



ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE HÍBRIDOS DO MILHO PELO PROCEDIMENTO ESTATÍSTICO AMMI - BAYESIANO

Valentina de Lourdes Milani Craft¹, Carlos Alberto Scapim², Guilherme Jordão de Magalhães Rosa³

¹Universidade Estadual de Maringá (vlmilani@uem.br),

²Universidade Estadual de Maringá (cascapim@uem.br)

³University of Wisconsin - Madison (grosa@wisc.edu)

RESUMO

O aparecimento da cercosporiose (*Cercospora zae-maydis*) foi identificada a partir de 1924 nos EUA, e no Brasil, pela primeira vez no ano de 2000-2001, afetando com severidade vários híbridos de milho causando grandes perdas na produção, tornando uma das doenças mais importantes na cultura do milho. Devido o milho ter herança quantitativa, possui forte influência do ambiente, sendo necessário, na etapa de lançamento de cultivares, o conhecimento da adaptabilidade e da estabilidade dos genótipos, para amenizar os efeitos da interação genótipo ambiente ($G \times E$) e facilitar a recomendação de cultivares. Portanto, a avaliação da interação genótipos \times ambientes ($G \times E$) é de extrema importância para recomendação de genótipos. Os dados apresentados nesse trabalho referem-se ao nível de severidade de cercosporiose, coletados em 36 cultivares de milho no Brasil em oito diferentes ambientes sob delineamento experimental de blocos inteiramente casualizados, com duas repetições. O objetivo deste estudo é verificar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em seus ambientes e quantificar a interação $G \times E$ da doença foliar, por meio do Bayesian Additive Main Effects and Multiplicative Interaction– Bayesian AMMI, sendo que seu uso propicia estimativas mais precisas de componentes de variância, parâmetros genéticos, valores genéticos e ganhos genéticos. Os resultados obtidos indicam que dentre os 36 genótipos analisados em cada localidade o genótipo a ser recomendado é G4, apresentando baixa interação $G \times E$ e baixa severidade da doença. As localidades de Goiânia, Goianésia e Campo Mourão apresentaram maior estabilidade com relação a cercosporiose contribuindo menos para a variabilidade observada. Os genótipos que apresentaram adaptação específica são, Goianésia G14, Goiás G12, Jataí G8, Planaltina G20 e G34, São Sebastião do Paraíso G3, G6, G10 e G24.

Palavras chave: AMMI-Bayesiano, estabilidade, adaptabilidade, interação genótipo ambiente.

Agradecimentos: A CAPES pela concessão de bolsa, ao Prof^o Guilherme Rosa da Universidade Wisconsin-Madison-Wi. pela co-orientação e acolhimento, ao Prof^o Scapim do PPG pela orientação.