

### III - Artigo Científico

## Desempenho agrônômico, estabilidade de tipos crioulos e variedades comerciais de milho no semiárido cearense

Marcelo Renato Alves de Araújo<sup>1</sup>, Jorge Luís de Sales Farias<sup>1</sup>, José Nildo Tabosa<sup>2</sup> e Eric Xavier de Carvalho<sup>2</sup>

#### Resumo

O objetivo deste trabalho foi avaliar os efeitos da interação genótipo x ambiente (G×A) na avaliação da produtividade de grãos de milho (t ha<sup>-1</sup>) utilizando a metodologia *Main Additive Effects and Multiplicative Interaction* (AMMI), que além de diferenciar o comportamento entre genótipos é capaz de identificar seu desempenho em diferentes ambientes. Foram analisados dados de rendimento de grãos de dez genótipos testados em quatro localidades dos municípios de Sobral e Forquilha, localizados no estado do Ceará, durante o triênio 2017-2019, utilizando um RCBD com quatro repetições. Os genótipos comerciais foram fornecidos pelo Instituto Agrônômico de Pernambuco (IPA) e pela Embrapa. As variedades crioulas foram fornecidas pelos agricultores. A análise AMMI mostra efeitos significativos para todas as fontes. Além disso, observou-se que os dois primeiros componentes multiplicativos foram responsáveis por 82% da soma dos quadrados da interação. Uma análise Biplot mostra que oito genótipos estão acima da média geral dos experimentos, no entanto, apenas quatro (Agulha – crioulo, Vermelho-crioulo, CMS 36 – IPA, Milho Branco – crioulo e São José-IPA) estão estáveis, com IPCA1 próximo de zero. Observou-se que o único local capaz de discriminar diferenças estatísticas entre os genótipos é o Sítio Areias.

**Palavras-Chave:** AMMI; Interação genótipo-ambiente; variedades crioulas; *Zea mays*.

#### Abstract

**(Agronomic performance and stability of creole types versus commercial corn varieties in semiarid Ceará)** The objective of this work is to evaluate the effects of genotype x environment (G×A) interaction on the maize grain yield (t ha<sup>-1</sup>) evaluation using *Main Additive Effects and Multiplicative Interaction* (AMMI) methodology, which besides differentiating the behavior among genotypes are able to identify their performance in different environments. Grain yield data were analyzed from ten genotypes tested in four locations of Sobral and Forquilha municipalities located in the Ceará State, during the triennium 2017-2019, using a RCBD with four replications. Commercial genotypes were supplied by Agronomic Institute of Pernambuco (IPA) and Embrapa the landrace varieties were supplied by farmers. AMMI analysis shows significant effects for all sources. Also, it was observed that the first two multiplicative components were responsible for 82% of the interaction sum of squares. A Biplot analysis shows that eight genotypes are above of the experiments general mean; however only four (Agulha – landrace, Vermelho- landrace, CMS 36 – IPA, Milho Branco – landrace e São Jose-IPA) are stable, as their IPCA1 scores are near zero. It was observed the only place able to discriminate statistical differences among the genotypes is Sitio Areias.

**Keywords:** AMMI, genotype-environment interaction, landrace varieties, *Zea mays*.

<sup>1</sup>Embrapa Caprinos e Ovinos, Fazenda Três Lagoas, Estrada Sobral/Groáiras, Km 4, CEP 62010-970, Sobral, CE, Brasil. E-mail: marcelo.araujo@embrapa.br, jorge.sales@embrapa.br.

<sup>2</sup>Instituto Agrônômico de Pernambuco, Av. General San Martin n. 1371, CEP 50.761-000, Recife, PE, Brasil. E-mail: nildo.tabosa@ipa.br, eric.carvalho@ipa.br

## Introdução

O déficit hídrico existente no Semiárido Brasileiro (SAB) é fator limitante na produção de cereais, de modo especial, o milho (*Zea mays* L.) (COÊLHO, 2017). Assim, um dos grandes desafios dos agricultores dessa região é a produção de alimentos com recursos cada vez mais escassos e sob mudanças climáticas que tendem a se acentuar através do alongamento de períodos de estiagem. Uma estratégia para amenizar este déficit é a utilização de cultivares de milho tolerantes à escassez de água. EDMÉADES (2008) estimou que grande parte das perdas, devido ao déficit hídrico (25%), pode ser eliminada por meio de melhoramento genético.

Segundo relatório da Organização das Nações Unidas para a Agricultura e a Alimentação (FAO, 2015), as mudanças climáticas afetarão a distribuição de áreas de cultivo de várias espécies. No Nordeste brasileiro, onde já existe tendência de redução do índice pluviométrico (LOPES et al., 2017), refletindo diretamente na redução da segurança alimentar dos agricultores familiares e da população que depende da sua produção de alimentos. Um exemplo deste cenário é a projeção de um severo decréscimo na produção de milho na região do Agreste Nordestino brasileiro (MACHADO FILHO et al., 2016). Alves e Amaral (2011) apontam como desafio a adoção de variedades adequadas para o Semiárido Brasileiro (SAB) e que apresentassem maior resistência e menor impacto ao ambiente, conforme consta na literatura mais recente no âmbito dessas mencionadas linhas temáticas: BARROS; BALENSIFERE e SOUZA (2022); BIANCHETO et al. (2017); MELO e PIMENTA (2020); SANTOS et al. (2021) e SILVEIRA et al. (2015).

Importante salientar que as famílias da região do SAB, ao longo de décadas, desenvolveram a prática de produzir, selecionar e guardar seus próprios recursos genéticos, além de armazená-los em Casas de Sementes Comunitárias (ARAÚJO; FARIAS, 2018). Estas sementes são denominadas sementes crioulas, população crioula, variedade local, tradicional ou crioula (MACHADO, 2014). Ogliari, Kist e Canci (2013) as definem como populações cultivadas, diversas em sua composição genética, bem como adaptadas às condições agroclimáticas particulares, apresentam produtividade intermediária e ou estável, em sistemas agrícolas de baixos insumos.

A quantificação da interação genótipo x ambiente ( $G \times A$ ) é essencial para analisar de forma adequada o comportamento dos genótipos testados em diversos locais, anos, etc (HONGYU et al., 2014). Assim, interação  $G \times A$  deve ser vista como um fenômeno

biológico com implicações no melhoramento genético de plantas e não apenas como um simples efeito estatístico. Nesse aspecto, antes de serem recomendados, os genótipos devem ser avaliados em condições representativas da região alvo. Assim, ensaios de valor de cultivo e uso são conduzidos em diversos ambientes com a finalidade de identificar, entre os genótipos avaliados, aqueles com ampla adaptabilidade e estabilidade de produção como também aqueles com adaptabilidade específica a cada local (FARIA, 2016).

Estudar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica fazem com que se identifique os efeitos da interação  $G \times A$  ao nível de genótipo e ambiente, mostrando ainda a contribuição relativa para a interação total. Várias técnicas de estatística e genéticas têm sido desenvolvidas com o intuito de melhor quantificar este efeito, no entanto, na maioria dos casos, torna-se necessária uma análise criteriosa da estrutura da interação  $G \times A$ . Tradicionalmente, a análise dessa estrutura é superficial, não detalhando os efeitos da complexidade da interação. No estudo da interação genótipo x ambiente ( $G \times A$ ), o método Additive Mean Effects and Multiplicative Interaction Analysis (AMMI) vem se destacando por um maior número de aplicações (YAN et al., 2007; GAUCH, 2013; HONGYU et al., 2015, HONGYU, 2018). O método AMMI permite um detalhamento maior da soma de quadrados da interação  $G \times A$  e traz vantagens na seleção de genótipos quando comparados a outros métodos.

O presente estudo tem como objetivos: a) entender a natureza da interação  $G \times A$  nos diversos ambientes de estudo; b) avaliar o comportamento e a adaptabilidade dos genótipos nos ambientes estudados; e c) determinar a representatividade desses ambientes e a habilidade dos mesmos em discriminar os genótipos avaliados.

## Material e Métodos

Durante o triênio 2017-2019, foram conduzidos oito experimentos, sendo cinco deles localizados no município de Sobral, Ceará, assim distribuídos: dois no Sítio Areias a 95m de altitude, latitude  $-3.65^{\circ}S$  e longitude  $-40.45^{\circ}W$ , dois no Assentamento Casinhas a 127m de altitude, latitude  $-3.73^{\circ}S$  e longitude  $-40.08^{\circ}W$ , e um na Embrapa Caprinos a 94 m de altitude, latitude  $-3.75^{\circ}S$  e longitude  $-40.34^{\circ}W$ . Por fim, três experimentos foram realizados no município de Forquilha, Ceará, no Assentamento Cajazeiras a 94m de altitude e latitude de  $-3.73^{\circ}S$  e longitude de  $-40.18^{\circ}W$ . Cada ambiente foi formado pela combinação linear entre local x ano.

O clima dos municípios dos testes é classificado como Aw segundo a classificação climática de KÖPPEN e GEIGER (1928). Exceto pelo solo da Embrapa, que é um Luvisolo Crômico, nos outros locais são classificados como Neossolos Litólicos (EMBRAPA, 2013).

Foram avaliadas seis variedades de milho crioulo (Agulha, Sabugo Fino Amarelo, Vermelho, Sabugo Grosso Amarelo, Milho Branco e Carço Chato) e quatro variedades de milho comercial (São José, CM6 36 e Azteca – todos originários do IPA e a Gortuba BRS). O delineamento experimental usado foi o de Blocos ao Acaso, com quatro repetições. Cada tratamento foi composto de quatro filas de milho com comprimento de seis metros e cada fila compreendia 12 covas, com espaçamento de 0,50 m entre elas. A distância entre as filas foi de um metro. Em cada cova foram plantadas quatro sementes, sendo desbastadas para duas plantas por cova, 15 dias após a germinação. A área útil das parcelas foi constituída de duas fileiras centrais.

Os experimentos foram estabelecidos no início da estação chuvosa e com 60 dias antes do plantio receberam 15 toneladas de matéria orgânica por hectare.

Assim, a combinação linear entre local e ano determinou a formação dos diversos ambientes.

Durante a condução dos experimentos foram realizadas capinas manuais de acordo com a necessidade de cada experimento. Os seguintes parâmetros foram avaliados: 50% de floração (número de dias em que pelo menos 50% dos pendões das plantas atingiram sua floração), altura das plantas (AP) de seis plantas competitivas e aleatórias de cada parcela, medindo do solo até o início do pendão, produtividade de grãos, por meio da massa de grãos da parcela corrigida para 13% de umidade e expressa em kg.ha-1 e peso de 100 grãos expressos em gramas. Apenas a massa de grãos foi submetida à análise da variância.

O método estatístico usado no desenvolvimento da pesquisa o AMMI permite um detalhamento maior de soma de quadrados da interação G×A e traz vantagens na seleção de genótipos quando comparados a outros métodos.

O modelo AMMI combina dois métodos na sua análise: análise de variância e a decomposição por valor singular em um único modelo. Componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos (gi), ambientes (ej) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação (ge)ij para a resposta média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente sobre r blocos (repetições) foi adotado

um modelo conforme a Equação 1 (GAUCH, 2013; HONGYU et al., 2014; HONGYU, 2018):

$$Y_{ijr} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k Y_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + b_{(r)j} + \varepsilon_{ijr} \quad (1)$$

Na qual,  $Y_{ijr}$  a média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente e no r-ésimo bloco, com  $i=1, 2, \dots, g$ ;  $j=1, 2, \dots, e$  e  $r=1, \dots, h$ ;  $\mu$  é a média geral;  $g_i$  e  $e_j$  são os efeitos do i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente, respectivamente;  $\lambda_k$  é o k-ésimo valor singular da matriz (GE) e com  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_n$ ;  $Y_{ik}$  e  $\alpha_{jk}$  são elementos dos k-ésimos valores singulares correspondentes ao i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente respectivamente;  $\rho_{ij}$  é o resíduo da interação G×E; n é o número de eixos ou componentes principais retidos pelo modelo; r é o número de repetições ou blocos;  $b_{(r)j}$  é o efeito do r-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente e  $\varepsilon_{ijr}$  é o erro médio experimental associado ao i-ésimo genótipo ej-ésimo ambiente no r-ésimo bloco, assumidos independentes e  $\varepsilon_{ijr} \sim N(0, \sigma^2 r)$ .

Na primeira fase, os efeitos principais na parte aditiva (média geral, efeitos de genótipos e ambientes) são ajustados por uma análise de variância comum aplicada à matriz de média ( $Y_{(g \times e)}$ ), resultando em um resíduo de não aditividade, isto é, na interação G×E, dada por  $(ge)_{ij}$ , essa interação constitui a parte multiplicativa do modelo. Na segunda fase, a interação é analisada pela decomposição em valores singulares (DVS) ou por análise de componentes principais da matriz de interações ( $GE_{(g \times e)} = [(ge)_{ij}]$ ) (HONGYU et al., 2014).

A matriz GE, representada pela Equação 2, e a matriz de interação entre os genótipos e os ambientes, matriz de resíduo dos efeitos principais, em que cada elemento  $(ge)_{ij}$  de GE são dados por Guach (2013) e HONGYU et al., (2015):

$$(ge)_{ij} = Y_{ij} - Y_i - Y_j + Y_{..} \quad (2)$$

Na qual  $Y_{ij}$  é a média das repetições do genótipo i no ambiente j, com  $i=1, 2, \dots, g$  e  $j=1, 2, \dots, e$ ;  $Y_i$  é a média do genótipo i;  $Y_j$  é a média do ambiente j e  $Y_{..}$  é a média geral do experimento.

Existem inúmeras técnicas para atribuir os graus de liberdade a um modelo AMMI, um dos procedimentos usuais consiste em determiná-los associando à cada parcela da SQG×E, ou seja, associada a  $\lambda k^2$ , relacionada a cada membro da família de modelos AMMI, obtendo-se o quadrado médio (QM) correspondente a cada parcela (ou modelo), em seguida, é obtido um teste F avaliando-se a significância de cada componente em relação ao

QMErro médio. Isso resulta em um quadro de análise de variância semelhante ao tradicional, com desdobramento para fonte de variação da interação  $G \times E$  (GAUCH, 2013; HONGYU et al., 2015).

Dessa forma, a definição do número de eixos a serem retidos para explicar o padrão relacionado à interação leva em consideração a proporção da  $SQG \times E$  acumulada até o  $n$ -ésimo eixo ( $\sum \lambda_k^2 n k = 1/SQG \times E$ ). O ponto de parada que determina a seleção do modelo (AMMI0, AMMI1, ..., ou AMMIF) baseia-se na significância do teste F para os sucessivos termos da interação (HONGYU et al., 2015). O método de GOLLOB (1968), apresentado na Equação 3, é um dos mais utilizados para atribuir graus de liberdades a um modelo AMMI

$$GL(PC_k) = g + e - 1 - 2k \quad (3)$$

Na qual,  $k=1, 2, \dots, p$ ,  $p=\min(g-1, e-1)$ , e onde o  $PC_k$  é o  $k$ -ésimo eixo do componente principal.

Na análise AMMI, considera-se a possibilidade de representar em um único gráfico, os efeitos de interação para cada genótipo e cada ambiente no biplot baseando-se na aproximação de DVS da matriz de GE (interação genótipo  $\times$  ambiente). O conceito de biplot foi desenvolvido por GABRIEL (1971) como uma representação gráfica que apresenta ambas as entradas (por exemplo, cultivares) e os testadores (por exemplo, ambientes) de um conjunto de dados em uma tabela de dupla entrada. O biplot permite a visualização dos dados conforme as seguintes propriedades: a) inter-relação entre as entradas (por exemplo, genótipos); b) inter-relação entre os testadores (por exemplo, ambientes); c) inter-relação entre as entradas e as interações (DIAS et al., 2014).

Os gráficos biplot utilizados para o estudo da interação, construídos em duas dimensões, geralmente apresentam dois tipos de gráficos AMMI. O primeiro, o gráfico biplot1, é apresentado no eixo das abcissas os efeitos principais (médias dos genótipos e dos locais e no eixo das ordenadas os escores do primeiro eixo de interação, já o segundo, o biplot2, apresenta somente os efeitos da interação, no eixo das abcissas dos escores do primeiro eixo de interação e no eixo das ordenadas os escores do segundo eixo de interação (HONGYU et al., 2015).

## Resultados e Discussão

As precipitações pluviométricas durante o ciclo da cultura foram abundantes, variando de 495 mm

(Assentamento Cajazeiras-2018) até 904 mm (Sítio Areias-2019). Entretanto, apesar da quantidade de chuva total ter sido elevada, grande parte destas precipitações foi escoada devido ao tipo de solo existente no Assentamento Cajazeiras (Forquilha/CE) e no Sítio Areias (Sobral/CE) que são Neossolos Litólicos. Estes solos são rasos e apresentam uma pedregosidade elevada na superfície com afloramento de rocha. Já o experimento localizado na Embrapa (Sobral/CE), o solo é propenso ao alagamento (Luvissolo Crômico). Essa situação de má drenagem impediu inclusive que o experimento fosse repetido em 2019 naquele local.

No ambiente da Embrapa (Sobral/CE) em 2018, a quantidade de chuvas precipitada do plantio até a segunda dezena de março, foi de 219 mm, ocasionando um alagamento no solo, o que implicou no atraso de operações básicas como desbaste e limpas, além do atraso no desenvolvimento da cultura. Associado a isso, a ocorrência de chuvas torrenciais no final de março até meados de abril, agravaram de sobremaneira o desenvolvimento da cultura devido a falta de drenagem do solo. Entre 40-60 dias após o plantio, ocorreram novas chuvas torrenciais que também ocasionaram um segundo alagamento do experimento.

Através dos anos, tanto no Sítio Areias (Sobral/CE) como no Assentamento Cajazeiras (Forquilha/CE), observaram-se várias precipitações diárias maiores que 80mm. Entretanto, devido ao tipo e característica do solo, grande parte destas chuvas foram perdidas devido a falta de capacidade deste na retenção de água. Em ambos os locais, observou-se que no período de 30-40 dias após o plantio, as chuvas foram escassas causando o aparecimento da praga *Elasmopalpus lignosellus* (Zeller), afetando o desenvolvimento das plantas. Outros veranicos ocorreram, geralmente em torno de 70 dias após o plantio, possibilitando o aparecimento severo da lagarta do cartucho [*Spodoptera frugiperda* (Smith)], ocasionando decréscimo na produtividade da cultura.

A situação acima descrita é uma característica dos sertões nordestinos, caracterizados por chuvas irregulares, longos períodos de estiagens e secas recorrentes que afetam principalmente os pequenos agricultores familiares da região, tornando-os bastante vulneráveis às mudanças climáticas futuras (COELHO, 2017).

A análise da variância individual de cada experimento foi efetuada (Tabela 1). A partir dela, constatou-se que os coeficientes de variação (CV) para produtividade de milho, em Casinhas-2017 e Casinhas-2018 foram 32,43% e 31,90%, respectivamente. Assim,



devido à falta da precisão experimental, foram excluídos da análise conjunta. Os outros seis ambientes apresentaram CV que oscilaram entre 7,90% e 18,26% (Tabela 1). A relação entre o maior e o menor dos quadrados médios dos resíduos individuais foi de 3,43 e, portanto, menor que sete. Este valor de referência foi sugerido por CRUZ et al. (2012). Sendo assim, as

variâncias residuais de seis ambientes foram consideradas homogêneas, permitindo assim a aplicação da análise conjunta entre estes ambientes. Os dados de produtividade média de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ) das dez variedades de milho e a média de cada ambiente são apresentados na Tabela 2.

**Tabela 1.** Análise de variância para os diferentes ambientes estudados (A1=Casinhas-2017, A2=Cajazeiras-2017, A3=Casinhas-2018, A4=Cajazeiras-2018, A5= Sítio Areias-2018, A6=Embrapa-2018, A7=Sítio Areias-2019, A8=Cajazeiras-2019).

FV	GL	Quadrados Médios							
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8
Repetições	3	0,481	0,759	0,462	0,159	0,064	0,127	0,074	0,167
Genótipos	9	0,547	0,139	0,747	0,118	0,352**	0,038	0,566**	0,100
Resíduo	27	0,368	0,064	0,403	0,176	0,098	0,054	0,185	0,063
CV (%)		32,43	16,52	31,90	18,26	11,82	7,90	14,55	11,77

\*\* Significativo  $p < 0,01$

**Tabela 2.** Médias de produtividade de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ), por ambiente, dos dez genótipos de milho testados em seis ambientes da Zona Norte do Estado do Ceará durante o triênio 2017-2019†.

Genótipos de Milho	Cajazeiras-17	Cajazeiras-18	Cajazeiras-19	Areias-18	Areias-19	Embrapa-18
Agulha	1,425 a	2,012 a	2,270 a	2,357 ab	2,931 ab	2,357 a
Sabugo Fino Amarelo	1,527 a	2,391 a	2,120 a	2,996 ab	3,721 a	3,020 a
Vermelho	1,414 a	2,124 a	2,180 a	2,559 ab	2,807 ab	2,328 a
Sabugo Grosso Amarelo	1,214 a	2,049 a	2,434 a	2,121 b	2,055 b	2,970 a
Milho Branco	1,619 a	2,778 a	2,315 a	3,008 ab	3,384 a	3,300 a
Caroço Chato	1,441 a	2,274 a	1,900 a	2,579 ab	3,683 a	2,961 a
São José	1,946 a	2,661 a	2,901 a	3,206 a	3,338 a	3,428 a
CMS 36	1,555 a	2,124 a	1,887 a	2,604 ab	3,007 ab	2,974 a
Azteca	1,838 a	2,549 a	1,816 a	2,792 ab	2,620 ab	2,900 a
Gorutuba BRS	1,443 a	2,950 a	2,099 a	2,301 ab	2,068 b	3,236 a
Média	1,542 D	2,341 C	2,193 C	2,652 B	2,961 A	2,947 A

\*Valores seguidos da mesma letra minúscula, dentro da mesma coluna, não foram estatisticamente diferentes (Teste de Tukey,  $p > 0,01$ ).

† Valores seguidos pela mesma letra maiúscula, dentro da mesma rua, são estatisticamente diferentes (Teste de Tukey,  $p > 0,01$ )

Não foi possível detectar diferenças significativas entre os genótipos nos ambientes de Cajazeiras (2017-2019) e EMBRAPA (2018). Entretanto, no Sítio Areias, em 2018 e 2019, verificou-se que os

genótipos diferem entre si ao nível de significância de 0,01 pelo Teste de Tukey (Tabela 2). Os ambientes diferem significativamente entre si, sendo a média ambiental da Embrapa-2018 e Areias-2019 superiores aos

demais ambientes, de acordo com o teste de Tukey ao nível de 1% de significância. Salienta-se que as produtividades obtidas estão relacionadas especialmente ao tipo de solo e ao não uso de insumos externos (fertilizantes, pulverizações, etc.), como também à distribuição das chuvas durante o período experimental. A literatura reporta que as perdas em produtividade de grãos em milho, devido a estresses hídricos ocorridos em torno da floração e do período de enchimento de grãos podem ser de até 90% (BADU-APRAKU et al., 2013).

As produtividades dos genótipos refletem a resiliência dos produtores em desenvolverem suas práticas agrícolas em áreas marginais e é, portanto, neste ambiente que eles processam suas atividades, usando técnicas pré-mendeliana de melhorar, produzir e guardar sua própria semente (ARAÚJO; FARIAS, 2018).

Na Tabela 3, apresenta-se a análise conjunta, bem como o desdobramento da interação G x A efetuada para os dados de produtividade de milho ( $t\ ha^{-1}$ ). Verifica-se, ao nível de 1% de significância ( $p < 0,01$ ) que o efeito da interação G x A foi significativo. O resultado de maior interesse nesta Tabela, pela análise AMMI, é a soma dos quadrados da interação G x A, ( $SQ\ G\ x\ A = 18,391$ ), que corresponde à soma dos autovalores, que pode estar inflada devido à presença de ruídos na variável resposta. Em virtude disto, se faz necessário realizar um ajuste na interação por decomposição em valores singulares, aplicadas à matriz de interação G x A, que foi decomposta em cinco componentes principais (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

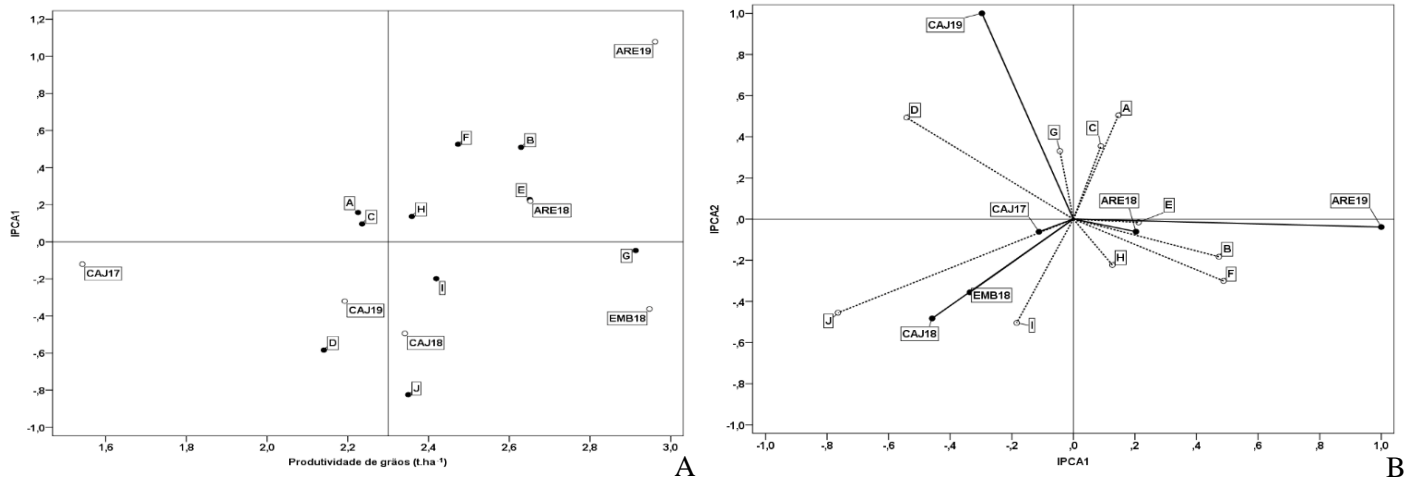
**Tabela 3.** Análise de variância, corrigida pelo número de repetições, para produção de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ) de dez genótipos de milho em seis ambientes do semiárido do Ceará, com o detalhamento do efeito interação utilizando a metodologia AMMI.

F.V.	GL	SQ	% SQ	QM	F Gollob
Ambientes (A)	5	58,062	-	11,612	-
Repetição/Ambientes	18	20,461	-	-	-
Genótipos (G)	9	11,956	-	1,329	3,25**
Interação G×A	45	18,391	-	0,409	3,72**
IPCA <sub>1</sub>	13	11,612	63,14	0,893	8,11**
IPCA <sub>2</sub>	11	3,518	19,13	0,320	2,90*
IPCA <sub>3</sub>	9	1,958	10,64	0,217	ns
IPCA <sub>4</sub>	7	0,977	5,31	0,140	ns
IPCA <sub>5</sub>	5	0,326	1,77	0,063	ns
Erro Médio	162	-	-	0,110	

\*\* Significativo 1% ( $p < 0,01$ ); \* significativo 5% ( $p < 0,05$ ); ns: não significativo; IPCA: % da decomposição soma dos quadrados da interação G×A nos eixos 1, 2, 3, 4 e 5.

Observa-se pelos resultados apresentados na Tabela 3, que os dois primeiros eixos principais (IPCA1 e IPCA2) foram significativos com ( $p < 0,01$  e  $p < 0,05$  respectivamente), de acordo com o teste de teste de GOLLOB (1968). O IPCA1 explicou 63,14 da variação SQ (G x A) com 13 graus de liberdade, enquanto o IPCA2

explicou 19,13% da variação com 11 graus de liberdade. Como eles explicaram 82,27% da variação total da interação G x A, eles são suficientes para avaliar estabilidade e adaptabilidade dos genótipos bem como o efeito da interação utilizando os biplots AMMI1 AMMI2 (Figura 1).



**Figura 1.** Biplot da análise AMMI1 (1A) e AMMI2 (1B) para os dados de produtividade de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ), em milho com dez genótipos (A, B, C, D, E, F, G, H, I e J) e seis ambientes (ARE18, ARE19, CAJ17, CAJ18, CAJ19 e EMB18). Fonte: Elaboração própria.

O biplot AMMI1 (Figura 1A) mostra as médias de produção de genótipos e ambientes no eixo das abcissas e os escores do IPCA1 para genótipos e ambientes nos eixos das ordenadas. Este gráfico mostra a variação dos efeitos aditivos dos genótipos e ambientes. Os genótipos H (CMS-36), F (Caroço Chato), B (Sabugo Fino Amarelo), E (Milho Branco), G (São José), I (Azteca), J (Gorutuba BRS) apresentaram produtividade acima da média por possuírem valores médios de toneladas por hectare superiores a 2.3. Os genótipos A (Agulha), C (Vermelho), H (CMS-36), E (Milho Branco) e G (São José) por sua vez, se mostraram, estáveis, pois seus escores referentes ao IPCA1 variam entre 0,2 e -0,2, próximos de zero (DUARTE; VENCOVSKY, 1999; OLIVEIRA; FREITAS; JESUS, 2014). Sendo que A (Agulha) e C (Vermelho), por não estarem especificamente associados a nenhum dos seis ambientes de avaliação, podem ser então recomendados para qualquer dos ambientes de avaliação. Os genótipos H (CMS-36), F (Caroço Chato), B (Sabugo Fino Amarelo) e E (Milho Branco) são adaptados ao local Areias, independente do ano em que os testes foram realizados. Os genótipos G, J e I são associados aos ambientes EMB18 e CAJ18. Por último, o genótipo D (Sabugo Grosso Amarelo) é associado aos ambientes CAJ17 e CAJ19.

No biplot AMMI2 (Figura 1B), os dois eixos explicam uma variação de 82,27% da interação  $G \times A$  e apesar de apresentar resultados similares ao AMMI1, possui a vantagem de incorporar na análise o eixo do IPCA2. Neste biplot, as linhas que conectam coordenadas ambientais e/ou genotípicas com o centro de origem do biplot são denominadas de vetores (YAN; THINKER, 2006; MIROSAVLJEVIC et al., 2018). Ângulos entre os

vetores determinam a relação entre os ambientes como também entre genótipos e ambientes. Se o ângulo for obtuso, então eles são negativamente correlacionados. Se o ângulo for agudo, são positivamente, caso o ângulo seja de  $90^\circ$ , eles não são associados.

Assim, com a adição do IPCA2, as inferências relativas à associação entre genótipos e ambientes ficam mais claras de entendimento. A partir dos resultados encontrados e apresentados na Figura 1B, observa-se que os ângulos de associação entre os genótipos H (CMS 36), F (Caroço Chato), B (Sabugo Fino Amarelo) e E (Milho Branco) com o ambiente Areias (ARE18 e ARE 19) são agudos, o que indica uma correlação positiva, independente do ano que ocorreu a avaliação. Este resultado confirma a situação indicada anteriormente na Figura 1A.

Os genótipos C (Vermelho), A (Agulha), G (São José) e D (Sabugo Grosso Amarelo) estão associados aos ambientes CAJ19 por apresentarem ângulos agudos com o mesmo. Já os genótipos I (Azteca) e J (Gorutuba BRS) estão mais associados aos ambientes da EMB18 e CAJ18, conforme pode ser observado na Figura 1B.

O gráfico demonstra que os ambientes correlacionados entre si são: EMB18, CAJ17, CAJ18. No entanto, estes ambientes não foram capazes de discriminar diferenças significativas entre os genótipos (Tabela 2). Já os ambientes Areias (ARE18 e ARE19) são positivamente correlacionados, mas não são correlacionados com nenhum dos outros ambientes da pesquisa, pois os ângulos entre a localidade de Areias e as outras localidades são obtusos.

A escolha de genótipos testados em ambientes adversos depende da performance destes, como também

do efeito da interação  $G \times A$ . O que a pesquisa pode observar é que apesar de alguns fatores ambientais (tipo de solos e práticas de manejo da cultura, por exemplo), serem idênticos nos ambientes analisados através dos anos, outros fatores, especialmente aqueles dependentes de cada ano tais como, precipitação pluvial, veranicos e ataque de pragas exercem grande influência sobre a interação  $G \times A$ , e conseqüentemente, na discriminação e no ranking dos genótipos (BADU-APRAKU, 2013; MIROSAVLJEVIV et al., 2018). A distribuição das chuvas nos anos do triênio da pesquisa, veranicos e ataque de pragas por exemplo, devem ter contribuído para a não correlação entre os diferentes anos e na discriminação dos diversos genótipos.

Por fim, considerando que apenas a localidade Areias, tanto em 2018 e 2019, foi a única com a capacidade de discriminar os genótipos (Tabela 3), a literatura recomenda que esta localidade deve ser usada para futuras avaliações de variedades de milho na região do norte do semiárido cearense (BADU-APRAKU et al., 2013; MIROSAVLJEVIV et al., 2018).

## Referências

- ALVES, H. C. R.; AMARAL, R. F. Produção, área colhida e produtividade do milho no Nordeste. **Informe Rural Etene**, v. 5, p. 1-9, 2011.
- ARAÚJO, M. R. A.; FARIAS, J. L. S. **Identificação e caracterização de recursos genéticos crioulos visando o fortalecimento da autonomia dos agricultores familiares no Semiárido cearense**. Sobral-CE: Embrapa, 2018.
- BADU-APRAKU, B. et al. Assessing the representativeness and repeatability of testing sites for drought-tolerance maize in West Africa. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 93, p. 699-714, 2013.
- BARROS, R. C.; BALENSIFERE, P. H. M.; SOUZA, N. L. O. Rede de sementes crioulas do Agreste Meridional de Pernambuco - Rede SEMEAM: história trajetória e atuação. **Brazilian Journal of Agroecology and Sustainability**, v. 4, p. 73-89, 2022.
- BIANCHETTO, R. et al. Desempenho agrônômico de milho crioulo em diferentes níveis de adubação no Sul do Brasil. **Revista Eletrônica Científica da UERGS**, v. 3, p. 528-545, 2017.
- COELHO, J. S. Produção de grãos: feijão, milho e soja. **Caderno Setorial Etene**, v. 2, p. 1-13, 2017.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
- DIAS, T.S. et al. **A metodologia AMMI: com aplicação ao melhoramento genético**. Piracicaba: ESALQ, 2014. 169p.
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise "AMMI"**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60p.
- EDMEADES, G. O. Drought tolerance in maize: an emerging reality: a feature. In: JAMES, C. (Ed.). **Global status for commercialized Biotech/GM crops**. Ithaca: The International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications (ISAAA). p. 195-217. 2008.
- EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa, 2013. 353p.

## Conclusão

A utilização do modelo AMMI é eficaz para a exploração da interação  $G \times A$ , com a vantagem de explicar a parcela das somas de quadrados da interação  $G \times A$ , o que possibilitou uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

Exceto pela localidade Areias (Sobral/ CE) todos os outros ambientes não apresentam representatividade e ou discriminantes na seleção dos genótipos testados.

Exceto pelas variedades CMS-36 e Carço Chato, que são estáveis, os outros são ambientes específicos, que é uma característica dos genótipos quando submetidos a intensa seleção local.

O Sítio Areias é o ambiente onde futuros testes de avaliação genotípica devem ser realizados, pois este ambiente é capaz de discriminar os diferentes genótipos.



FAO. **Coping with climate changes: the role of genetic resources for food and agriculture.** Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2015.

FARIA, S. V. **Adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho pelos métodos de Eberhart & Russell, centróide, AMMI e Modelos Mistos.** 2016. 33f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

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

GAUCH, H. G. A Simple protocol for AMMI analysis of yield trials. **Crop Science**, v. 53, p.1860-1869, 2013.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v. 33, p. 73-115, 1968.

HONGYU, K. et al. Comparação entre os modelos AMMI e GGE biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 33, p. 139-155, 2015.

HONGYU, K. Adaptability, stability and genotype by environment interaction using the AMMI model for multi-environment trials. **Biodiversity**, v. 17, p. 10-21, 2018.

HONGYU, K et al. Statistical analysis of yield trials by AMMI analysis of genotype x environment interaction. **Biometrical Letters**, v. 51, p. 89-102, 2014.

KÖPPEN, W.; GEIGER, R. **Klimate der Erde.** Gotha: Verlag Justus Perthes. 1928.

LOPES, L. et al. Variação do índice de aridez e tendência climática à desertificação para a região semiárida do nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 10, p. 1014-1026, 2017.

MACHADO FILHO, H. et al. **Mudança do clima e os impactos na agricultura familiar no Norte e Nordeste do Brasil.** Brasília: Centro Internacional de Políticas para o Crescimento Inclusivo (IPC-IG), 2016. 68p.

MACHADO, A. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 9, p. 35-50, 2014.

MELO, R. E.; PIMENTA, R. M. B. Adubação NPK para o milho tipo crioulo, variedade cateto amarelo. **Ambiência Guarapuava**, v. 16, p. 1002–1011, 2020.

MIROSAVLJEVIV, M. et al. Identification of favorable testing locations for barley breeding in South Pannonian Plain. **Journal of Agricultural Sciences**, v. 24, p. 303-311, 2018.

OGLIARI, J. B.; KIST, V.; CANCI, A. The participatory genetic enhancement of a local maize variety in Brazil. In: BOEF, W.S. et al. (Eds). **Community biodiversity management, promoting resilience and the conservation of plant genetic resources.** Oxon: Routledge. p. 265-271. 2013.

OLIVEIRA, E, J. et al. AMMI analysis of the adaptability and yield stability of yellow passion fruit varieties. **Scientia agrícola**. v.71, p. 139-145. 2014.

SANTOS, C. M. dos et al. Qualidade fisiológica de sementes de crioulas de milho e feijão de pequenos agricultores de Ituiutaba-MG. **Research, Society and Development**, v. 10, p. 1-15, 2021.

SILVEIRA, D. C. et al. Caracterização agromorfológica de variedades de milho crioulo (*Zea mays* L.) na região noroeste do Rio Grande do Sul. **Revista Ciência e Tecnologia**, v. 1, p. 1-11, 2015.

YAN, W. et al. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**. v. 47, p. 643-655, 2007.

YAN, W., THINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trials data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**. v. 86, p. 623-645, 2006.