



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

Valentina de Lourdes Milani Craft<sup>1</sup>, Carlos Alberto Scapim<sup>2</sup>, Guilherme Jordão de Magalhães Rosa<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Maringá ([vlmilani@uem.br](mailto:vlmilani@uem.br)),

<sup>2</sup>Universidade Estadual de Maringá ([cascapim@uem.br](mailto:cascapim@uem.br))

<sup>3</sup>University of Wisconsin - Madison ([grosa@wisc.edu](mailto: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 x 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<sup>o</sup> Guilherme Rosa da Universidade Wisconsin-Madison-Wi. pela co-orientação e acolhimento, ao Prof<sup>o</sup> Scapim do PPG pela orientação.