridões do colmo (CASA et al., 2007).

Durante a germinação a semente de milho pode ser atacada por fungos do solo ou por aqueles associados à semente, trazendo como resultado o apodrecimento da semente ou a morte da plântula, causando desuniformidade e conseqüentemente baixa na população. Os danos causados nesta fase refletem no rendimento final de grãos (REIS; CASA; BRESOLIM, 2004).

Os rendimentos alcançados nas lavouras são, geralmente, menores do que aqueles obtidos em condições experimentais. Para esta atividade existem diversos fatores que precisam ser previstos como as variações climáticas e suas interferências no desenvolvimento e na produtividade da cultura (RIBEIRO, 2011).

As variações de rendimento de grãos entre épocas de semeadura e entre anos estão altamente relacionadas às diferenças observadas em determinados fatores (MUNDSTOCK; SILVA, 2006). Esses fatores podem ser compreendidos como estádios de desenvolvimento, duração das fases fonológicas da cultura, que por sua vez podem variar de acordo com as regiões, anos, data de semeadura e variações climáticas (COSTA et al., 1999).

A ampla variabilidade genética do milho favorece o desenvolvimento de genótipos adaptados às mais diversificadas condições ambientais, necessitando então, a identificação e a seleção de genótipos superiores, e também, o desenvolvimento técnicos e práticas de cultivo mais adequadas (RIBEIRO, 2011).

Somado a isso, temos a necessidade do conhecimento sobre a influência efetiva dos fatores que determinam o desempenho da planta, contribuindo de forma categórica para a minimização dos estresses de naturezas diversas (SANS; MORAIS; GUIMARÃES, 2006)

De forma geral, o fator clima é o que mais influencia sobre a cultura do milho. O regime de chuvas é o que mais delimita, pois afeta também, indiretamente, as taxas de radiação solar. Por razões econômicas, o milho tem sido semeado no período chuvoso, devido à alta demanda de água para garantir uma produção satisfatória sem irrigação (SANS; MORAIS; GUIMARÃES, 2006). Ainda, os autores

complementam que sucesso na produção de milho está relacionado diretamente com a época de semeadura. Assim quanto mais eficiente for o planejamento das atividades relacionadas, maior será o sucesso com a produtividade.

Outros fatores que afetam a produtividade são os chamados ambientais primários, compreendidos com sendo a latitude, a altitude, a topografia, a textura do solo e a própria composição do solo, fatores estes que exercem ação indireta sobre a cultura. Os outros fatores ambientais são chamados de secundários e podem ser compreendidos como sendo a radiação solar, comprimento do dia, a temperatura, a água no solo, a aeração do solo e os minerais presentes no solo, fatores estes que são de ação direta, pois, afetam os processos fisiológicos e conseqüentemente, o rendimento da cultura (RIBEIRO, 2011). Portanto, a capacidade produtiva da cultura é o resultado da interação de muitos fatores com o genótipo (FLOSS; FLOSS, 2008).

### **2.3. Melhoramento da Cultura do Milho**

Antes de se iniciar um programa de melhoramento, muitas decisões devem ser tomadas, dentre elas a de maior importância é a escolha da população base que dará origem, quando cruzadas, a novas variedades ou mesmo híbridos mais produtivos, com melhores características agrônômicas (PATERNIANI, 1969).

As pesquisas na área de melhoramento visando o desenvolvimento de híbridos no Brasil começaram em 1932. O primeiro híbrido duplo foi lançado somente em 1946 e o primeiro híbrido simples em 1952 (FANCELLI, 1994).

Passível de ser produzido em quase todo o território brasileiro e nas mais diferentes regiões e sistemas de produção, muitos programas de pesquisa e melhoramento da cultura do milho no Brasil se concentram na região centro-sul. As unidades de produção de híbrido de milho também se instalaram nessas regiões, pois tais locais permitem a obtenção de duas safras por ano aumentando a capacidade de produção de sementes (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Os programas atuais de melhoramento de milho têm como objetivo o aumento da produtividade, o aumento da tolerância aos estresses bióticos, causado por pragas e doenças, maior número de plantas por área, maior resistência ao acamamento e uma melhor qualidade dos grãos. Alguns programas visam outras

características além destas, como a obtenção de tipos especiais de milho com alta qualidade nutricional, pipoca, verde, doce e com maior teor de óleo (SOUZA JÚNIOR, 2001).

As populações de variedades sintéticas são amplamente utilizadas, sendo obtidas da qualquer população de polinização aberta passando por seleção artificial, segundo HAYES; GARBER, (1919). Para LONNQUIST (1967) o termo variedades sintéticas refere-se a uma população de polinização aberta, derivada do inter cruzamento de linhas puras e que, após a obtenção das sementes do inter cruzamento, são cultivadas pelo método de seleção massal a partir de plantios isolado. Essas variedades sintéticas possuem base genética ampla permitindo ao melhorista explorar a diversidade genética existente na população.

#### **2.4. Interação de Genótipos com o Ambiente (G x A)**

Shelbourne em 1972 descreveu a interação genótipo x ambiente (G x A) como sendo a alteração no desempenho dos genótipos em virtude da variação ambiental (BORÉM, 1998).

Considerando um caráter, o fenótipo do indivíduo será formado pela constituição genética do genótipo (G) com o efeito do ambiente (A) e da interação dos efeitos dos genótipos com ambientes (G x A) (COIMBRA et al., 1999).

A interação ocorre porque os genótipos não apresentam desempenho consistente nos vários ambientes, como afirma Patiño-Valera (1986), assim, a melhor população ou indivíduos em um determinado ambiente não serão necessariamente os melhores em outros ambientes. Assim, a interação G x A é um fator altamente importante, pois está relacionado às grandes culturas como, por exemplo, o feijão, a soja, o milho, entre outras culturas de interesse econômico, que são cultivadas em diferentes ambientes (COIMBRA et al., 1999).

O genótipo é representado pela constituição genética do indivíduo, em relação aos caracteres. Com o cruzamento, passam para seus descendentes suas características, através dos genes. O ambiente, por sua vez, constitui um conjunto

de fatores ou condições onde os organismos se desenvolvem (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Allard; Bradshaw (1964) descrevem os fatores causadores da interação G x A e os classificam como previsíveis e não previsíveis.

Os fatores previsíveis são aqueles que ocorrem de forma sistemática no ambiente os quais podem ser compreendidos como fatores permanentes do ambiente tal como o tipo de clima, o tipo de solo e outros aspectos influenciados pelas decisões dos agricultores, como época de semeadura, o espaçamento entre fileiras, a densidade de população de plantas, a taxa de aplicação de nutrientes entre outros. Esses fatores podem ser avaliados individual ou coletivamente por suas interações com genótipos.

Os fatores imprevisíveis são aqueles que ocorrem aleatoriamente em uma mesma região tal como a distribuição das chuvas e as variações de temperatura (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

Estudos da interação de genótipo com o tipo de solo, de genótipo com espaçamento, de genótipo com a época de semeadura, têm sido realizados por diversos autores como Costa et al., (1999), CARVALHO et al. (2002), Pereira et al. (2010) entre outros.

As causas das interações são atribuídas aos fatores fisiológicos e bioquímicos específicos de cada genótipo cultivado. Como os genótipos se desenvolvem em sistemas com constantes mudanças, desde a semeadura até a maturação, existe geralmente um comportamento diferenciado dos genótipos em termos de resposta às variações ambientais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Para detectar a interação, os diferentes genótipos devem ser avaliados em ambientes contrastantes, onde a situação mais confortável é aquela onde a interação é ausente. Isso ocorre quando os genótipos apresentam comportamentos concordantes em todos os ambientes (MONTALVÁN; MONTAÑO-VELASCO 1999). Vencovsky e Barriga (1992), analisando dados referentes à cultura do milho, feijão e mandioca, verificaram que apenas uma pequena parcela da interação é dessa natureza.

As interações podem ainda ser classificadas de duas formas, sendo uma como de natureza simples e a outra de natureza complexa.

A de natureza simples ocorre quando não ocorre alteração das posições relativas dos genótipos avaliados dentro de um conjunto de ambientes tomados dois a dois. A complexa por sua vez, ocorre quando a correlação entre o desempenho dos genótipos nos ambientes em estudo é baixa, fazendo com que a posição relativa dos genótipos seja alterada em virtude das diferentes respostas às variações ambientais (ROBERTSON, 1959).

Por esse motivo, Cruz (2005) ressalta que é de fundamental importância avaliar as magnitudes das interações, pois tal conhecimento irá direcionar o planejamento, permitindo delinear estratégias de melhoramento para a recomendação de cultivares quanto à questão de estabilidade fenotípica e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e/ou o aproveitamento da interação.

Para isso, Bondari (2003) coloca que os genótipos devem ser testados em uma ampla gama de ambientes de maneira a minimizar a variância ambiental pelo controle do ambiente e alocação aleatória dos genótipos nas diversas condições ambientais. Já para Cruz; Regazzi; Carneiro (2004) deve-se procurar particularizar as respostas de cada genótipo diante das variações ambientais, com a finalidade de identificar genótipos com adaptabilidade ampla ou específica.

O conhecimento dos aspectos relacionados com a interação  $G \times A$  permite a identificação de genótipos com adaptação ampla ou específica, a escolha de locais de seleção mais adequados e a determinação do número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados nas fases de seleção de plantas (FOX et al., 1997).

Ceccarelli (1989) diz que o comportamento de um genótipo exposto a uma gama de ambientes pode ser classificado em quatro grupos. O primeiro é composto por genótipos com elevada produtividade média e baixa interação  $G \times A$ , considerados com ampla adaptação; o segundo é composto por genótipos com elevada produtividade média e alta interação, considerados responsivos; o terceiro é composto por genótipos com reduzida produtividade e baixa interação  $G \times A$ ; e por fim o quarto é composto por genótipos com reduzida produtividade e elevada taxa de interação  $G \times A$ .

A identificação de genótipos específicos para cada ambiente, o zoneamento ecológico e a identificação de genótipos com maior estabilidade fenotípica são

opções para se trabalhar com a interação G x A (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

A presença de interação G x A obriga o melhorista a realizar estudo detalhados do comportamento dos genótipos em estudo e dos ambientes utilizados (MURAKAMI; CRUZ, 2000).

Uma ampla variedade de métodos estatísticos foram propostos para analisar a interação G x A (BONDARI, 2003). Cruz (2006) infere que existem vários procedimentos estatísticos baseados em técnicas biométricas com as mais diversas finalidades dentro de um programa de melhoramento genético de plantas. De forma geral, esses procedimentos podem ser úteis na interpretação de fenômenos biológicos com ênfase na genética, na orientação de estratégias de melhoramento, na identificação de indivíduos a serem selecionados e nos estudos de otimização de características de interesse agrônomo.

Depois de mensurada a interação G x A, várias metodologias estão disponíveis para uma análise detalhada. Segundo Cruz; Regazzi (1997) a escolha de um método depende dos dados experimentais, relacionados com o número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e do tipo de informação desejada.

O processo tradicional de investigação da interação G x A é através da análise de variância conjunta entre grupos de experimentos. Dessa maneira, Vencovsky e Barriga (1992) citam que a ocorrência de interação G x A significativa tem sido atenuada por meio de algumas medidas como identificar genótipos específicos para cada ambiente, originar subdivisões de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes de tal modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes.

Dentre essas medidas, a opção mais utilizada tem sido a de promover a subdivisão de áreas heterogêneas e então, selecionar genótipos específicos para essas sub-regiões (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993; CRUZ; REGAZZI, 1994).

O processo de estratificação ambiental consiste na subdivisão de regiões heterogêneas em sub-regiões mais uniformes, onde se elimina qualquer interação G x A significativa ou, em outras situações, uma interação significativa com



predominância de porção simples, que não comprometa a recomendação de cultivares (OLIVEIRA et al., 2005).

A estratificação de uma região permite, além da identificação e recomendação de genótipos superiores em cada estrato, selecionar e eliminar locais redundantes na rede de experimentos, uma vez que a escolha da rede de ambientes para tais avaliações, em cada estado, é subjetiva ou, em muitas vezes, influenciada por fatores que não são relacionados com aspectos da cultura (VENCOVSKY; CRUZ; SILVA, 1990).

Assim, o programa de melhoramento passa a ter uma melhor alocação de recursos genótipos e técnicos, além de uma maior possibilidade de sucesso na identificação dos genótipos, pela utilização de locais mais divergentes. Com a economia de pontos de teste, o programa pode investir no aumento do número de genótipos a serem avaliados ou na inclusão de novos locais de teste, que possam trazer mais informações à avaliação da interação  $G \times A$  (FELIPE; DUARTE; CAMARANO, 2010).

A metodologia mais utilizada e tradicional é proposta por Lin (1982), que estima a soma dos quadrados para a interação entre genótipos e pares de ambientes e, após, agrupar os ambientes cuja interação é não significativa, pelo teste F, que avalia a possibilidade de inclusão de um terceiro ambiente em um determinado grupo (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2004).

Segundo estes autores, a formação do grupo inicial ocorre entre os pares de ambientes com menor índice de dissimilaridade ou menor soma de quadrados da interação genótipos x pares de ambientes. O método realiza também a estimação da soma de quadrados entre genótipos e grupos de três ambientes e assim, sucessivamente, agrupando apenas os ambientes cujas interações sejam não significativas.

O método de dissimilaridade ambiental leva em consideração a capacidade de representatividade dos ambientes. Segundo Griffing (1956), pode ainda ser obtida utilizando-se as medidas de dissimilaridade entre pares de ambientes. Cruz (2006) assegura que é possível discriminar genótipos através da avaliação do padrão de dissimilaridade de diferentes ambientes, permitindo, por exemplo, inferir

quais os ambientes mais adequados à seleção inicial (TERASAWA JUNIOR; VENCOVSKY; KOEHLER, 2008).

As medidas de dissimilaridade ou similaridade entre os ambientes estudados são utilizadas para estabelecer o agrupamento dos ambientes (LIN; BINNS; LEFKOVITCH, 1986). Alguns exemplos dessas medidas são a correlação de Pearson e o quadrado médio da interação genótipo x pares de ambientes - QMGxAij' (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991), visa à decomposição da interação em partes simples e complexa. Esta metodologia procura quantificar o percentual da parte simples atuante na interação G x A, onde a posição relativa dos genótipos nos ambiente não sofra alterações relevantes em outro, ou seja, consiste em separar a interação G x A entre pares de ambientes em duas partes. A primeira, denominada simples (PS%), é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, e a segunda, denominada complexa (PC%), é proveniente da baixa correlação entre os locais em razão do desempenho irregular dos genótipos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

A ocorrência de maior parte da interação atribuída à parte simples indica que os ambientes são semelhantes, de modo a serem considerados similares os locais com percentagem simples acima de 50%. Quanto maior for a percentagem, menos informativos serão os locais, contudo, na grande maioria dos trabalhos, ocorre a predominância de interação complexa (Mendonça et al., 2007).

Garbuglio et al. (2007) detectaram que em seus experimentos com milho, que 87% dos pares de ambientes apresentaram predominância de interação complexa e destes, 56% apresentaram baixa correlações. Pacheco et al. (2008), também realizando pesquisa com a cultura do milho, encontraram 100% dos pares com predominância de interação complexa e 87% de correlações baixas. Pereira et al. (2010), trabalhando com feijoeiro comum, encontraram interação complexa em 79% e correlações com média de 17%, reforçando a existência de grandes diferenças entre os locais avaliados.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1. Material Genético**

Para as avaliações do desempenho dos genótipos e da interação G x A foram utilizados 17 genótipos de milho, dos quais 13 eram variedades sintéticas experimentais e quatro era cultivares comerciais. Os cultivares comerciais corresponderam às variedades BR-106, Ipanema e AL Bandeirante, e o híbrido simples AG7000.

As 13 variedades sintéticas foram obtidas através do cruzamento de 158 linhagens endogâmicas de híbridos comerciais e de populações do CIMMYT e EMBRAPA. Os genótipos, por sua vez, foram divididos em 13 grupos de acordo com a origem e tempo de maturação.

Em síntese, as linhagens foram semeadas para realização de cruzamentos em esquema de “sib” (*self in brothers*) em cadeia. Os cruzamentos foram realizados entre as linhagens do mesmo grupo, em todas as combinações possíveis.

Na colheita de cada progênie coletaram-se as sementes produzidas, as quais foram semeadas em 13 lotes isolados para recombinação. O isolamento foi realizado com uma distância mínima de 300 m de qualquer outro plantio de milho e/ou através de isolamento temporal de 30 dias, quando necessário. Na colheita, as espigas de todas as plantas foram coletadas e as sementes obtidas foram misturadas, obtendo-se assim as 13 variedades sintéticas experimentais.

#### **3.2. Ambientes**

Os experimentos foram instalados no município de Jaboticabal-SP e no município de Campo Alegre de Goiás, em Goiás, cujas respectivas coordenadas geográficas são : latitude -21° 15' 17" S, longitude -48° 19' 20" W e altitude de 605m; latitude -17° 37' 59" S, longitude -47° 46' 42" W, e altitude de 877m.

Os municípios de Jaboticabal e Campo Alegre de Goiás estão situados em uma região cujo clima, baseado no Sistema Internacional de Classificação de Koppen (2001), é do tipo Aw. As cidades estão situadas na zona tropical, onde a estação seca é pronunciada e o mês mais seco tem precipitações inferiores a 60 mm e a temperatura média do mês mais frio do ano acima de 18° C.

Nas estações chuvosas ocorre forte precipitação anual, com temperatura média de 29° C. O tipo de solo que ocorre nos dois locais são classificados como Latossolo Vermelho Eurófico e Latossolo Vermelho Distrófico, respectivamente.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com três repetições de cada material. As parcelas experimentais foram constituídas por quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 20 centímetros entre plantas e 90 centímetros entre linhas, resultando em uma população de 55.555 mil plantas por hectare. Para a finalidade de avaliações, foram consideradas como parcelas úteis as duas linhas centrais de cada parcela.

Os experimentos foram instalados em quatro ambientes, correspondente à safra de verão em 2009/2010 e as safrinhas de 2009 e 2010 em Jaboticabal e safrinha de 2010 em Campo Alegre de Goiás. Assim, os ambientes considerados neste trabalho correspondem a: SfJ09 - Safrinha Jaboticabal 2009; SNJ09/10 - Safra de Verão Jaboticabal 2009/2010; SfJ10 - Safrinha Jaboticabal 2010; SfGO10 - Safrinha Goiás 2010.

### **3.3. Características Agronômicas Avaliadas**

**Altura de planta (cm)** – obtida pela mensuração da distância entre o solo e a inserção da folha bandeira, com o auxílio de uma régua graduada de cinco centímetros. Foram avaliadas oito plantas de cada parcela útil, sendo quatro plantas de cada linha.

**Acamamento (em %)** – obtido pela contagem, dentro da parcela útil, o número de plantas inclinadas abaixo de 45° em relação ao solo ou mesmo tombadas. Após foi feita a conversão dos valores em porcentagem.

**Quebramento (em %)** - obtido pela contagem, dentro da parcela útil, do número de plantas quebradas abaixo da espiga principal. Após foi feita a conversão dos valores para porcentagem.

**Produtividade de grãos (kg/ha)** – obtido pelo peso médio dos grãos das duas linhas úteis da parcela. Após, os dados de produção por parcela foram extrapolados para quilogramas por hectare ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ), e a produtividade corrigida para 13% de umidade.

### 3.4. Análise Estatística

As análises estatísticas foram realizadas empregando-se o software Genes (CRUZ, 2009), realizando inicialmente uma análise de variância individual por ambiente. O modelo matemático adotado foi o de delineamento em blocos casualizados:

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

Onde:

$Y_{ij}$  - o valor observado na parcela do genótipo  $i$  no bloco  $j$ ;

$\mu$  - a média geral do experimento;

$g_i$  - efeito do  $i$ -ésimo genótipo;

$b_j$  - efeito do  $j$ -ésimo bloco;

$\varepsilon_{ij}$  - efeito do erro aleatório associado à observação de ordem  $ij$ .

Posteriormente, verificou-se a razão entre o maior e menor quadrado médio do resíduo, com a finalidade de avaliar a homogeneidade das variâncias residuais

dos experimentos. Como o valor obtido foi inferior a sete, pode-se afirmar que há homogeneidade da variância residual (PIMENTEL-GOMES, 1990; CRUZ, 2005).

Procedeu-se uma análise de variância conjunta geral com a finalidade de detectar a interação genótipo x ambiente, sendo considerados de efeito fixo os genótipos e de efeito aleatório os ambientes. Para essa análise foi adotado o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$$

Onde:

$Y_{ijk}$  é o valor observado na parcela do genótipo  $i$ , no bloco  $k$ , no ambiente  $j$ ;

$m$  é a média geral do experimento;

$G_i$  é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ );

$B/A_{jk}$  é o efeito do  $k$ -ésimo bloco dentro do  $j$ -ésimo ambiente ( $k = 1, 2, \dots, r$ );

$A_j$  é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente ( $j = 1, 2, \dots, a$ );

$GA_{ij}$  é efeito da interação do  $i$ -ésimo genótipo com o  $j$ -ésimo ambiente;

$E_{ijk}$  é o efeito dos fatores não controlados ou acaso, ou seja, o erro aleatório.

Após a verificação da significância pelo teste F para a fonte de variação G x A, realizou-se novas análises conjuntas, entre todos os pares de ambientes, em todas as combinações possíveis, com a finalidade de estudar a interação em cada caso.

Em seguida, foram realizados os agrupamentos dos ambientes através da estratificação ambiental segundo a metodologia proposta por Lin (1982), que consiste em estimar a soma de quadrado para a interação entre genótipos e pares de ambientes e, posteriormente, agrupar os ambientes cuja interação não foi significativa. A estratificação ambiental foi calculada seguindo o modelo:

$$SQG \times A_{jj'} = \theta_{jj'} = \frac{1}{2} \left[ d_{jj'}^2 - \frac{1}{g} (Y_j - Y_{j'})^2 \right]$$

Em que:

$$d_{jj'}^2 = \sum (Y_{ij} - Y_{ij'})^2$$

A soma de quadrados entre genótipos e quatro ambientes foi obtida pela expressão:

$$\theta_{jj'kl} = \frac{2}{\eta} (S_{jj'k} + \theta_{jl} + \theta_{j'l} + \theta_{kl})$$

em que:

$\eta = 4$  (número de ambientes considerados na interação);

$S_{jj'k}$  = somatório das somas de quadrados da interação entre genótipos e combinações, dois a dois, dos ambientes  $j$ ,  $j'$  e  $k$ .

A dissimilaridade ambiental foi realizada segundo a metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991), a qual visa decompor a interação em parte simples e complexa através das expressões  $\%S = \frac{100S}{QMGxA_{jj'}}$  e  $\%C = \frac{100C}{QMGxA_{jj'}}$ , sendo  $S = \frac{1}{2}(\sqrt{Q_j} - \sqrt{Q_{j'}})^2$  e  $C = \sqrt{(1-r)^3 Q_j x Q_{j'}}$ , em que  $Q_j$  e  $Q_{j'}$  são os quadrados médios de genótipos nos ambientes  $j$  e  $j'$ , respectivamente;  $r$  é a correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes;  $QMGxA_{jj'}$  é o quadrado médio da interação genótipos x pares de ambientes;  $\%S$  e  $\%C$  representam a porcentagem da parte simples e complexa da interação G x A, respectivamente. Para testar a significância das correlações entre os ambientes foi utilizado o teste  $t$ .

Com as médias obtidas das análises de variância conjunta foi aplicado o teste de médias de Scott Knott a 5% de probabilidade, com a finalidade de avaliar o desempenho dos genótipos.

#### 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 1 apresenta o resumo da análise de variância conjunta realizada para os caracteres produtividade de grãos (PRO), altura de plantas (AP), acamamento (AC) e quebramento (QB), bem como as interações entre genótipos e ambientes, dois a dois.

**Tabela 1.** Resumo da análise de variância conjunta geral entre pares de ambientes, para os caracteres agronômicos produtividade de grãos (PRO, kg.ha<sup>-1</sup>), altura de plantas (AP, cm), acamamento (AC, %) e quebramento (QB, %) em genótipos de milho.

----- QM -----			
FV <sup>1</sup>	GL	PRO	AP
GENOTIPOS (G)	16	6937902 **	1820**
AMBIENTES (A)	3	47008421**	18394**
G x A	48	1037147**	350**
RESÍDUO	128	287641	125
CV(%)		10,90	5,21
MÉDIA		4921	214
SfJ09 x SfGO10	16	1549702**	669*
SfJ09 x SfJ10	16	1234446**	144*
SfJ09 x SfNJ09/10	16	1973128**	353**
SfGO10 x SfJ10	16	495627**	384*
SfGO10 x SfNJ09/10	16	564786 <sup>ns</sup>	345*
SfJ10 x SfNJ09/10	16	405190*	203*

  

----- QM -----			
FV <sup>1</sup>	GL	AC	QB
GENOTIPOS (G)	16	1,73**	2,45**
AMBIENTES (A)	3	2,39**	71,13**
G x A	48	0,47 <sup>ns</sup>	0,95**
RESÍDUO	128	0,39	0,48
CV(%)		46,87	29,93
MÉDIA		1,34	2,32
SfJ09 x SfGO10	16	0,54 <sup>ns</sup>	0,83*
SfJ09 x SfJ10	16	0,58*	0,64 <sup>ns</sup>
SfJ09 x SfNJ09/10	16	0,49 <sup>ns</sup>	1,37*
SfGO10 x SfJ10	16	0,45 <sup>ns</sup>	0,64**
SfGO10 x SfNJ09/10	16	0,47**	1,30*
SfGO10 x SfNJ09/10	16	0,30 <sup>ns</sup>	0,91 <sup>ns</sup>

<sup>ns</sup>, \*\* e \* - não significativo, significativo a 1% e 5% pelo teste F, respectivamente.



<sup>1</sup>**SfJ09** - safrinha em Jaboticabal-SP 2009; **SfNJ09/10** - safra em Jaboticabal-SP 2009/10; **SfJ10** - safrinha em Jaboticabal-SP 2010 e **SfGO10** - safrinha Campo Alegre do Goiás-Go 2010.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) foram de 10,90%, 5,21%, 46,87% e 29,93%, respectivamente para os caracteres PRO, AP, AC e QB, estando dentro da faixa adequada para estas características segundo Hallauer e Miranda Filho et al. (1988) e Scapim et al. (1995).

Através da análise de variância conjunta geral, observou-se que a fonte de variação genótipos foi significativa para todos os caracteres em estudo. O mesmo ocorreu quanto aos efeitos de ambientes. Isto indica que os genótipos diferem entre si, assim como os ambientes onde os experimentos foram realizados.

Para o efeito da interação G x A, verificou-se significância a 1% de probabilidade para os caracteres PRO, AP e QB, demonstrando que ocorreu comportamento diferencial dos genótipos em função das variações ambientais. Para o caráter AC não foi observada significância, indicando que essa característica não foi influenciada pelas variações ambientais.

Como a interação G x A foi significativa para a maioria dos caracteres de interesse, realizou-se uma nova análise conjunta entre os pares de ambientes para analisar a significância da interação.

Analisando locais e anos diferentes na mesma época de semeadura (SfJ09 x SfGO10) observou-se interação foi significativa a 1% de probabilidade para o caráter PRO, a 5% de probabilidade para AP e QB. Para o caráter AC não foi observado significância.

No mesmo local em anos diferentes na mesma época de semeadura (SfJ09 x SfJ10), observou-se interação significativa a 1% de probabilidade para o caráter PRO, a 5% de probabilidade para os caracteres AP e AC, e interação não significativa para o caráter QB.

Já no mesmo local, em anos e época de semeadura diferentes (SfJ09 x SNJ09/10), observou-se que a interação foi significativa a 1% de probabilidade para os caracteres PRO e AP, enquanto que para o caráter QB a significância da interação foi de 5% de probabilidade. Para o caráter AC não foi observada significância de interação.

Em locais diferentes no mesmo ano e época de semeadura (SfGO10 x SfJ10), a interação foi significativa a 1% de probabilidade para os caracteres PRO e

QB, enquanto para AP foi de 5% de probabilidade e, para o caráter AC não foi observado interação significativa.

No mesmo local e anos em épocas de semeadura diferentes (SfJ10 x SNJ09/10), observou-se que os caracteres PRO e AP apresentaram interação significativa a 5% de probabilidade, enquanto que para os caracteres AC e QB não apresentaram interação significativa.

Por fim, entre locais diferentes, com mesmo ano em épocas de semeadura diferentes (SfGO10 x SNJ09/10), a interação foi significativa a 1% de probabilidade para o caráter AC, enquanto que para os caracteres AP e QB a significância foi de 5% de probabilidade e, para o caráter PRO não foi observado significância nas interações.

Assim, para os efeitos de interação genótipo x ambiente, onde a interação foi significativa pode-se inferir que ocorreu resposta diferencial dos genótipos em função do ambiente para as características estudadas. Para os demais caracteres que não apresentaram diferenças significativas, sugere-se que para estes não houve resposta diferenciada dos genótipos em função das variações ambientais. A cargo disso, para os caracteres que não apresentaram interação G x A, não é necessário repetir a avaliação dos mesmos nos dois ambientes considerados, pois os genótipos responderão da mesma forma em função das alterações do ambiente. O contrário se faz verdadeiro para os caracteres que apresentaram interação G x A significativa, ou seja, se faz necessária a avaliação dos genótipos, para tais caracteres, em ambos os ambientes, a fim de promover a identificação e seleção de genótipos superiores.

Melo et al. (2007), estudando as interações G x A com a cultura do feijoeiro, encontraram resultados onde o efeito de genótipos indica a presença de variabilidade para a seleção e o efeito de ambientes indica a variabilidade entre ambientes, fator importante para tornar o processo de indicação de cultivares mais eficiente e, a ocorrência de interação indica resposta diferencial dos genótipos às mudanças de ambiente, corroborando com resultados encontrados neste trabalho.

Segundo Falconer e Mackay (1996), os caracteres quantitativos são altamente influenciados pelo ambiente, pois são governados por vários genes de pequeno efeito sobre o fenótipo. Para Cruz e Regazzi (1997) a natureza quantitativa

dos caracteres dificulta a seleção ou a recomendação dos genótipos para o cultivo em diferentes ambientes e épocas de semeadura.

A estratificação ambiental é uma das maneiras de contornar a interação genótipos x ambientes. Na Tabela 2 estão apresentados os agrupamentos de ambientes conforme a metodologia fundamentada no algoritmo de Lin (1982), que consiste em estimar a soma de quadrados da interação entre genótipos e pares de ambientes e, posteriormente, agrupar aqueles ambientes cuja interação não é significativa.

**Tabela 2.** Agrupamento dos ambientes, determinado pela estratificação ambiental, conforme metodologia proposta por Lin (1982), baseada na produtividade de grãos (PRO, kg.ha<sup>-1</sup>), altura de plantas (AP, cm), acamamento (AC, %) e quebramento (QB, %) de genótipos de milho, nos quatro ambientes experimentais.

<b>Grupo</b>	<b>Estratificação Ambiental – PRO</b>	<b>Fc</b>	<b>Ft</b>
<b>I</b>	SfJ10	1,41	1,72
	SNJ09/10		
<b>Grupo</b>	<b>Estratificação Ambiental – AP</b>	<b>Fc</b>	<b>Ft</b>
<b>I</b>	SfJ09	1,16	1,72
	SfJ10		
<b>II</b>	SfJ10	1,61	1,72
	SNJ09/10		
<b>Grupo</b>	<b>Estratificação Ambiental – AC</b>	<b>Fc</b>	<b>Ft</b>
<b>I</b>	SfJ09	1,19	1,45
	SfGO10		
	SfJ10		
	SNJ09/10		
<b>Grupo</b>	<b>Estratificação Ambiental – QB</b>	<b>Fc</b>	<b>Ft</b>
<b>I</b>	SfJ09	1,46	1,53
	SfGO10		
	SfJ10		

F<sub>cal</sub>, valor de F calculado, e F<sub>tab</sub>, valor de F tabelado, a 5% de probabilidade.

Apesar da interação G x A ter sido significativa na análise de variância conjunta geral (Tabela 1), foi possível agrupar ambientes nos quais os genótipos não apresentaram comportamento diferenciados.

Analisando a Tabela 2, observa-se que para o caráter AP houve a formação de dois grupos, tendo eles em comum o ambiente SfJ10. Para os caracteres PRO, AC e QB houve a formação de apenas um grupo, para cada característica, composto por ambientes similares, segundo a metodologia. Tal resultado vai contra

os resultados encontrados pela análise de variância que indica interação G x A significativa entre esses pares de ambiente, provavelmente por que o tipo de interação predominante é do tipo simples.

Deve-se ressaltar que o ambiente SfJ10 está presente em todos os grupos formados, sendo este o ambiente onde as variedades experimentais sofreram menores influências do ambiente, seguido pelos ambientes SNJ09/10, SfJ09 e SfGO10.

Levando isso em consideração concluí-se que nos períodos iniciais de programas de melhoramento, quando o número de genótipos avaliados é maior, é melhor avaliar os genótipos em anos e locais diferentes, independentemente da época de semeadura, obtendo melhores resultados devido à menor porcentagem de interação simples, permitindo fazer a seleção de genótipos com adaptabilidade ampla. Ramalho et al. (1998), em seus trabalhos com feijão no estado de Minas Gerais, evidenciam que a interação entre genótipo x ano e genótipo x local é mais intensa que a interação genótipo x época de semeadura, concluindo que as avaliações de genótipos em alguns anos e locais é mais importante do que a avaliação em várias épocas de semeadura.

Segundo Peluzio et al. (2012), ambientes classificados em um único grupo, a resposta dos genótipos será similar, podendo-se reduzir o número de ambientes em apenas um, escolhendo o mais vantajoso a cada situação.

Cabe ao melhorista escolher o ambiente que mais se encaixe nas necessidades de seu programa de melhoramento. Critérios como proximidade dos centros de pesquisa, facilidade de acesso e diminuição nos custos podem ser adotados em futuros programas de melhoramento (VENCOVSKI et al., 1990; CRUZ; REGAZZI, 2007; OLIVEIRA et al., 2004).

Segundo Cruz et al. (2004), a interação entre genótipos e ambientes está associada a dois fatores denominado simples e complexo. Com intuito de analisar melhor os resultados, realizou-se a decomposição da interação entre esses dois fatores.

O fator simples é proporcionado pela diferença entre genótipos e a alta correlação entre os genótipos, indicando que o comportamento deles será similar independentemente do local, ano ou época de plantio.

O fator complexo é proporcionado pela ausência de correlação entre os genótipos. A interação G x A reduz a correlação entre o fenótipo e o genótipo e a baixa correlação indica que o comportamento de um genótipo em um ambiente, para uma determinada característica, normalmente não será o mesmo comportamento em outro ambiente.

Neste trabalho considerou-se que a interação foi de natureza complexa quando a decomposição da interação G x A foi superior a 50%.

Na Tabela 3, estão apresentadas as estimativas da porcentagem da parte complexa da interação para os caracteres PRO, AP, AC e QB, bem como a correlação de Pearson.

**Tabela 3.** Estimativas da fração complexa em %, pelo método de dissimilaridade ambiental, resultante da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes e correlações (r) entre ambientes, baseado na produtividade, altura de plantas, altura de espiga, posição relativa da espiga, acamamento e quebramento de genótipos de milho nos quatro ambientes experimentais.

AMBIENTES	PRO		AP	
	% C	r	% C	r
SfJ09 X SfGO10	84	0,28 <sup>ns</sup>	40	0,37 <sup>ns</sup>
SfJ09 X SfJ10	79	0,37 <sup>ns</sup>	76	0,38 <sup>ns</sup>
SfJ09 X SNJ09/10	77	0,30 <sup>ns</sup>	51	0,41 <sup>ns</sup>
SfGO10 X SfJ10	46	0,78 <sup>**</sup>	14	0,81 <sup>**</sup>
SfGO10 X SNJ09/10	36	0,83 <sup>**</sup>	42	0,74 <sup>**</sup>
SfJ10 X SNJ09/10	24	0,89 <sup>**</sup>	31	0,74 <sup>**</sup>

  

AMBIENTES	AC		QB	
	% C	r	% C	r
SfJ09 X SfGO10	21	0,34 <sup>ns</sup>	43	0,15 <sup>ns</sup>
SfJ09 X SfJ10	26	0,38 <sup>ns</sup>	64	0,57 <sup>*</sup>
SfJ09 X SNJ09/10	7	0,04 <sup>ns</sup>	81	0,31 <sup>ns</sup>
SfGO10 X SfJ10	36	0,58 <sup>*</sup>	53	0,09 <sup>ns</sup>
SfGO10 X SNJ09/10	31	0,32 <sup>ns</sup>	52	-0,18 <sup>ns</sup>
SfJ10 X SNJ09/10	48	0,72 <sup>**</sup>	64	0,50 <sup>*</sup>

<sup>ns</sup>, <sup>\*\*</sup> e <sup>\*</sup> - não significativo, significativo a 1% e 5% pelo teste t, respectivamente

Para os caracteres PRO e AP, notou-se baixa porcentagem atribuída à fração complexa e correlações significativas a 1% de probabilidade para os ambientes SfGO10 x SfJ10; SfGO10 x SNJ09/10; SfJ10 x SNJ09/10, indicando que a interação G x A predominante entre esses ambientes é do tipo simples e que grande parte dos

melhores genótipos em um ambiente também serão no outro. Isso justifica a elevada semelhança ambiental observada entre os ambientes SfJ10 x SNJ09/10, onde a interação não foi significativa pela estratificação ambiental. O mesmo não foi observado com SfGO10 x SfJ10 e SfGO10 e SNJ09/10.

Os demais pares de ambientes apresentaram interação G x A complexa com baixa correlação entre os genótipos e não significativas, demonstrando que a interação entre esses ambientes é do tipo complexa. Este fato justifica a alteração no ranqueamento dos genótipos, interferindo diretamente nas características altura da planta e na produtividade.

Reagrupando os ambientes dentro de grupos, ter-se-ia: o grupo A (ambientes SfJ09 x SfGO10; SfJ09 x SfJ10; e SfJ09 x SNJ09/10), com predomínio de interações complexas; grupo B (ambientes SfJ10 x SNJ09/10), com interação simples; grupo C (ambientes SfGO10 x SfJ10) que apresentaram porcentagens intermediárias de interação simples e complexa com predomínio de simples; e grupo D (ambientes SfGO10 x SNJ09/10) que não apresentou interação.

Espindola (2013), avaliando genótipos de sojas em Jaboticabal/SP e Uberaba/MG, concluiu que a maior fração de interações G x A de natureza simples ocorreu quando os genótipos foram avaliados no mesmo ano, em locais iguais ou diferentes e, quando avaliados em anos distintos o tipo de interação predominante foi complexa.

Comparando os resultados dos grupos de ambientes resultante da interação G x A não significativas considerando o caráter PRO, os ambientes similares foram SfJ10 x SNJ09/10, pelo método de estratificação ambiental, com os grupos oriundos da interação G x A significativa de natureza simples (SfGO10 x SfJ10, SfGO10 x SNJ09/10 e SfJ10 x SNJ09/10) pelo método de dissimilaridade ambiental, verifica-se uma discordância entre os métodos quanto à composição dos grupos.

Considerando o caráter AP os ambientes similares foram SfJ09 x SfJ10 e SfJ10 x SNJ09/10, pelo método de estratificação ambiental, com os grupos oriundos da interação G x A significativa de natureza simples (SfGO10 x SfJ10, SfGO10 x SNJ09/10 e SfJ10 x SNJ09/10) pelo método de dissimilaridade ambiental, também verifica-se uma discordância entre os métodos quanto à composição dos grupos.

Garbuglio et al. (2007) em seus experimentos com milho no Paraná, ao contrário deste trabalho, encontraram similaridade entre os métodos de agrupamento. Provavelmente essa discordância entre os métodos ocorreu em função de serem passíveis de agrupamento todas as combinações entre os pares de ambientes com interação  $G \times A$  não significativa pelo método de estratificação ambiental, enquanto que pelo método de agrupamento por dissimilaridade ambiental, os ambientes são agrupados de acordo com o tipo de interação.

Em relação ao caráter AC, observou-se baixa porcentagem da interação atribuída à fração complexa entre os ambientes SfGO10 x SfJ10 e SfJ10 x SNJ09/10, com correlações significativas a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, indicando que a interação  $G \times A$  predominante entre esses ambientes é do tipo simples, ou seja, os mesmos genótipos que não acamam em um ambiente também não acamarão no outro, não se fazendo necessária a avaliação de tal característica nos vários ambientes. Isso nos permite inferir que o acamamento é mais influenciado pelo genótipo da planta do que pela variação ambiental.

Esses resultados confirmam a semelhança ambiental observada pela estratificação ambiental e pelas análises de variância entre os ambientes, onde a interação não foi significativa.

Considerando o caráter QB, observou-se alta porcentagem da interação  $G \times A$  atribuída à fração complexa para a maioria dos pares de ambientes, principalmente entre os ambientes SfJ09 x SfJ10 e SfJ10 x SNJ09/10 que apresentaram correlações significativas a 5% de probabilidade, indicando que a interação  $G \times A$  predominante entre esses ambientes é complexa, sugerindo que os genótipos que sofrem com quebramento em um ambiente podem não sofrer com o quebramento no outro. Estes resultados vão contra aos resultados observados pela estratificação ambiental, em que a interação  $G \times A$  para esses ambientes não foi significativa.

Tais resultados nos permitem acreditar que a característica quebramento é mais influenciada pelas variações ambientais em detrimento das variações genotípicas.

Analisando as médias de produção de grãos dos genótipos entre e dentro de cada ambiente, nota-se que houve diferenças entre suas médias. (Tabela 4)

Comparando os genótipos dentro de cada ambiente, observamos que no ambiente SfJ09, as médias variaram entre 3558 e 6774 kg.ha<sup>-1</sup>, sendo as variedades classificadas em três grupos.

As variedades que se destacaram neste ambiente foram às variedades V2, V4, V13 e o AG7000 no primeiro grupo (a), seguindo pelas variedades V8, V10, V11, V12 e Ipanema do segundo grupo (b).

No ambiente SfGO10, as médias variaram entre 4487 e 7921 kg.ha<sup>-1</sup>, classificando as variedades em quatro grupos. Os genótipos que apresentaram destaque foi o híbrido AG7000, seguido pelas variedades AL Bandeirante, V1, V2, V3, V4, Ipanema e BR106.

O ambiente SfJ10, foi o que apresentou os menores valores de produtividade em relação aos demais. Suas médias variaram entre 2366 e 5592 kg.ha<sup>-1</sup>, classificando as variedades em três grupos. As variedades que se destacaram foi o AG7000, seguido pelas variedades V1, V2, V3, V4, AL Bandeirante e o BR106.

No ambiente SNJ09/10, as médias variaram entre 3653 e 7965 kg.ha<sup>-1</sup>, classificando as variedades em quatro grupos. As variedades que se destacaram foi o AG7000, seguido pelas variedades V1, V2, V3, V4, V6, AL Bandeirante e BR106.

Realizando uma comparação entre os pares de ambientes, a fim de observar quais genótipos apresentavam desempenho superior em todos os ambientes, observamos que entre os ambientes SfGO10 e SNJ09/10 não houve variação ambiental e os valores de produtividade foram similares. Assim, a avaliação e identificação das melhores variedades podem ser realizadas em apenas um dos ambientes, pois o desempenho das variedades será semelhante nos dois ambientes.

Comparando o ambiente SfJ09 com os ambientes SfGO10 e SNJ09/10, observa-se que em ambos os casos, a produtividade do ambiente SfJ09 foi inferior à dos ambientes SfGO10 e SNJ09/10. A variação ambiental também foi desfavorável ao ambiente SfJ09, demonstrando que neste ambiente ocorreram fatores bióticos e abióticos que desfavoreceram a produtividade, propiciando um maior efeito complexo na interação G x A. Assim, os genótipos que apresentaram melhor



desempenho entre os ambientes SfJ09 e SfGO10, de acordo com suas medias dentro do ambiente foram as variedades V2, V3, V4, V10, V13, BR106 e AG7000. Entre os ambientes SfJ09 e SNJ09/10, os melhores foram as variedades V2, V4, V8, V10, V13, Ipanema e o AG7000.

Entre os ambientes SfJ10 e SNJ09/10 a produtividade foi superior no ambiente SNJ09/10 e houve diferenciação ambiental, sendo o ambiente SNJ09/10 mais favorável ao caráter estudado. Entre estes ambientes, os genótipos que se destacaram foram às variedades V1, V2, V3, V4, V10, AL Bandeirante, BR106 e o AG7000, sendo estes os mais adaptados às adversidades ambientais entre dois ambientes experimentais.

Entre os ambientes SfJ09 e SfJ10, observa-se que as variações ambientais e produtividades foram próximas, sendo o ambiente SfJ09 o que exerceu menor efeito ambiental sobre os genótipos. As variedades que apresentaram maior produtividade e maior adaptabilidade foram V2, V4, V8, V10, V13, e o AG7000.

Por fim, observando o ambiente SfGO10 e o ambiente SfJ10, há diferenciação ambiental e as produtividades no ambiente SfGO10 foram superiores. As variedades que apresentaram melhor adaptação entre os ambientes foram V1, V2, V3, V4, V5, V13, AL Bandeirante, BR106 e AG7000.

Considerando apenas os genótipos citados, em relação à comparação entre os pares de ambientes, concluímos que de forma geral, os melhores genótipos nos ambientes, com maior produtividade foram os genótipos V2, V3, V4, V10, V13 e AG7000.

**Tabela 4.** Médias de produtividade (kg.ha<sup>-1</sup>) de genótipos de milho nos quatro ambientes em estudo.

GENÓTIPOS	AMBIENTES							
	SfJ09		SfGO10		SfJ10		SNJ09/10	
V1	4653	B c	6045	A c	4389	B b	6231	A b
V2	5996	A a	5808	A c	4419	B b	5877	A b
V3	4658	B c	5860	A c	4332	B b	5982	A b
V4	5745	A a	6325	A c	3789	B b	6394	A b
V5	4481	A c	5612	A d	3410	B c	5020	A c
V6	4207	C c	4807	B d	3220	D c	5876	A b
V7	4507	A c	4991	A d	2594	B c	4082	A d
V8	5058	A b	5562	A d	3006	B c	4999	A c
V9	4499	A c	4679	A d	2366	B c	4073	A d
V10	5242	A b	4997	A d	3482	B c	5079	A c
V11	5193	A b	4783	A d	2769	B c	4126	A d
V12	5163	A b	4487	A d	2844	B c	3653	B d
V13	5987	A a	5188	A d	3164	B c	5308	A c
AL Bandeirante	3558	B c	6967	A b	4159	B b	6273	A b
Ipanema	5119	B b	6476	A c	2843	C c	5064	B c
BR106	4733	B c	5956	A c	3750	C b	6476	A b
AG7000	6774	B a	7921	A a	5592	C a	7965	A a
<b>Média</b>	<b>5034</b>		<b>5674</b>		<b>3537</b>		<b>5440</b>	

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na linha e minúsculas na coluna não diferem estatisticamente entre si; **SfJ09** - safrinha em Jaboticabal-SP 2009; **SfGO10** - safrinha Campo Alegre do Alto-Go 2010; **SfJ10** - safrinha em Jaboticabal-SP 2010; **SNJ09/10** - safra de verão em Jaboticabal-SP 2009/10.

Na tabela 5 encontram-se as médias referentes à característica altura de planta. Analisando dentro dos ambientes, observa-se que o ambiente SfJ09 não apresentou diferenciação entre as médias de altura plantas, demonstrando que houve pouca influência ambiental para esta característica neste ambiente. Para os demais ambientes, observam-se diferenças significativas entre genótipos e entre os ambientes. O ambiente SfJ10 proporcionou os menores valores de altura de planta, variando de 164 a 193 centímetro. Plantas com característica de porte baixo, pouco acamada e produtiva são de interesse do melhoramento, portanto, para seleção desta característica é mais interessante se realizar avaliações em anos diferentes e em diferentes épocas de semeadura, a fim de encontrar interações do tipo complexas (Tabela 2).

**Tabela 5.** Médias de altura de plantas (AP) de genótipos de milho nos quatro ambientes em estudo.

GENÓTIPOS	AMBIENTES							
	SfJ09		SfGO10		SfJ10		SNJ09/10	
V1	217	A a	209	A c	179	B b	207	A b
V2	233	A a	208	B c	185	B b	197	B b
V3	229	A a	211	A c	177	B b	211	A b
V4	222	A a	218	A c	180	B b	214	A b
V5	213	A a	223	A b	178	B b	206	A b
V6	234	A a	225	A b	184	B b	234	A a
V7	222	A a	215	A c	193	B a	220	A b
V8	234	A a	223	A b	193	B a	228	A a
V9	228	A a	230	A b	189	B a	235	A a
V10	236	A a	230	A b	192	B a	225	A b
V11	216	A a	153	B d	164	B b	206	Ab
V12	224	A a	207	B c	190	B a	219	A b
V13	239	A a	227	A b	195	B a	243	A a
AL Bandeirante	223	B a	251	A a	205	B a	245	A a
Ipanema	233	A a	252	A a	194	B a	246	A a
BR106	229	B a	250	A a	194	C a	255	A a
AG7000	239	A a	214	B c	179	C b	216	B b
<b>Média</b>	<b>228</b>		<b>220</b>		<b>186</b>		<b>224</b>	

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na linha e minúsculas na coluna não diferem estatisticamente entre si; **SfJ09** - safrinha em Jaboticabal-SP 2009; **SfGO10** - safrinha Campo Alegre do Alto-Go 2010; **SfJ10** - safrinha em Jaboticabal-SP 2010; **SNJ09/10** - safra de verão em Jaboticabal-SP 2009/10.

Analisando a Tabela 6, referente ao caráter acamamento de plantas, observa-se que somente no ambiente SNJ09/10 não houve diferença estatística entre os genótipos. Este ambiente também apresentou a maior porcentagem média de plantas quebradas. Nos demais ambientes houve a formação de grupos diferenciando os genótipos. As porcentagens médias de quebra destes grupos foram similares.

A pouca ou nenhuma interação G x A e diferenciação ambiental para a característica acamamento é comprovado pela análise de dissimilaridade e estratificação ambiental, que demonstrou o predomínio de interação do tipo simples ou ausência de interação, indicando que a característica acamamento de plantas sofre pouca influência ambiental, podendo ser avaliada em qualquer ano, local ou época de semeadura e em qualquer ambiente que seus resultados serão similares.

**Tabela 6.** Médias de acamamento (AC) em genótipos de milho nos quatro ambientes em estudo.

GENÓTIPOS	AMBIENTES							
	SfJ09		SfGO10		SfJ10		SNJ09/10	
V1	0,71	A b	0,88	A b	0,88	A b	1,56	A a
V2	1,47	A a	1,05	A b	0,71	A b	1,17	A a
V3	0,98	A b	1,05	A b	0,88	A b	1,57	A a
V4	0,71	A b	0,71	A b	0,71	A b	1,18	A a
V5	0,71	A b	1,00	A b	0,71	A b	0,88	A a
V6	1,40	A a	1,77	A a	1,68	A a	1,46	A a
V7	0,71	A b	0,71	A b	1,29	A b	1,94	A a
V8	0,98	A b	1,32	A b	1,56	A a	1,78	A a
V9	0,71	B b	2,18	A a	2,16	A a	1,76	A a
V10	0,71	A b	1,18	A b	1,27	A b	1,93	A a
V11	0,71	B b	0,88	B b	2,02	A a	1,74	A a
V12	1,81	A a	2,37	A a	2,84	A a	2,04	A a
V13	1,17	A b	2,27	A a	1,43	A b	1,76	A a
AL Bandeirante	1,92	A a	1,61	A a	1,17	A b	1,29	A a
Ipanema	2,03	A a	0,71	B b	1,99	A a	1,72	A a
BR106	0,98	A b	1,27	A b	1,85	A a	2,08	A a
AG7000	0,71	A b	0,71	A b	0,71	A b	1,29	A a
<b>Média</b>	<b>1,08</b>		<b>1,27</b>		<b>1,40</b>		<b>1,60</b>	

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na linha e minúsculas na coluna não diferem estatisticamente entre si; **SfJ09** - safrinha em Jaboticabal-SP 2009; **SfGO10** - safrinha Campo Alegre do Alto-Go 2010; **SfJ10** - safrinha em Jaboticabal-SP 2010; **SNJ09/10** - safra de verão em Jaboticabal-SP 2009/10.

Analisando a Tabela 7, referente à característica quebramento, observa-se que no ambiente SfGO10 não houve diferenciação entre os genótipos. Nos demais ambientes houve a formação de grupos diferenciando os genótipos. Observa-se também que este ambiente apresentou a menor média de quebramento, seguido pelos ambientes SfJ09, SfJ10 e SNJ09/10, sendo este último o ambiente que apresentou a maior quantidade de plantas quebradas.

A elevada interação entre os ambientes é confirmada através da análise dissimilaridade ambiental (Tabela 2) que demonstrou que a maior parte da interação G x A é de natureza complexa, indicando que a característica quebramento é influenciada pelas variações ambientais. Portanto, a fim de selecionar genótipos mais resistentes ao quebramento é mais interessante avaliá-los em anos e épocas de semeadura distintas, onde a interação é do tipo complexa.

Esses resultados sugerem que as condições ambientais variam ao longo dos anos, épocas de semeadura e locais para a maioria dos caracteres considerados. Assim, a eliminação de um local da rede de ensaios, pelo fato de ser identificado como similar a outro local em poucas safras, mesmo por metodologias diferentes, pode ser precipitada.

Uma perspectiva de continuidade deste trabalho é a avaliação de experimentos de milho nestes ambientes em um maior número de anos e safras e épocas de semeadura.

**Tabela 7.** Médias de quebramento de plantas (QB) de genótipos de milho nos quatro ambientes em estudo.

GENÓTIPOS	AMBIENTES							
	SfJ09		SfGO10		SfJ10		SNJ09/10	
V1	3,03	A a	1,22	B a	1,27	B b	2,94	Ab
V2	2,03	A b	1,10	B a	1,10	B b	2,59	Ab
V3	2,37	B b	1,00	C a	1,97	B a	4,06	Aa
V4	1,40	B b	1,05	B a	1,27	B b	3,60	Ab
V5	1,73	B b	1,05	B a	1,05	B b	3,62	Ab
V6	2,90	A a	1,29	B a	1,76	B a	3,40	Ab
V7	4,24	A a	1,27	B a	2,27	B a	4,72	Aa
V8	2,62	B b	0,71	C a	2,00	B a	5,37	Aa
V9	3,08	B a	1,00	C a	2,78	B a	4,52	Aa
V10	2,53	B b	1,05	C a	2,40	B a	4,95	Aa
V11	1,73	A b	1,17	A a	2,18	A a	2,34	Ab
V12	2,01	B b	1,17	B a	1,86	B a	4,94	Aa
V13	3,17	B a	1,55	C a	2,76	B a	4,14	Aa
AL Bandeirante	1,98	B b	1,00	B a	1,34	B b	4,05	Aa
Ipanema	1,58	B b	1,55	B a	1,05	B b	4,02	Aa
BR106	3,29	A a	1,17	C a	2,34	B a	3,98	Aa
AG7000	2,46	A b	1,00	B a	0,71	B b	2,85	Ab
<b>Média</b>	<b>2,48</b>		<b>1,14</b>		<b>2,77</b>		<b>3,89</b>	

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na linha e minúsculas na coluna não diferem estatisticamente entre si; **SfJ09** - safrinha em Jaboticabal-SP 2009; **SfGO10** - safrinha Campo Alegre do Alto-Go 2010; **SfJ10** - safrinha em Jaboticabal-SP 2010; **SNJ09/10** - safra de verão em Jaboticabal-SP 2009/10.

## 5. CONCLUSÕES

Houve discordância entre os métodos utilizados.

Os genótipos com maior adaptabilidade ampla foram às variedades V1, V2, V3, V4, V13, *AL Bandeirantes*, *Ipanema* e o híbrido *AG7000*.

Há efeito de interação dos genótipos entre os ambientes estudados, indicando que é necessária a avaliação e recomendação dos genótipos separadamente para cada local de cultivo, visando à seleção de genótipos superiores, delineando estratégias de melhoramento mais adequadas, permitindo maior ganho com a seleção dessas variedades em estudo.

As variedades experimentais V1, V2, V3, V4 e V13 apresentam potencial para prosseguirem para avaliações em redes de ensaios, para confirmar sua ampla adaptabilidade e alta produtividade.

Nos programas de melhoramento, devem-se priorizar avaliações em anos e locais distintos, em detrimento de épocas de semeadura diferentes, a fim de discriminar os melhores genótipos e fazer as recomendações precisas dos mesmos.

## 6. REFERÊNCIAS

ANDRADE, F.H. Analysis of growth and yield of maize, sunflower and soybean grown at Balcarce, Argentina. **Field Crops Research**, v. 41, p.1-12, 1995.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. Califórnia: USAID; Edgar Blucher, 1971. 381 p.

ALMEIDA, C. C. de S. **Análises citogenética e molecular em milho (*Zea mays* subsp. *mays*), teosinto (*Zea mays* subsp. *mexicana*) e em seus híbridos**. 2003. 47 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2003.

BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G. A.; COMIRAN, F.; BERGONCI, J. I.; MÜLLER, A. G.; FRANÇA, S.; SANTOS, A. O.; RADIN, B.; BIANCHI, C. A. M.; PEREIRA, P. G. Deficit hídrico e produtividade na cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília-DF, v. 41, n. 2, p. 243-249. 2006.

BIUDES, G. B. **Características agronômicas, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo no Estado de São Paulo**. 2007. 195 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agronômico, Campinas, 2007.

BONDARI, K. Statistical analysis of genotype x environment interaction in agricultural research. In: [ANNUAL SOUTHEAST SAS USERS GROUP CONFERENCE, 11., 2003, St. Pete Beach. **Proceedings...** S.l.: s.n., 2008]. Paper SD15.

BORÉM A. **Melhoramento de plantas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1998. 453 p.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; OLIVEIRA, M. F. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 989-1000, 2002.

CASA, R. T.; MOREIRA, E. N.; BOGO, A.; SANGOI, L. Incidência de podridões do colmo, grãos ardidos e rendimento de grãos em híbridos de milho submetidos ao aumento na densidade de plantas. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 33, n. 4, p. 353-357, 2007.

CASA, R. T.; REIS, E. M.; SEVERO, R.; DENTI, E.; TRENTO, S.; BLUM, M. M. C. Prevenção e controle de doenças na cultura do milho. In: SANDINI, I. E.; FANCELLI, A. L. (Ed.). **Milho: estratégias de manejo para a região Sul**. Guarapuava: Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária, 2000. 131-146 p.

CECCARELLI, S. Wide adaptation: how wide? **Euphytica**, Dordrecht, v. 40, n. 3, p. 197-205, 1989.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento - planta**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. F.; COIMBRA, S. M. M.; HEMP, S. Reflexos da interação genótipo x ambiente e suas implicações nos ganhos de seleção em genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 29, n. 3, p. 433-439, 1999.

CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, safra 2012/2013, décimo segundo levantamento**. Brasília, DF, set. 2013. Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13\\_09\\_10\\_16\\_05\\_53\\_boletim\\_portugues\\_setembro\\_2013.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_09_10_16_05_53_boletim_portugues_setembro_2013.pdf)>. Acesso em: 30 dez. 2014.



CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). **Companhia nacional de abastecimento – Séries históricas milho – 1º Safra, previsão safra 2012/13.** Disponível em: [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13\\_01\\_09\\_17\\_44\\_20\\_boletim\\_graos\\_janeiro\\_2013.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_01_09_17_44_20_boletim_graos_janeiro_2013.pdf). Acesso em 13 de maio de 2013.

COSTA, J. G.; MARINHO, J. T. S.; PEREIRA, R. C. A.; LEDO, F. J. S.; MORAES, R. N. S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de cultivares de milho recomendadas para o Estado do Acre. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 23, n. 1, p. 7-11, 1999.

CRUZ, J. C. (Ed.) **Cultivo do Milho**. 7 ed. [Sete Lagoas]: Embrapa Milho e Sorgo, 2011. (Sistema de Produção, 1). Disponível em [http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho\\_7ed/index.htm](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_7ed/index.htm). Acessado em: 29 de janeiro de 2014.

CRUZ, J.C.; PEREIRA FILHO; I.A.; ALVARENGA, R.C.; GONTIJO NETO, M.M.; VIANA, J.H.M.; OLIVEIRA, M.F.; SANTANA, D.P. Manejo da cultura do milho. Circular Técnica, n. 87, Sete Lagoas/MG, 2006.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipo x ambientes em partes simples e complexas. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 38, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ª ed., Viçosa: UFV, 1997, 390 p.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C D.; **Programa Genes – Biometria**. Viçosa: UFV, 2009, 382 p.

CRUZ C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa-MG: UFV, 2004. v. 1, 480 p.

DOEBLEY, J. F. Molecular evidence for gene flow among *Zea* species. **BioScience**, Cary, v. 40, p. 443-448, 1990.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: FUNEP, 2007. 576 p.

DURÃES, F. O. M. **Limitações fisiológicas do milho nas condições de plantio nas regiões tropicais baixas**. [S.l.]: InfoBios, 2007. Palestra proferida no XXVI Congresso Nacional de Milho e Sorgo realizado em Belo Horizonte - MG, de 27 a 31 de agosto de 2006. Disponível em: <[http://www.infobibos.com/Artigos/2007\\_1/limitemilho/index.htm](http://www.infobibos.com/Artigos/2007_1/limitemilho/index.htm)>. Acesso em: 16 out. 2013.

DURÃES, F. O. M.; SANTOS, M. X. dos; GAMA, E. E. G.; MAGALHÃES, P. C.; ALBUQUERQUE, P. E. P.; GUIMARÃES, C. T. **Fenotipagem associada a tolerância a seca em milho para uso em melhoramento, estudos genômicos e seleção assistida por marcadores**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2004. 17 p. (Circular Técnica, 39).

EMBRAPA MILHO E SORGO - Sistema de produção-  
[http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho\\_7ed/](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Milho/CultivodoMilho_7ed/) -, 1ISSN 1679-012X Versão Eletrônica - 7ª edição - Set./2010.

ESPINDOLA, S. M. C. G. **Aplicação de ferramentas moleculares e convencionais no melhoramento genético de soja**. 2013. 65 f. Tese (Doutorado em 2013) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FANCELLI, A. L. **Tecnologia da produção do milho para alta produtividade**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queirós”, 1994. 222 p.

FELIPE, C. R.; DUARTE, J. B.; CAMARANO, L. F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no Estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 2, p. 186-199, 2010.

FERNANDES, C. **Viagem gastronômica através do Brasil**. São Paulo: Editora Estúdio Sonia Robatto, 2004.

FLOSS, E. L.; FLOSS, L. G. Bases agrônômicas e fisiológicas do rendimento das culturas. **Revista Plantio Direto**, Passo Fundo, n. 104, mar./abr., 2008.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype environment interaction. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A. C.; ARAÚJO, P. M.; FONSECA JUNIOR, N. S.; SHIOGA, P. S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 2, p. 183-191, 2007.

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

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 375 p.

HAYES, H. K.; GARBER, R. J. Synthetic production of high-protein corn in relation to breeding. **Agronomy Journal**, Madison, v. 11, n. 8, p. 309-318, 1919.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166 f. Tese (Doutorado em 2003) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LIN, C. S. Grouping genotypes by cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 62, n. 3, p. 277-280, 1982.

LONNQUIST, J. H.; PETERSON, C. P. Mass selection for prolificacy in maize. **Der Züchter**, [Heidelberg], v. 37, n. 4, p. 185-188, 1967.

MACHADO C. T. T.; PATERNIANI, M. L. S. Origem, domesticação e difusão do milho. In: SOARES, A. C.; MACHADO, A. T.; SILVA, B. M.; WEID, J. M. von der (Ed.). **Milho crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro: AS-PTA, 1998. 185 p.

MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; DIAZ, J. L. C.; DEL PELOSO, M. J.; RAVA, C. A.; COSTA, J. G. C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, p. 715-723, 2007. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2007000500015>>. Acesso em: 01 dez. 2013.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GARBUGLIO, D. D.; FONSECA JUNIOR, N. S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 11, p. 1567-1575, 2007.

MIRNADA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. O melhoramento de milho no Brasil. **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: [Fundação Cargil], 1987. v. 1, p. 325.

MONTALVÁN, R.; MONTAÑO-VELASCO, J. C. Interação genotipo x ambiente: aspectos básicos. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: UEL, 1999. 818 p.

MOTA, F. S. Condições climáticas e produção de soja no sul do Brasil. In: VERNETTI, F. de J. (Coord.). **Soja**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. 463 p.

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

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposta de metodologia para avaliação da representatividade de ambientes para discriminação genotípica. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2000, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Embrapa Arroz e Feijão, 2000. 1 CD-ROM.

NUNES, H. V.; MIRANDA, G. V.; GALVÃO, J. C. C.; SOUZA, L. V., GUIMARÃES, L. J. M. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca por meio de dois métodos de classificação. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, n. 3, p. 78-88, 2002

OLIVEIRA, G. V. de; CARNEIRO, P. C. de S.; DIAS, L. A. dos S.; CARNEIRO, J. E. de S.; CRUZ, C. D. Factor analysis in the environment stratification for the evaluation of common bean cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 5, n. 2, p. 166-173, 2005.

OLIVEIRA, J. S.; SOUZA SOBRINHO, F.; FERNANDES, S. B. V.; WÜNSCH, J. A.; LAJÚS, C. A.; DUFLOTH, J. H.; ZANATTA, J. C.; MOLETTA, J. L.; PEREIRA, A. V.; LEDO, F. J. S.; BOTREL, M. A.; AUAD, M. V. Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no sul do Brasil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 4, p. 997-1003, 2004.

PACHECO, C. A. P.; SILVA, H. D.; SANTOS, M. X. dos; GUIMARÃES, P. E. de O.; PARENTONI, S. N.; GAMA, E. E. G. e; SCAPIM, C. A.; MEIRELLES, W. F.;

CARVALHO, H. W. L. de; VIEIRA JUNIOR, P. A. Environmental stratification based on a 28 x 28 diallel of open-pollinated maize varieties. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 8, p. 259-264, 2008.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 491-552.

PATERNIANI, E. Melhoramento de populações de milho. **Ciência e cultura**, Campinas, v. 21, p. 3- 10, 1969.

PATIÑO-VALERA, F. **Variação genética em progênies de *Eucalyptus saligna* Smith e sua correlação com o espaçamento**. 1986. 192 f. Tese (Doutorado em 1986) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1986.

PELUZIO, J. M.; GEROMINNI, G. D.; SILVA, J. P. A.; AFFÉRI, F. S.; VENDRUSCOLO, J. B. G. Estratificação e dissimilaridade ambiental para avaliação de cultivares de soja no Estado do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 3, p. 332-337, 2012.

PEREIRA, O.A.P. Doenças do milho (*Zea mays* L.). In Kimati, H., Amorim, L., bergamin Filho, A., Camargo, L.E.A. & Rezende, J.A.M. (Eds). Manual de Fitopatologia. Volume 2: Doenças de plantas cultivadas. 3ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. p.538-555.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C. de; PELOSO, M. J. D.; WENDLAND, A. Indicação de cultivares de feijoeiro-comum baseada na avaliação conjunta de diferentes épocas de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 6, p. 571-578, 2010.

PINTO, N. F. J. A., FERNANDES, F. T.; OLIVEIRA, E. Milho. In: VALE, F. X. R.; ZAMBOLIM, L. (Ed.). **Controle de doenças de plantas: grandes culturas**. Viçosa: UFV-MEC, 1997. p. 821-864.

POEHLMAN, J. M.; SLEPER, D. A. **Breeding field crops**. Ames: Iowa State University Press. 1995. 494 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. de; SANTOS, P. S. J. Interações genótipos x épocas de semeadura, anos e locais na avaliação de cultivares de feijão nas Regiões sul e Alto Paranaíba em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 22, p. 176-181, 1998.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

REEVES, R.G.; MANGELSDORF, P.C. A proposed taxonomic change in the tribe Maydeae (Family Gramineae). **American Journal of Botany**, Lavra, v. 29, p. 815-817, 1942.

REIS, E. M.; CASA, R. T.; BRESOLIM, A. C. R. **Manual de diagnose e controle de doenças de milho**. Lages: Graphel, 2004. 144 p.

RIBEIRO, J. Z. **Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho**. In: RIBEIRO, J. Z. 2011. 142 f. Dissertação (Mestrado em 2011) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2011.

ROBERTSON, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations**: biometrical genetics. New York: Pergamon Press, 1959. 186 p.

SANS, L. M. A.; MORAIS, A. V. C.; GUIMARÃES, D. P. Zooneamento agrícola. In: CRUZ, J. C. (Ed.). **Cultivo do milho**. 2. ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. (Sistemas de Produção, 1).

SANS, L. M. A.; GUIMARÃES, D. P. **Cultivo do milho: zoneamento agrícola**. 5. ed. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2009. (Sistemas de Produção, 2).

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

SILVA, F. M. **Desempenho de genótipos de trigo em condições edafoclimáticas distintas do estado de São Paulo**. 2011. 102 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 2011.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de milho: passado, presente e futuro. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS – GENÉTICA E MELHORAMENTO DO MILHO, 5., 2001, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2001. p. 26-34.

UDRY, C. V.; DUARTE, W. (Org.). **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília, DF: Paralelo 15, 2000.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. C. Uma avaliação do potencial de diferentes locais para a discriminação genotípica entre cultivares de milho (*Zea mays* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 2, p. 323-334, 1990.

YAGUSHI, J. T. **Milho: análise da Conjuntura agropecuária**. [Curitiba]: Secretaria de Estado da Agricultura e do Abastecimento: DERAL, out. 2012. Disponível em: <[http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/milho\\_12\\_13.pdf](http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/milho_12_13.pdf)>. Acesso em: 30 jan. 2014.