



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

**ENVIROMICS E MODELAGEM PREDITIVA APLICADAS
AO MELHORAMENTO DE MILHO (*Zea mays* L.) NO
SEMIÁRIDO BRASILEIRO**

GABRIEL OLIVEIRA MARTINS



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO E PESQUISA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRICULTURA E BIODIVERSIDADE**

GABRIEL OLIVEIRA MARTINS

**ENVIROMICS E MODELAGEM PREDITIVA APLICADAS AO MELHORAMENTO
DE MILHO (*Zea mays* L.) NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Doutorado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Doutor em Ciências”.

Orientador
Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL
2026

**FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE**

M386e Martins, Gabriel Oliveira.
 Enviromics e modelagem preditiva aplicadas ao melhoramento
 de milho (*Zea mays* L.) no semiárido brasileiro / Gabriel Oliveira
 Martins; orientador Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira. – São
 Cristóvão, SE, 2026.
 103 f.; il.

 Tese (doutorado em Agricultura e Biodiversidade) –
 Universidade Federal de Sergipe, 2026.

 1. Agrobiodiversidade. 2. Milho – Melhoramento genético. 3.
 Modelagem. 4. Meio ambiente. 5. Interação genótipo - Ambiente. 6.
 Sistemas de integração geográfica. I. Oliveira, Gustavo Hugo Ferreira
 de, orient. II. Título.

CDU 633.15

GABRIEL OLIVEIRA MARTINS

**ENVIROMICS E MODELAGEM PREDITIVA APLICADAS AO MELHORAMENTO
DE MILHO (*Zea mays* L.) NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Sergipe, como parte das exigências do Curso de Doutorado em Agricultura e Biodiversidade, área de concentração em Agricultura e Biodiversidade, para obtenção do título de “Doutor em Ciências”.

APROVADA em 14 de julho de 2026.

Prof^a. Dra. Renata Silva Mann – UFS

Prof. Dr. Marcelo Augusto Gutierrez Carnelossi – UFS

Prof. Dr. Lucas Da Silva Santos – UFRA

Prof. Dr. Alysson Jalles da Silva - BAYER

Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira
UFS
(Orientador)

SÃO CRISTÓVÃO
SERGIPE – BRASIL

"Ao sobrevir das chuvas, a terra, como vimos, transfigura-se em mutações fantásticas, contrastando com a desolação anterior.

Os vales secos fazem-se rios. Insulam-se os cômodos escavados, repentinamente verdejantes. A vegetação recama de flores, cobrindo-os, os grotões escancelados, e disfarça a dureza das barrancas, e arredonda em colinas os acervos de blocos disjuntados de sorte que as chapadas grandes, entremeadas de convas, se ligam em curvas mais suaves aos tabuleiros altos. Cai a temperatura. Com o desaparecer das soalheiras anula-se a secura anormal dos ares. Novos tons na paisagem: a transparência do espaço salienta as linhas mais ligeiras, em todas as variantes da forma e da cor.

Dilatam-se os horizontes. O firmamento, sem o azul carregado dos desertos, alteia-se, mais profundo, ante o expandir revivescente da terra.

E o sertão é um vale fértil. É um pomar vastíssimo, sem dono.

Depois tudo isto se acaba. Voltam os dias torturantes; a atmosfera asfíxiadora; o empedramento do solo; a nudez da flora; e nas ocasiões em que os estios se ligam sem a intermitência das chuvas -o espasmo assombrador da seca."

Euclides da Cunha, in: Os Sertões

"À vida em toda a sua profundidade, que se renova em ciclos e reencarnações, ensinando-nos que a evolução não é um salto, mas um caminho paciente, feito de descobertas, reencontros, reparações e conquistas silenciosas, na busca sincera da plenitude do ser."

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade da vida e pela graça de aprender, recomeçar e evoluir através de caminhos que, embora muitas vezes incompreensíveis de imediato, revelaram-se necessários. À espiritualidade amiga, pelo amparo silencioso, pela intuição que guiou minhas dúvidas e pela força que sustentou meu cansaço.

Aos meus pais, Maria da Conceição Oliveira Martins (Ceixa) e Carlos Alberto Dantas Martins (Kaká), pelo amor incondicional, pelos valores que me legaram e pelo exemplo vivo de dignidade, trabalho e perseverança. Cada conquista minha, inclusive esta Tese de Doutorado, está profundamente alicerçada no que recebi de vocês em forma de cuidado, nas renúncias que fizeram para que pudéssemos estudar e no apoio e confiança absoluta que sempre nos dedicaram. Este título é, acima de tudo, o reflexo do suor e dos sonhos de vocês.

À minha esposa, Paula Regina Barros de Lima, pela paciência nas minhas ausências, pelo apoio nos momentos de incerteza e pela total compreensão diante das longas horas de estudo e pesquisa. Obrigado por acreditar em mim mesmo quando eu duvidava e pensava em desistir do doutorado – e foram muitas as vezes em que seu amor me sustentou.

Aos meus maiores tesouros, meus filhos: Carlos Alberto Neto (Kaká Neto), Beatriz Moreira (Bia), Clarice Barros e Isis Gabriela. Vocês são a razão maior de cada passo que dou e a luz que iluminou os dias mais exaustivos desta jornada. Obrigado por serem minha inspiração diária e por me ensinarem, através da simplicidade, que o verdadeiro sentido de todo o meu esforço é construir um futuro digno para vocês. Tudo o que sou e conquisto está dedicado a plantar em seus corações um legado eterno de amor, caráter, estudo, empatia e esperança.

Aos meus irmãos, Carlos Sebastião (Sebah), Carlos Henrique e Maria Zilda, testemunhas e parceiros desta trajetória desde sempre. Minha gratidão pelos estímulos permanentes, pelo refúgio de nossas conversas nos momentos de maior tensão e por todo o suporte diante de cada necessidade ou incerteza, que se fez profundamente necessário e reconfortante. Obrigado por podermos caminhar e evoluir juntos.

In memoriam, à minha querida avó e madrinha, Vovó Finha (Josefa Moreira de Oliveira), que partiu para a eternidade em 11 de julho de 2025, mas permanece mais viva do que nunca em minha memória e em meu coração. Sua torcida fervorosa, seu apoio incondicional e sua fé inabalável foram o combustível que me sustentou nos dias mais difíceis, quando o cansaço me fazia pensar em desistir. Esta Tese de Doutorado também é sua, ela é o fruto direto das suas orações, dos seus conselhos e da força silenciosa que você, agora do plano espiritual, continua a me oferecer. Minha eterna gratidão e amor além da vida.

Aos meus amigos, que compreenderam minhas ausências, respeitaram meus momentos de recolhimento e, ainda assim, permaneceram ao meu lado. Obrigado por ofertarem palavras

de encorajamento nas horas certas e por partilharem comigo as pequenas grandes alegrias ao longo desse percurso. A presença de vocês tornou a jornada mais leve.

Ao meu orientador, Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira, pela confiança depositada, pela orientação firme e respeitosa, pelas críticas construtivas e pelo rigor acadêmico que contribuíram decisivamente para a qualidade deste trabalho. Sua postura como pesquisador e ser humano permanece como referência para minha trajetória profissional e intelectual.

In memoriam, à pequena Sophie Oliveira, filha do meu orientador, que retornou à pátria espiritual com apenas 10 meses de vida, em maio de 2024. À luz do Evangelho segundo o Espiritismo, sua breve passagem nos recorda que os espíritos mais puros muitas vezes vêm à Terra por pouco tempo, como mensageiros de amor, convidando-nos a confiar na justiça e na misericórdia de Deus, mesmo quando não compreendemos plenamente os Seus desígnios. Sua presença breve, mas intensa, iluminou corações, ensinando-nos sobre a pureza do amor, a delicadeza do tempo e o valor de cada instante compartilhado. Que esta Tese seja também um gesto de carinho à sua memória e um tributo à força com que sua família tem reencontrado caminhos de fé, coragem e esperança, transformando lágrimas em aprendizado e saudade em amor que não acaba, certos de que nenhum laço verdadeiro se perde e que o reencontro, um dia, é promessa da própria vida espiritual.

Ao Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), agradeço a cada membro por cada contribuição, por menor que pareça, por ter sido parte essencial desta caminhada, que não termina nesta Tese, mas segue, como tudo na vida, em constante evolução.

À Universidade Federal de Sergipe e ao Programa de Pós-graduação em Agricultura e Biodiversidade, que transformou esse sonho em realidade. Através da Prof.^a Dra. Renata Mann, agradeço a cada professor e funcionário do programa. Meu muito obrigado também aos amigos e colegas com quem tive o privilégio de dividir salas de aula, laboratórios e projetos marcantes.

Aos membros da banca, Alysson Jalles, Lucas Da Silva, Marcelo Carnelossi, Renata Mann, André Quintão e Hudson Rabelo, meu muito obrigado pela presença, pelo olhar cuidadoso sobre esta pesquisa e por aceitarem o convite para fazer parte deste momento tão importante da minha trajetória acadêmica.

Ao Governo do Estado de Pernambuco, pelo apoio institucional que tornou possível a concretização desta pesquisa, reafirmando o compromisso com a educação, a ciência e a transformação social.

À FAPITEC/SE, pelo suporte e incentivo à pesquisa, fundamentais para a viabilização deste estudo e para o fortalecimento da produção científica em nosso país.

A todos que, de forma direta ou indireta, contribuíram para que este trabalho se realizasse, meu **Muito Obrigado!!!!**

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	i
LISTA DE TABELAS	v
LISTA DE ABREVIATURAS, SÍMBOLOS E SIGLAS	vi
RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	14
4. ARTIGO 1: Optimizing maize hybrids recommendation in Northeast Brazil: multi-trait selection and envirotyping techniques in multi-environment trials	23
Abstract	23
4.1. Introduction	24
4.2. Materials and Methods	25
4.3. Results	32
4.4. Discussion	37
4.5. Acknowledgments	40
4.6. References	41
Figures and Tables.....	46
5. ARTIGO 2: Envirotyping, estratificação ambiental, melhoramento genético: percepções de séries temporais climáticas numa região semiárida	57
Resumo.....	57
Abstract	57
5.1. Introdução	58
5.2. Material e Métodos	60
5.3. Resultados e Discussão	65
5.4. Conclusões.....	73
5.5. Agradecimentos.....	74
5.6. Referências Bibliográficas	75
6. ARTIGO 3: Delimitação e estratificação edafoclimática da População-Alvo de ambientes para milho no Alto Sertão Sergipano	78
Resumo.....	78
Abstract	78
6.1. Introdução	79
6.2. Material e Métodos	81
6.3. Resultados e Discussão	85
6.4. Conclusões.....	95
6.5. Referências Bibliográficas	96
ANEXO 1. Figuras Suplementares	101
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS	104

LISTA DE FIGURAS

MANUSCRIPT 1

Figure		Página
1	Geographic information of the ten experimental sites for the trials carried out during 2012 and 2013. The four macroenvironments (MEs) are delineated based on long-term (23 years) climate information.....	46
2	Illustrates a heatmap displaying delineated macroenvironments (MEs), depicting similarity based on a 23-year dataset across 19 environmental covariates. The correlation scale on the x-axis ranges from 0 (red) to 1 (purple), indicating that the closer the value is to 1, the more similar the environments are, while values closer to 0 represent greater dissimilarity. NSD = Nossa Senhora das Dores; FP = Frei Paulo; UMB = Umbaúba; NSR = Nova Santa Rosa; COL = Colinas; SRM = São Raimundo das Mangabeiras; BAL = Balsas; URU = Uruçuí; BRE = Brejo; TER = Teresina.....	46
3	Contribution of environmental covariates (x-axis) in the principal component analysis (averaged over a period of 23 years). Dim = dimension; GDD = growing degree day; FRUE = effect of temperature on radiation use efficiency; SPV = slope of saturation vapor pressure curve; ASKLW = thermal downward longwave radiative flux; PRECTOT = rainfall precipitation; TMDEW = temperature of the dew/frost point; RTA = extraterrestrial radiation; TMIN = minimum temperature; PETP = deficit by precipitation; N = daylight hours; TMAX = maximum temperature; WS = wind speed at 2 m; ETP = potential evapotranspiration; n = solar radiation; TRANGE = temperature range; ASKSW = all sky insolation incident on a horizontal surface; RH = relative humidity; VPD = vapor pressure deficit.....	47
4	Depicts the biplot for the principal component analysis among environmental variables. A) illustrates long-term pattern data, representing the average of 23 years of climatic information; B) and C) display climatic variables observed during the experiments in 2012 and 2013, respectively; D) presents the average information from the two years of experiments. The variables analyzed include GY = grain yield; var = genotypic variance within the macroenvironment (ME); WS = wind speed; TMAX = maximum temperature; TMIN = minimum temperature; TMDEW = temperature of the dew/frost point; TMED = average temperature; PRECTOT = rainfall precipitation; RTA = extraterrestrial radiation; RH = relative humidity; ASKLW = thermal downward longwave radiative flux; ASKSW = all sky insolation incident on a horizontal surface; FRUE = effect of temperature on radiation use efficiency; GDD = growing degree day; n = solar radiation; N = daylight hours; VPD = vapor pressure deficit; SPV = slope of saturation vapor pressure curve; TRANGE = temperature range; ETP = potential evapotranspiration; PETP = deficit by precipitation. Dim = dimension.....	48
5	Heatmap illustrating the mean grain yield of the examined genotypes across each combination of macroenvironment (ME) and year.....	49
6	A) Relative frequency for each type of environment regarding precipitation deficit and B) vapor pressure deficit observed across the studied environments and macroenvironments (MEs) at various stages of the crop development and trial years.....	49
7	A) Frequency of each environmental type for rainfall and B) mean temperature observed in the studied environments and macroenvironments (MEs) at different stages of the crop development and trial years.....	50

8	A) Percentage of phenotypic mean value variance and B) percentage of genotype mean variance. EH = ear height, GY = grain yield; NE = number of ears; PD = plant density; PH = plant height; ME = macroenvironment; G = genotype; REP = repetition.....	50
9	Phenotypic correlations between the traits evaluated in macroenvironments (MEs) A) ME1, B) ME2, C) ME3, and D) ME4 in the two years studied. PH = plant height; NE = number of ears; EH = ear height; PD = plant density; GY = grain yield.....	51
10	The genotypic ranking and the chosen genotypes (G) for the multi-trait mean performance and stability index (MTMPS), considering a selection intensity of 25 % within A) macroenvironment (ME)1, B) ME2, C) ME3, and D) ME4. The highlighted red circles indicate the five selected genotypes for each respective macroenvironment.....	51
11	A Venn diagram illustrating the five selected genotypes (G) in each macroenvironment (ME).....	52
12	Selection gains for average performance within each macroenvironment (ME) were calculated considering the top five selected genotypes. EH = ear height; PH = plant height; GY = grain yield; NE = number of ears; PD = plant density.	52
13	Selection gains for stability within each macroenvironment (ME) were calculated based on the top five selected genotypes. EH = ear height; GY = grain yield; NE = number of ears; PD = plant density; PH = plant height.....	53
14	Genotype and Genotype $\times$ Environment Biplot (GGE Biplot) of environmental ranking, displaying the classification of macroenvironments (MEs) concerning an ideal ME. The analysis uses Single Value Projection (SVP) = 2, the singular value is entirely partitioned into the environment eigenvectors. PC = principal component.....	53
15	Genotype and Genotype $\times$ Environment Biplot (GGE Biplot): mean $\times$ stability for grain yield ($t\ ha^{-1}$) of 20 maize genotypes grown in four macroenvironments (MEs) of the Brazilian Northeast and their respective production stabilities. The analysis uses Single Value Projection (SVP) = 1, the singular value is entirely partitioned into the genotype eigenvectors. Env = environments and Gen = genotypes. PC = principal component; G = genotype.....	54

ARTIGO 2

Figura		Página
1	Mapa de localização da região do Alto Sertão Sergipano.....	61
2	Mapa de calor das médias normalizados entre 0 e 1 das variáveis ambientais, T2MDEW, T2MRANGE, GDD, SPV, FRUE, T2M_MAX, T2M_MIN, T2M, VPD, N, n, RTA, RH2M, PRECTOT e WS2M, utilizadas na segmentação dos municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima BSh.....	65
3	Dendrograma de similaridade ambiental dos municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima BSh.....	67
4	Mapa de calor das médias das variáveis ambientais, T2MDEW, T2MRANGE, GDD, SPV, FRUE, T2M_MAX, T2M_MIN, T2M, VPD, N, n, RTA, RH2M, PRECTOT e WS2M, variáveis ambientais utilizadas na segmentação dos Municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima As.....	68

5	Dendrograma de similaridade ambiental dos Municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima As.....	70
6	Mapa de calor das médias das variáveis ambientais, T2MDEW, T2MRANGE, GDD, SPV, FRUE, T2M_MAX, T2M_MIN, T2M, VPD, N, n, RTA, RH2M, PRECOT e WS2M, utilizadas na segmentação dos sete municípios do Alto Sertão Sergipano, mais a EEU.....	71
7	Dendrograma de similaridade ambiental entre as dezoito (18) localidades (Tabela1) analisadas, separadas pelas distâncias euclidianas, k-vizinhos, baseados nas médias das quinze (15) variáveis ambientais (Tabela 2).....	71

ARTIGO 3

Figura		Página
1	Mapa de localização do Alto Sertão Sergipano.....	82
2	População-alvo de ambientes (target population of environments, TPE) do Alto Sertão Sergipano.....	86
3	Perfis edafoclimáticos normalizados dos seis grupos ambientais identificados na TPE proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. Os valores foram reescalados entre 0 e 1, considerando o mínimo e o máximo observados entre os grupos.....	87
4	Caracterização edafoclimática dos seis grupos de localidades identificados na população-alvo de ambientes proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. Os números apresentados nas células correspondem às médias nas unidades originais. A escala de cores representa o Z-score calculado separadamente para cada covariável e foi empregada apenas para facilitar a comparação relativa entre os grupos.....	88
5	Dendrograma do agrupamento hierárquico das 21 localidades utilizadas na caracterização da população-alvo de ambientes proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. O agrupamento foi obtido pelo método de Ward.D2, a partir das distâncias euclidianas calculadas sobre as covariáveis edafoclimáticas padronizadas por Z-score. A linha horizontal tracejada representa a altura de corte definida pelo critério da silhueta média, resultando em seis grupos ambientais. As cores representam os grupos obtidos.....	90
6	Biplot da análise de componentes principais aplicada às covariáveis edafoclimáticas padronizadas das 21 localidades utilizadas na delimitação da população-alvo de ambientes proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. Os dois primeiros componentes explicaram 83,4% da variância total, sendo 69,1% explicados por PC1 e 14,3% por PC2. Os pontos representam as localidades, as cores indicam os seis grupos obtidos pelo agrupamento hierárquico e os vetores representam a direção e a associação relativa das covariáveis com os componentes.....	91
7	Relação entre a produtividade média predita e o coeficiente de variação temporal dos genótipos de milho avaliados no CEUFS entre 2019 e 2024. As linhas tracejadas representam as medianas da produtividade predita e do coeficiente de variação, utilizadas para formar quatro categorias descritivas. Cada ponto representa um genótipo. Os números de anos e de observações variaram entre os genótipos.....	93
8	Genótipos de milho priorizados para futura validação multilocal com base na produtividade média predita e na variabilidade temporal observadas no	95

CEUFS entre 2019 e 2024. Os 30 materiais correspondem a uma intensidade de seleção de aproximadamente 8,5% do conjunto de 352 genótipos. A classificação representa uma triagem local no CEUFS e não constitui recomendação para as demais localidades do Grupo 3 ou da TPE proposta.....

LISTA DE TABELAS

MANUSCRIPT 1

Table		Página
1	List of genotypes used, along with the codes used in segmentation, and their respective origins, types, cycles, colors, grain textures, and supplying companies.....	54
2	List of environmental covariates used to segment the environments and group them according to their distances (greater similarity)	55
3	List of municipalities in the Brazilian Northeast and corn productivity (2022/2023), according to CONAB (2024), as well as the geographic coordinates in decimal degrees of the ten environments, used for the segmentation of macroenvironments.....	55
4	Variance components for the main effect of genotypes variance (σG^2), macroenvironments variance (σM^2), cultivation year variance (σY^2), and their interactions estimated for five traits assessed in 20 maize hybrids.....	56

ARTIGO 2

Tabela		Página
1	Lista dos municípios do Alto Sertão Sergipano, com o tamanho dos territórios e a produtividade de milho (2024), segundo dados do IBGE (2025), bem como as coordenadas geográficas, em grau decimal, das 18 localidades utilizadas para a segmentação ambiental.	61
2	Variáveis ambientais utilizadas pelo pacote EnvRtype para segmentar os ambientes e agrupá-los de acordo com as distâncias entre si (maior semelhança).	64

LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

AMMI	Efeitos principais aditivos e interação multiplicativa
BLUP	Melhores Predições Lineares Não Viesadas
CEUFS	Campus Experimental da Universidade Federal de Sergipe
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
ECs	Covariáveis ambientais
EH	Altura de espiga
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
FAO	Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura
GEMS	Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido
G×A	Interação genótipo × ano
G×E	Interação genótipo × ambiente
GS	Seleção genômica
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IoT	Internet das coisas (tecnologia moderna de coleta de dados)
ME	Macroambientes
MET	Análises de ensaios multiambientais
MTMPS	Índice de Desempenho Médio e Estabilidade Multicaracterística
NE	Número de espigas
PD	Densidade de plantas
PH	Altura de planta
PY	Produtividade de grãos
REML	Máxima Verossimilhança Restrita.
TPE	População-alvo de ambientes
TRS	Training Set (conjunto de treinamento)
USDA	Departamento de Agricultura dos Estados Unidos

RESUMO

MARTINS, Gabriel Oliveira. **ENVIROMICS E MODELAGEM PREDITIVA APLICADAS AO MELHORAMENTO DE MILHO (*Zea mays* L.) NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO**. São Cristóvão: UFS, 2026. XXp. (Tese – Doutorado em Agricultura e Biodiversidade).

O milho (*Zea mays* L.) é uma cultura estratégica para a segurança alimentar, a produção de forragem e a geração de renda na região semiárida brasileira. No entanto, a elevada variabilidade climática e as limitações edáficas resultam em baixa produtividade média e alto risco de perdas de safra, além de dificultarem a recomendação de cultivares adaptadas. Nesta tese, propõe-se uma abordagem integrada que combina *envirotyping*, estratificação ambiental delimitação geoespacial da população-alvo de ambientes (*Target Population of Environments* – TPE) e o índice de desempenho médio e estabilidade multicaracterísticas (*Multi-Trait Mean Performance and Stability Index* – MTMPS) para subsidiar o melhoramento genético e a recomendação de cultivares de milho para a região semiárida. No primeiro estudo, a abordagem de *envirotyping* foi aplicada em estados selecionados da região Nordeste do Brasil, permitindo a delimitação de quatro mega-ambientes (MEs) com base em 19 covariáveis ambientais, dez locais experimentais e uma série climatológica de 23 anos. Nos dez ambientes, foram avaliados 20 híbridos de milho ao longo de duas safras, utilizando-se o MTMPS para selecionar genótipos superiores, considerando simultaneamente a produtividade de grãos (GY), a altura de plantas (PH), a altura de espigas (EH), a densidade de plantas (PD) e o número de espigas (NE). Essa abordagem possibilitou a identificação de híbridos produtivos que combinaram elevado desempenho médio e maior estabilidade entre as duas safras em cada mega-ambiente, destacando-se os híbridos G03 e G04, selecionados em três dos quatro MEs. A integração entre o *envirotyping* e o MTMPS permitiu a avaliação simultânea do desempenho médio e da estabilidade para múltiplas características, podendo contribuir futuramente para a racionalização das redes de ensaios multilocais. No segundo estudo, covariáveis ambientais foram utilizadas, por meio do pacote EnvRtype no software R, para segmentar o Alto Sertão Sergipano em macroambientes (MEs), com base na similaridade entre covariáveis ambientais e ecofisiologicamente relevantes. A análise de agrupamento revelou quatro grandes grupos ambientais, demonstrando que municípios vizinhos podem pertencer a zonas climáticas distintas, enquanto áreas geograficamente distantes podem compartilhar perfis ambientais semelhantes. Essa estratificação evidenciou a possibilidade de reduzir o número de locais experimentais, concentrando os ensaios em ambientes mais representativos e fornecendo uma base para futuras avaliações de cultivares fundamentadas em critérios ambientais para a região. No terceiro estudo, foi desenvolvida uma TPE georreferenciada para o milho no Alto Sertão Sergipano, utilizando ferramentas de Sistemas de Informação Geográfica (SIG) no R, incluindo a função TPEmap. Com base nas coordenadas de 21 localidades georreferenciadas, foram construídos polígonos côncavos, posteriormente rasterizados e integrados a covariáveis climáticas e de solo provenientes das bases NASA POWER e SoilGrids v2.0. A análise de agrupamento, a matriz de similaridade ambiental e a análise de componentes principais revelaram que a TPE apresenta estrutura ambiental heterogênea, sendo composta por seis subambientes edafoclimáticos que refletem gradientes de aridez, temperatura e disponibilidade hídrica. Utilizando dados de produtividade de grãos de 352 genótipos avaliados no CEUFS entre 2019 e 2024, modelos mistos (REML) para estimar os BLUPs e classificar os genótipos quanto à produtividade e estabilidade foram ajustados. As cultivares AGR Vereda, NS80VIP3,

GNZ59, GNZ15 e AG8780 constituíram o grupo de elite, apresentando elevado desempenho predito e consistência temporal no CEUFS, pertencente ao agrupamento ambiental central da TPE. Em conjunto, os resultados indicam que a integração entre *envirotyping*, estratificação ambiental, mapeamento geoespacial da TPE e MTMPS fornece, fundamentada em informações ambientais, uma base sólida para o redesenho de redes experimentais, o direcionamento de programas de melhoramento genético e a futura avaliação e recomendação de cultivares de milho para a região semiárida brasileira. Essa abordagem apresenta potencial para contribuir com o aumento da produtividade, da resiliência e da segurança alimentar, desde que validada em ensaios multilocais no Alto Sertão Sergipano e em outras regiões com condições edafoclimáticas semelhantes.

Palavras-chave: Enviromia; Estratificação ambiental; Interação genótipo $\times$ ambiente; Sistemas de informação geográfica; População-alvo de ambientes.

* Comitê de Orientação: Prof. Dr. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira – Universidade Federal de Sergipe (Orientador).

ABSTRACT

MARTINS, Gabriel Oliveira. **ENVIROMICS AND PREDICTIVE MODELING APPLIED TO MAIZE (*Zea mays* L.) BREEDING IN THE BRAZILIAN SEMIARID REGION**. São Cristóvão: UFS, 2026. XXp. (Doctoral Dissertation in Agriculture and Biodiversity).

Maize (*Zea mays* L.) is a strategic crop for food security, forage production, and income generation in the Brazilian semiarid region. However, high climatic variability and edaphic constraints result in low average productivity and elevated risk of crop failure, while also hindering the recommendation of adapted cultivars. In this dissertation, we propose an integrated framework that combines envirotyping, environmental stratification, geospatial delineation of the target population of environments (TPE), and the multi-trait mean performance and stability index (MTMPS) to support maize breeding and cultivar recommendation in the semiarid region. In the first study, the envirotyping approach was applied across selected states of Northeastern Brazil, delineating four mega-environments (MEs) based on 19 environmental covariates, ten experimental sites, and a 23-year climatological series. Across the ten environments, 20 maize hybrids were evaluated over two growing seasons, and the MTMPS was employed to select superior genotypes, simultaneously assessing grain yield (GY), plant height (PH), ear height (EH), plant density (PD), and number of ears (NE). This approach enabled the identification of productive hybrids combining high mean performance and greater consistency across the two growing seasons per ME, with G03 and G04 standing out as selected across three of the four MEs. The integration of envirotyping and MTMPS enabled the simultaneous assessment of mean performance and stability across multiple traits and may support the future rationalization of multi-location trial networks. In the second study, environmental covariables were used – through the EnvRtype package in R – to segment the Alto Sertão Sergipano into macroenvironments (MEs) based on similarities among environmental and ecophysiological relevant covariates. Cluster analysis revealed four major environmental groups, showing that neighboring municipalities may belong to distinct climatic zones, while geographically distant areas may share similar environmental profiles. This stratification highlighted the possibility of reducing the number of testing sites by concentrating trials in more representative environments, thereby providing a basis for future environmentally informed cultivar evaluations for the region. In the third study, we developed a georeferenced TPE for maize in the Alto Sertão Sergipano using geographic information system (GIS) tools in R, including the TPEmap function. Based on the coordinates of 21 georeferenced locations, concave polygons were built, rasterized, and integrated with climatic and soil covariables (NASA POWER and SoilGrids v2.0). Cluster analysis, the environmental similarity matrix, and principal component analysis revealed that the TPE is structurally heterogeneous and composed of six edaphoclimatic sub-environments, reflecting gradients of aridity, temperature, and water availability. Using grain yield data from 352 genotypes evaluated at CEUFS (2019–2024), mixed models (REML) were fitted to estimate BLUPs and rank genotypes for productivity and stability. Cultivars AGR Vereda, NS80VIP3, GNZ59, GNZ15, and AG8780 comprised the elite group, with high predicted performance and temporal consistency at CEUFS, which belongs to the central environmental cluster of the TPE. Taken together, the results indicate that integrating envirotyping, environmental stratification, geospatial TPE mapping, and MTMPS provides an environmentally informed basis for redesigning experimental networks, guiding breeding programs, and the future evaluation and recommendation of maize cultivars for the Brazilian semiarid region, with the potential to contribute to productivity, resilience, and food security following multi-location validation in the Alto Sertão Sergipano and similar regions.

Keywords: Enviromics; Environmental stratification; Genotype-by-environment interaction; Geographic information systems; Target population of environments.

* Advisory Committee: Prof. Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira, Ph.D. – UFS (Advisor).

1. INTRODUÇÃO GERAL

O melhoramento genético de plantas tem contribuído significativamente para o aumento da produtividade, a estabilidade dos sistemas agrícolas e o desenvolvimento de cultivares adaptadas a condições edafoclimáticas específicas. Diante das mudanças climáticas, essa contribuição torna-se particularmente relevante para o desenvolvimento de materiais mais tolerantes a estresses e para a redução dos riscos à produção agrícola e à segurança alimentar (Allard, 1999; Resende, 2015; FAO *et al.*, 2018; Messina e Cooper (2022); Saleem *et al.*, 2025).

Entre as espécies cultivadas, o milho (*Zea mays* L.) destaca-se por sua importância econômica, social e estratégica. A cultura ocupa mais de 190 milhões de hectares em diferentes zonas agroclimáticas e é utilizada na alimentação humana, na produção de rações e em diversos processos industriais (Erenstein *et al.*, 2022; FAO, 2022; Zhang *et al.*, 2023). Sua ampla distribuição está relacionada à diversidade genética e à capacidade de adaptação a diferentes condições ambientais (Yue *et al.*, 2022a, b; Zendrato; Suwarno; Marwiyah, 2024). Na safra 2024/2025, a produção brasileira de milho superou 140 milhões de toneladas, considerando as diferentes épocas de cultivo, mantendo o país entre os três maiores produtores mundiais, ao lado dos Estados Unidos e da China (Silva *et al.*, 2024; CONAB, 2026; USDA, 2026).

Em Sergipe, o milho é uma das culturas agrícolas mais relevantes, tanto do ponto de vista econômico, quanto alimentar e social. Em 2024, o estado cultivou aproximadamente 190 mil hectares de milho, com produção estimada em 1.139.000 toneladas. Embora concentre mais de 70% da área estadual cultivada com milho, o Alto Sertão Sergipano responde por aproximadamente 55% da produção, evidenciando rendimento médio inferior ao de outras regiões do estado (CONAB, 2025). Apesar da expressiva participação na área semeada, a produtividade média no semiárido sergipano permanece baixa, em torno de 2.400 kg ha⁻¹, valor consideravelmente inferior à média estadual (5.532 kg ha⁻¹) e à média nacional (6.494 kg ha⁻¹) (IBGE, 2026).

Nessas regiões semiáridas, como o Alto Sertão Sergipano, a cultura enfrenta desafios edafoclimáticos expressivos, precipitação irregular, elevada demanda evaporativa, períodos prolongados de deficiência hídrica, solos com limitada capacidade de retenção de água e baixa adoção de cultivares especificamente adaptadas. Essas condições limitam o crescimento e o desenvolvimento do milho (Li *et al.*, 2022; Singamsetti *et al.*, 2023), aumentam a vulnerabilidade da produção (Kuwayama *et al.*, 2018; Peña-Gallardo *et al.*, 2019) e intensificam a influência ambiental sobre a expressão fenotípica. Consequentemente, a interação genótipo × ambiente (G×E) torna-se um componente determinante da produtividade e da estabilidade de rendimento (Crossa *et al.*, 2004; Zhang *et al.*, 2015), o que pode comprometer a segurança alimentar (Saleem *et al.*, 2025) das comunidades rurais dependentes do cultivo de subsistência.

A ocorrência de interação $G \times E$ complexa pode alterar a classificação relativa dos genótipos entre locais e anos, reduzindo a previsibilidade do desempenho e dificultando a identificação de materiais adaptados às condições do semiárido, principalmente sob estresse (Bittencourt *et al.*, 2023).

Nesse cenário, o melhoramento genético ambientalmente orientado surge como abordagem científica capaz de apoiar a seleção de genótipos mais adaptados e melhorar a eficiência da avaliação experimental em ambientes heterogêneos (Dalbosco *et al.*, 2018; Song *et al.*, 2020; Zhang; Xu, 2024). A compreensão e a modelagem da interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times E$), a incorporação de covariáveis ambientais na caracterização dos ambientes e na análise do desempenho genotípico por meio do *envirotyping* e a delimitação da população-alvo de ambientes (*target population of environments*, TPE), aplicadas de forma integrada em diferentes escalas espaciais, constituem o núcleo inovador dessa abordagem (Heinemann *et al.*, 2017, 2019; Millet *et al.*, 2019; Cooper *et al.*, 2020; de los Campos *et al.*, 2020; Antolin *et al.*, 2021; Costa-Neto *et al.*, 2021a, Costa-Neto *et al.*, 2021b; Cruz *et al.*, 2025).

Costa-Neto *et al.* (2021) relataram que apesar dos avanços na análise de ensaios multiambientais, muitos estudos ainda representam o ambiente apenas por identificadores de local e ano, sem incorporar covariáveis climáticas capazes de descrever a similaridade e o contraste entre as condições de cultivo, ignorando efeitos genéticos não aditivos, ou não incorporando adequadamente a interação $G \times E$. O uso adequado das covariáveis ambientais (ECs) pode ajudar a modelar as semelhanças entre os ambientes, bem como a selecionar dos genótipos mais promissores. Guimarães *et al.* (2019) informaram que a seleção de genótipos mais bem adaptados é essencial para o ganho genético. A presença de $G \times E$ complexa pode mascarar o mérito genético de genótipos promissores, reduzir a acurácia da seleção e dificultar a recomendação de cultivares para ambientes específicos (Zhang; Xu, 2024).

Nesse contexto, o presente estudo se propõe a integrar a caracterização ambiental, a delimitação da TPE e a avaliação do desempenho genotípico para subsidiar o planejamento de redes experimentais de milho no semiárido brasileiro, através da análise de séries históricas de dados climáticos e edáficos, utilizando pacotes R (R Core Team, 2025) para processamento e análise. O objetivo foi identificar grupos ambientalmente contrastantes e indicar genótipos candidatos à validação futura nesses grupos, otimizando a escolha de cultivares adaptadas às condições ambientais de cada ambiente. Além disso, a análise integrada dessas abordagens poderá fornecer informações ambientais úteis para estudos futuros de manejo, com potencial para apoiar programas de melhoramento voltados à estabilidade produtiva e à adaptação climática após validação multilocal, mais especificamente no Alto Sertão Sergipano, com ênfase na mitigação dos impactos adversos do clima, no uso eficiente dos recursos e na

obtenção, por meio do Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS) da Universidade Federal de Sergipe – Campus do Sertão, de genótipos candidatos e o planejamento de sua validação em ambientes contrastantes.

Apesar do avanço das abordagens de *envirotyping* e *enviromics*, ainda são escassos os estudos que integram séries climáticas históricas, covariáveis edáficas, delimitação geoespacial da TPE e seleção multicaracterística para orientar redes de ensaios de milho no semiárido brasileiro. No Alto Sertão Sergipano, essa lacuna é agravada pela limitada caracterização da representatividade ambiental dos locais de avaliação.

Destarte, parte-se da hipótese de que a integração de covariáveis ambientais, estratificação edafoclimática e informações fenotípicas permite identificar grupos ambientalmente contrastantes, avaliar a representatividade dos locais de ensaio e selecionar genótipos candidatos à validação multilocal de forma mais direcionada.

Contudo, o objetivo geral deste estudo foi integrar técnicas de *envirotyping*, estratificação ambiental, delimitação geoespacial da população-alvo de ambientes e seleção multicaracterística para subsidiar o planejamento de redes experimentais e a seleção de genótipos de milho no semiárido brasileiro, com ênfase no Alto Sertão Sergipano.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Evolução do melhoramento genético e da adaptação de cultivares

2.1.1. Da seleção fenotípica ao melhoramento orientado por dados ambientais

A seleção de plantas realizada por comunidades agrícolas durante a domesticação, iniciada há aproximadamente 10 mil anos, constituiu o antecedente histórico do melhoramento vegetal. Ao conservar sementes de plantas com características desejáveis, os agricultores promoveram mudanças graduais na frequência de caracteres associados à produção, à qualidade e à adaptação (Doebley; Gaut; Smith, 2006; Chapman *et al.*, 2012). Essa seleção, essencialmente fenotípica e visual, ocorreu muito antes da compreensão científica dos mecanismos de herança. A seleção tradicional envolvia conhecimento empírico sobre a transmissão de características, embora não houvesse explicação genética formal (Allard, 1999; Gepts, 2004).

A consolidação do melhoramento vegetal como campo científico ocorreu principalmente no início do século XX, impulsionada pela redescoberta das leis de Mendel e pelo desenvolvimento da genética quantitativa e da estatística experimental. O desenvolvimento da genética quantitativa, particularmente a contribuição de Fisher (1918) para explicar a variação contínua a partir de múltiplos fatores mendelianos e decompor a variância fenotípica

em componentes genéticos e ambientais, que permitiram conectar estatística, genética e resposta à seleção (Fisher, 1918; Falconer; Mackay, 1996; Lynch; Walsh, 1998). Revisões recentes ressaltam que esse arcabouço permanece central nas abordagens contemporâneas de genética quantitativa, seleção genômica e predição do desempenho genotípico em múltiplos ambientes, pois sustenta a modelagem da resposta à seleção em programas modernos de melhoramento (Joshi *et al.*, 2022).

O avanço da estatística experimental, especialmente com os trabalhos de Fisher sobre delineamentos aleatorizados e análise de variância, possibilitou estimar efeitos genéticos e ambientais com maior precisão, controlar fontes de variação experimental e avaliar a resposta dos genótipos em condições comparáveis. Esses avanços, combinados aos fundamentos da genética quantitativa, possibilitaram estimar componentes de variância, herdabilidade e resposta esperada à seleção (Fisher, 1935; Falconer; Mackay, 1996).

A partir desses avanços, a seleção fenotípica passou a ser complementada por métodos quantitativos baseados em parâmetros como herdabilidade, diferencial de seleção e resposta correlacionada, integrando informações de experimentos comparativos conduzidos em múltiplos ambientes (Lynch; Walsh, 1998; Allard, 1999). Mais recentemente, os mesmos princípios foram ampliados para modelos de predição que incorporam dados genômicos e ambientais, permitindo representar de maneira mais detalhada a resposta diferencial dos genótipos às condições de cultivo, preservando a lógica da resposta esperada à seleção, mas em cenários de alta dimensionalidade (Cooper *et al.*, 2020; Crossa *et al.*, 2021).

A partir da primeira metade do século XX e, de forma mais intensa, nas décadas posteriores a 1950, expandiram-se os programas sistemáticos de melhoramento de milho tropical e subtropical no Brasil e em outros países. No Brasil, essas iniciativas foram conduzidas inicialmente por institutos estaduais, universidades e outras instituições públicas de pesquisa. A partir da criação da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), em 1973, as redes nacionais de avaliação e desenvolvimento de cultivares foram ampliadas (Paterniani; Campos, 1999; Resende, 2015).

Muitos programas priorizaram o aumento da produtividade média e a adaptação aos sistemas de produção predominantes em suas regiões, enquanto a estabilidade sob condições ambientais adversas e a interação genótipo $\times$ ambiente recebeu atenção variável, (Cooper; Delacy; Basford, 1996; Paterniani; Campos, 1999). Avaliações recentes de programas de melhoramento frente à mudança climática indicam que a seleção predominantemente orientada pelo desempenho médio em ambientes favoráveis pode limitar a capacidade de alguns materiais de manter o rendimento sob eventos climáticos extremos (Chapman *et al.*, 2012; Heinemann *et al.*, 2017, 2019; Cooper *et al.*, 2020).

Desde a segunda metade do século XX e com crescente intensidade nas décadas posteriores, os programas de melhoramento passaram a incorporar métodos de análise de estabilidade, adaptabilidade e interação G×E (Cooper; Delacy; Basford, 1996; Cooper *et al.*, 2020). A integração entre genética quantitativa, ecofisiologia e, posteriormente, modelagem de culturas levou à compreensão de que o genótipo desejável depende do objetivo do programa de melhoramento. Para ambientes sujeitos a estresses recorrentes, interessam materiais que combinem produtividade, adaptação e previsibilidade; em outros contextos, pode-se buscar elevada responsividade a condições favoráveis ou adaptação específica (Blum, 2011; Tardieu; Simonneau; Muller, 2018; Haghpanah *et al.*, 2024).

Avanços em *enviromics* e em modelos preditivos que incorporam covariáveis ambientais têm ampliado a capacidade de caracterizar ambientes e representar a interação G×E. Essas abordagens permitem transformar o ambiente, antes tratado apenas como fator categórico, em um conjunto de descritores quantitativos biologicamente relevantes (Zhang *et al.*, 2015). A adaptação a cenários climáticos futuros reforça a importância de considerar estabilidade, plasticidade e eficiência no uso de recursos como possíveis critérios de seleção (Crossa *et al.*, 2021; Joshi *et al.*, 2022).

Nesse contexto, a interação G×E deixa de ser considerada apenas uma fonte de variação que reduz a precisão da seleção e passa também a ser explorada para identificar adaptação ampla ou específica e orientar a composição das redes de ensaios multiambientais (MET).

2.1.2. Melhoramento genético no Brasil e no semiárido

O desenvolvimento do melhoramento vegetal no Brasil está intimamente ligado à evolução da agricultura nacional e à institucionalização da pesquisa agropecuária. As primeiras iniciativas sistemáticas de introdução e seleção de cultivares remontam às estações experimentais criadas no início do século XX, ligadas a instituições estaduais, como o Instituto Agrônomo de Campinas – IAC, fundado em 1887 e, posteriormente, à criação de faculdades de agronomia e escolas superiores de agricultura (Paterniani, 2001; Borém; Miranda, 2013). Nesse período, predominavam programas de seleção massal e de linhagens em culturas como café, cana-de-açúcar e trigo, com ênfase em adaptação às condições tropicais e subtropicais.

Um marco institucional decisivo foi a criação, em 1973, da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), que articulou em escala nacional redes de pesquisa voltadas ao desenvolvimento de cultivares adaptadas aos diversos biomas brasileiros (Embrapa, 2006). A partir daí, consolidou-se uma estrutura integrada de melhoramento vegetal, envolvendo centros de pesquisa federais, instituições estaduais, universidades e, posteriormente, empresas privadas de sementes. Esse arranjo permitiu a formação de programas de melhoramento de

grande abrangência em culturas como soja, milho, arroz, feijão, trigo, algodão e forrageiras, contribuindo para a chamada “Revolução Verde tropical” (Almeida, 1997; Paterniani, 2001; Borém; Miranda, 2013).

No caso do milho, a introdução e adaptação dos híbridos simples e duplos, inicialmente a partir de materiais norte-americanos, evoluíram, desde as décadas de 1960–1970, para programas nacionais baseados em populações tropicais de ampla variabilidade genética e em esquemas de seleção recorrente, intra e interpopulacional (Paterniani; Campos, 1999; Paterniani, 2001). A partir dos anos 1980 e 1990, com a intensificação da pesquisa em ambientes de Cerrado e a expansão das fronteiras agrícolas, o melhoramento passou a enfatizar não apenas produtividade (Alves *et al.*, 2015), mas também resistência a doenças, tolerância a estresses bióticos e abióticos e adaptação a diferentes épocas e sistemas de cultivo (Chaves, 2001).

Em paralelo ao avanço de programas públicos, a partir da década de 1990, houve uma crescente participação de empresas privadas nacionais e multinacionais no melhoramento de culturas de grande importância econômica, especialmente milho, soja e algodão (Santos *et al.*, 2014). A introdução de híbridos e cultivares transgênicos e o uso intensivo de biotecnologia (marcadores moleculares, seleção assistida e, mais recentemente, seleção genômica) transformaram o cenário do melhoramento, com maior ênfase em ganhos de produtividade, estabilidade e adaptação específica a diferentes níveis tecnológicos e ambientes (Fritsche-Neto; Borém, 2012).

No semiárido brasileiro, redes públicas, especialmente a Embrapa e instituições estaduais, desempenharam papel central no desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições de alta variabilidade climática, solos de baixa fertilidade e sistemas de baixo uso de insumos. Programas conduzidos por Embrapa Milho e Sorgo, Embrapa Semiárido, Embrapa Tabuleiros Costeiros e parceiros regionais resultaram em variedades e híbridos de milho com maior tolerância à seca e estabilidade de produção, como BR-106, BR-201, BR-5011, BRS Caatingueiro e outros materiais voltados à agricultura familiar e à segurança alimentar (Carvalho *et al.*, 2004; Cruz; Pereira Filho, 2008). Esses programas integraram métodos clássicos de melhoramento (seleção recorrente, híbridos de polinização aberta) com avaliação em redes multiambientes no Nordeste, enfatizando a interação genótipo $\times$ ambiente (Câmara *et al.*, 2007; Dias *et al.*, 2018; Faluba *et al.*, 2010; Olivoto *et al.*, 2017) e a necessidade de recomendação específica de cultivares.

Apesar desses avanços, a elevada variabilidade climática do Nordeste brasileiro ainda impõe forte limitação ao desempenho consistente dos materiais disponíveis (Chapman *et al.*, 2003; Chenu *et al.*, 2011; Tardieu e Hammer, 2012). A produção regional de milho apresenta

acentuada flutuação entre safras, com coeficientes de variação elevados, em grande medida associados à irregularidade das chuvas, à ocorrência de eventos extremos e a deficiências de manejo (Brito *et al.*, 2021; Nóia Júnior e Sentelhas, 2019; Vasconcelos *et al.*, 2019). Esse quadro reforça a forte dependência de condições hídricas favoráveis, já que a maioria dos genótipos são adaptados a algum tipo de ambiente específico (Chenu *et al.*, 2011; Dreccer *et al.*, 2007) e, consequentemente, a vulnerabilidade econômica das lavouras em anos agrícolas adversos.

Diante desse cenário, a compreensão da base genética da adaptabilidade e da resposta diferencial dos genótipos aos gradientes ambientais torna-se estratégica. O uso de ferramentas modernas de genética quantitativa e genômica, como marcadores moleculares, GS e modelagem da $G \times E$ em programas públicos e privados (Costa-Neto *et al.*, 2021b; Carvalho *et al.*, 2017), aliada ao uso de covariáveis ambientais (*envirotyping*) para a delimitação de macroambientes mais homogêneos, tem se mostrado uma abordagem promissora para aumentar a precisão da recomendação de cultivares e maximizar ganhos de seleção em condições de alta instabilidade climática (Costa-Neto *et al.*, 2021a; Yue *et al.*, 2022a). Em culturas como milho, isso se traduz na adoção de modelos de predição genômica, uso de covariáveis ambientais e delineamento de redes de ensaios mais informadas climaticamente, visando não apenas ampla adaptação, mas também adaptação específica a macroambientes contrastantes (Costa-Neto; Fritsche-Neto; Crossa, 2021).

Essa evolução reflete um contínuo processo de modernização do melhoramento vegetal no Brasil, no qual a integração entre instituições públicas, universidades e empresas, aliada à incorporação de novas ferramentas estatísticas e moleculares, tem permitido enfrentar desafios associados à expansão das fronteiras agrícolas, à variabilidade climática e à necessidade de sistemas produtivos mais resilientes.

2.2. Interação genótipo $\times$ ambiente: fundamentos, modelagem e implicações para o melhoramento

A interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times E$) ocorre quando os genótipos respondem de maneira diferencial às variações ambientais. Essa resposta pode manifestar-se como alteração na magnitude das diferenças entre genótipos ou como mudança em sua classificação relativa entre ambientes. Na literatura, essas situações também são descritas como interação quantitativa, quando há principalmente mudança de escala, e qualitativa, quando ocorre resposta cruzada e alteração da classificação relativa (Becker, 1981). Nesse contexto, o ambiente representa a combinação de fatores associados ao local, ao ano, ao manejo e às condições edafoclimáticas de cultivo (Falconer; Mackay, 1996).

A $G \times E$ representa um desafio para a seleção de genótipos amplamente adaptados e para a predição do desempenho em ambientes não avaliados. Entretanto, também constitui uma fonte de informação para identificar adaptação específica, delimitar grupos ambientais e direcionar estratégias de recomendação, pois dificulta a seleção de genótipos amplamente adaptados e pode reduzir a acurácia da predição em ambientes não testados quando sua estrutura não é adequadamente representada nos modelos de análise (Allard, 1999; Cooper; Delacy; Basford, 1996). Quanto às suas implicações para a seleção, a interação pode ser classificada como simples, quando altera a magnitude das diferenças sem modificar substancialmente a classificação dos genótipos, ou complexa, quando ocorre mudança na classificação relativa entre ambientes (Lynch; Walsh, 1998; Yan; Kang, 2002).

Estudos clássicos do melhoramento apontam que a magnitude e a natureza da interação $G \times E$ influenciam, juntamente com os objetivos do programa e a estrutura da rede experimental, as estratégias de seleção e recomendação de cultivares, impactando a necessidade de estratificação ambiental e de desenvolvimento ou recomendação de cultivares com adaptação específica a determinados grupos de ambientes (Finlay; Wilkinson, 1963; Allard, 1999). Em redes experimentais que abrangem ambientes semiáridos contrastantes, a $G \times E$ pode assumir elevada importância, pois diferenças no regime hídrico, na temperatura, nas propriedades do solo e no manejo podem alterar o desempenho relativo dos genótipos (Cooper; Delacy; Basford, 1996; Cooper *et al.*, 2020). Nesse contexto, a compreensão teórica da interação e o uso de modelos apropriados de análise passam a ser cruciais para o delineamento de redes MET, a definição da população-alvo de ambientes (*target population of environments*, TPE) e, quando pertinente, a sua subdivisão em grupos ambientais ou zonas de adaptação (Comstock, 1977; Allen *et al.*, 1978; Cruz *et al.*, 2025).

Em abordagens multivariadas amplamente utilizadas, que integram genética quantitativa, estatística multivariada e modelagem de dados de ensaios multiambientais, a $G \times E$ é tratada como alvo explícito da modelagem, por meio de decomposições em componentes principais *Additive Main effects and Multiplicative Interaction* (AMMI) e GGE biplot (*Genotype main effects and Genotype x Environment interaction effects*) (Gauch, 2006; Gauch; Piepho; Annicchiarico, 2008; Balestre *et al.*, 2009a, 2009b; Oliveira *et al.*, 2010). O modelo AMMI combina efeitos principais aditivos com a decomposição multiplicativa da interação $G \times E$, enquanto o GGE biplot representa conjuntamente o efeito de genótipos e da interação, permitindo explorar padrões de desempenho médio, estabilidade e formação de mega-ambientes. Por meio de modelos mistos (Figueiredo *et al.*, 2014; Santos *et al.*, 2017) e de reação normativa que incorporam covariáveis ambientais contínuas (Dias *et al.*, 2018; Lopes *et al.*,

2018; Cooper *et al.*, 2020; Costa-Neto *et al.*, 2021), esses modelos descrevem a mudança esperada no desempenho de cada genótipo ao longo de um gradiente ambiental.

Essa evolução representa a passagem de análises predominantemente descritivas ou baseadas em parâmetros individuais para abordagens preditivas que representam explicitamente a estrutura ambiental. A interação observada entre locais e anos pode resultar de diferenças em disponibilidade hídrica, temperatura, radiação, propriedades do solo, incidência de fatores bióticos, épocas de cultivo e práticas de manejo, bem como diferenças genotípicas na resposta fisiológica a essas variações (Yan; Kang, 2002; Taiz *et al.*, 2017; Alonso; Ramos-Cruz; Becker, 2019; Olivoto *et al.*, 2019a, b).

Em redes que abrangem ambientes semiáridos contrastantes, podem ocorrer interações complexas ou qualitativas, especialmente quando diferenças no regime hídrico afetam de maneira distinta os genótipos, podendo alterar a classificação relativa dos híbridos (Olivoto *et al.*, 2020). Essa condição reforça a necessidade de modelos capazes de representar respostas diferenciais dos genótipos, identificar adaptação específica e incorporar covariáveis ambientais biologicamente relevantes.

2.2.1. Métodos clássicos e multivariados de análise da $G \times E$

Metodologicamente, a $G \times E$ pode ser abordada em diferentes níveis de complexidade. Em modelos lineares clássicos, a ênfase recai sobre a decomposição da variância e a estimação de parâmetros de estabilidade e adaptabilidade, como nos trabalhos de Finlay e Wilkinson (1963) e de Eberhart e Russell (1966). Métodos pioneiros como os de Finlay e Wilkinson (1963) propuseram avaliar a resposta dos genótipos a um gradiente ambiental, por meio da regressão do desempenho médio de cada genótipo sobre um índice ambiental. O coeficiente de regressão permite distinguir genótipos com resposta média, responsivos a ambientes favoráveis ou relativamente adaptados a ambientes desfavoráveis.

Eberhart e Russell (1966) ampliaram essa abordagem ao considerar conjuntamente a média do genótipo, o coeficiente de regressão e a variância dos desvios da regressão. Nessa formulação, o genótipo de adaptação ampla apresenta desempenho médio elevado, resposta proporcional à melhoria ambiental e comportamento previsível. Posteriormente, Lin e Binns (1988) propuseram uma medida de superioridade baseada na média dos quadrados das diferenças entre o desempenho de cada genótipo e o desempenho máximo observado em cada ambiente. Menores valores do índice indicam genótipos mais próximos do máximo ao longo dos ambientes avaliados.

A partir das décadas de 1980 e 1990, modelos multiplicativos e técnicas gráficas, como AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) e, posteriormente, GGE biplot

(Genotype + G×E) ampliaram a exploração dos padrões da interação G×E, ao permitir a visualização gráfica da interação e a delimitação de mega-ambientes (Yan; Kang, 2002; Gauch, 2013). Esses modelos, amplamente utilizados em milho, têm sido utilizados para comparar desempenho médio, estabilidade e adaptação específica dos genótipos dentro da rede experimental avaliada. Em suas aplicações convencionais, esses métodos tratam cada combinação de local, ano e manejo como uma categoria ambiental, sem necessariamente decompor essa categoria em covariáveis climáticas e edáficas.

Embora informativos, os modelos clássicos apresentam limitações para ambientes complexos e altamente variáveis, como o semiárido. Quando aplicados apenas a médias ambientais ou a categorias local-ano, esses modelos não representam explicitamente a evolução temporal das condições climáticas durante o ciclo da cultura, nem consideram variáveis ambientais fisiologicamente relevantes (Cooper *et al.*, 2020). Além disso, não utilizam diretamente em suas formulações convencionais o potencial explicativo e preditivo de séries climáticas históricas e o uso de tecnologias modernas de coleta de dados estações meteorológicas, sensores de campo, produtos de sensoriamento remoto e bases climáticas de cobertura global. O avanço da ecofisiologia, da modelagem de culturas, do sensoriamento remoto e das bases ambientais de alta resolução favoreceu o desenvolvimento do conceito de *envirotyping* e abordagens mais integrativas, nas quais o ambiente é quantificado e modelado de forma explícita, abrindo caminho para o conceito de *envirotyping* (Xu, 2016). Por analogia à genotipagem e à fenotipagem, a envirotipagem busca caracterizar sistematicamente as condições ambientais que influenciam a expressão fenotípica.

O *envirotyping* consiste em coletar, processar e integrar covariáveis climáticas, edáficas, geográficas e de manejo, além de índices ambientais com relevância ecofisiológica, para então integrar essas informações à caracterização ambiental e aos modelos de análise ou predição do desempenho genotípico. Essa abordagem complementa a representação categórica do ambiente com uma matriz de covariáveis contínuas, permitindo caracterizar as condições ambientais e investigar sua associação com o desempenho genotípico, permitindo modelar o comportamento genotípico sob condições específicas (Costa-Neto *et al.*, 2021b).

Em muitas análises convencionais, o ambiente é representado por um identificador categórico associado à combinação de local e ano, sem descrição explícita dos fatores ambientais que caracterizam essa combinação. No *envirotyping*, o ambiente passa a ser representado por valores de temperatura média, déficit de pressão de vapor (VPD), radiação fotossintética, precipitação acumulada e outros índices derivados, obtidos de estações meteorológicas, sensores, produtos de sensoriamento remoto ou bases de reanálise e dados meteorológicos interpolados (Cooper *et al.*, 2020; Costa-Neto *et al.*, 2021a, b). A partir de

covariáveis previamente processadas e padronizadas, podem ser construídas matrizes de similaridade ou kernels ambientais, que representam o grau de semelhança entre combinações de local, ano ou período fenológico. A partir delas, é possível agrupar ambientes com maior similaridade relativa segundo o conjunto de covariáveis analisado. Adicionalmente, quando integradas a modelos preditivos e a dados fenotípicos ou genômicos, essas informações podem auxiliar na predição do desempenho em ambientes não avaliados (Yue *et al.*, 2022a).

Em determinados conjuntos de dados e cenários de validação, a inclusão de covariáveis ambientais em modelos de predição aumentou a acurácia em relação a modelos que não utilizavam essas informações (Costa-Neto *et al.*, 2021). Em milho tropical, o uso do *envirotyping* pode auxiliar na interpretação biológica dos padrões de G×E e na distinção entre respostas associadas a gradientes ambientais conhecidos e variações não explicadas pelo modelo. Tais variações, baseadas em processos biológicos, de ruído experimental, têm potencial para aumentar a eficiência da seleção quando as covariáveis ambientais melhoram a capacidade explicativa ou preditiva dos modelos. Assim, fornecem uma base para estratificação ambiental e para a construção de modelos de normas de reação genotípica, relevantes para programas de melhoramento voltados à adaptação a ambientes contrastantes e às mudanças climáticas (Lobo *et al.*, 2025).

2.3. Estratificação ambiental no Alto Sertão Sergipano

O Alto Sertão Sergipano representa uma das regiões agrícolas mais desafiadoras de Sergipe, caracterizada por forte estacionalidade pluviométrica, temperaturas elevadas e alta variabilidade interanual das chuvas. A combinação desses fatores cria um mosaico ambiental que dificulta o desempenho estável das culturas agrícolas, especialmente do milho. A região apresenta precipitação média anual de 500 a 750 mm, com chuvas concentradas entre abril e agosto. As temperaturas médias variam de 22 °C a 34 °C e o déficit hídrico anual ultrapassa 1.000 mm. Os solos predominantes são Argissolos e Luvisolos, de textura média e baixa retenção de água.

Essas condições configuram um cenário típico de agricultura de risco climático, em que o sucesso da produção depende fortemente do comportamento genotípico sob estresse (Bittencourt *et al.*, 2023). Dessa forma, compreender a estrutura ambiental local torna-se essencial para orientar o melhoramento genético e a recomendação de cultivares.

A estratificação ambiental obtida com o *envirotyping* fornece uma base científica para a regionalização dos programas de melhoramento na região, reduzindo custos e aumentando a eficiência da seleção. Segundo Cooper *et al.* (2020), a definição de zonas ambientais homogêneas permite maximizar o ganho genético por seleção indireta, pois cada genótipo pode

ser avaliado em ambientes representativos de um grupo mais amplo, sendo assim recomendados para ambientes similares dentro da TPE (Cruz *et al.*, 2025)

No caso do Alto Sertão Sergipano, essa abordagem permite direcionar o desenvolvimento de genótipos específicos para cada tipo de ambiente, evitando a adoção indiscriminada da ampla recomendação de híbridos desenvolvidos para condições ambientais contrastantes. Assim, o melhoramento passa a ser ecologicamente orientado, valorizando a diversidade ambiental como ferramenta de seleção.

A integração entre dados genômicos e ambientais representa uma das fronteiras mais promissoras da biotecnologia aplicada à agricultura, incorporando variáveis ecofisiológicas na estimação dos efeitos genéticos, em uma abordagem que permite previsões mais robustas e aplicáveis a diferentes cenários climáticos (Cooper *et al.*, 2020; Costa-Neto *et al.*, 2021). Essa sinergia dá origem ao conceito de melhoramento genético ambientalmente orientado, no qual a performance das plantas é predita a partir de modelos que integram variáveis genéticas, fenotípicas e ecofisiológicas (Costa-Neto *et al.*, 2021b), abordagem muito pertinente para o semiárido, onde a variação ambiental é o principal fator limitante.

2.4. Tendências e perspectivas futuras no melhoramento genético ambientalmente orientado

Nas últimas duas décadas, a GS, baseada em modelos de GP, tem se consolidado como uma das principais estratégias para acelerar o ganho genético em programas de melhoramento de plantas, ao permitir a seleção de indivíduos com base em valores genéticos estimados a partir de marcadores distribuídos em todo o genoma (Meuwissen *et al.*, 2001; Crossa *et al.*, 2010, 2017). Essa abordagem desloca o foco do melhoramento de esquemas puramente fenotípicos e baseados em pedigree para uma estrutura fortemente orientada a dados, na qual grandes painéis de marcadores, aliados a avaliações fenotípicas em múltiplos ambientes, alimentam modelos estatísticos e de *machine learning* capazes de prever, com antecedência, o desempenho de genótipos em cenários contrastantes (Desta; Ortiz, 2014; Bassi *et al.*, 2016; Xu *et al.*, 2020).

Nesse contexto, o melhoramento geneticamente orientado ao ambiente tende a incorporar, de forma crescente, estratégias de GP que consideram explicitamente a diversidade genética, o tamanho e a composição da população de treinamento (TRS), a estrutura de desequilíbrio de ligação e a complexidade genética dos caracteres-alvo, fatores reconhecidos como determinantes da acurácia preditiva (Goddard, 2009; Daetwyler *et al.*, 2010; Combs; Bernardo, 2013). A otimização da população de treinamento, buscando maximizar a acurácia das previsões sobre conjuntos-alvo, ao mesmo tempo em que se minimiza o tamanho da TRS

e os custos de fenotipagem, desponta como um eixo central dessa agenda, especialmente em cenários de recursos limitados e alta variabilidade ambiental (Alemu *et al.*, 2024).

Esse horizonte aponta para um melhoramento geneticamente orientado ao ambiente cada vez mais digital e preditivo, em que decisões de cruzamento, alocação de ensaios e recomendação de cultivares são apoiadas por plataformas integradas de GP, dados ômicos, fenotipagem de alto rendimento e informações ambientais em tempo quase real. A combinação entre modelos estatísticos avançados, técnicas de aprendizado de máquina e uma visão sistêmica inspirada na literatura de *big data* favorece a transição de uma agricultura reativa para uma agricultura antecipatória, na qual cenários de clima futuro, riscos de estresses e oportunidades de manejo são incorporados no planejamento do melhoramento. Nesse contexto, a inclusão de dados de transcriptômica, metabolômica e proteômica tem se mostrado promissora para aumentar de forma consistente a acurácia de predição, especialmente para caracteres complexos e fortemente modulados pelo ambiente (Hu *et al.*, 2019; Li *et al.*, 2019; Haile *et al.*, 2020; Martini *et al.*, 2022; Wang *et al.*, 2023a, 2023b).

Dessa forma, a interação genótipo $\times$ ambiente deixa de ser apenas uma fonte de complexidade analítica para se tornar um componente central, explorado ativamente no desenho de genótipos resilientes e de sistemas de cultivo adaptados às múltiplas dimensões do ambiente.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R. W. **Principles of Plant Breeding**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 1999.
- ALLEN, F. L.; COMSTOCK, R. E.; RASMUSSEN, D. C. Optimal environments for yield testing. **Agronomy Journal**, v. 70, n. 5, p. 747-751, 1978. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1978.0011183X001800050013x>.
- ALMEIDA, F. A. **O melhoramento vegetal e a produção de sementes na Embrapa**. Brasília: EMBRAPA, 1997. 358 p.
- ALONSO, L. A.; RAMOS-CRUZ, J.; BECKER, H. C. Analysis of genotype $\times$ environment interaction and stability for yield in [cultura] using AMMI and GGE biplot. **Euphytica**, v. 215, n. 4, p. 1-12, 2019.
- ALVES, B. M.; CARGNELUTTI FILHO, A.; BURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L. P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 5, p. 884-891, 2015.
- BALESTRE, M.; SOUZA, J. C.; VON PINHO, R. G.; OLIVEIRA, R. L.; PAES, J. M. V. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 219-228, 2009a.
- BALESTRE, M.; SOUZA, J. C.; VON PINHO, R. G.; OLIVEIRA, R. L. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 4, p. 1311-1322, 2009b.
- BASSI, F. M.; BENTLEY, A. R.; CHARMET, G.; ORTIZ, R.; CROSSA, J. Breeding schemes for the implementation of genomic selection in wheat (*Triticum* spp.). **Plant Science**, v. 242, p. 23-36, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2015.08.021>.
- BITTENCOURT, P. P.; ALVES, A. F.; FERREIRA, M. B.; DA SILVA IRINEU, L. E. S.; PINTO, V. B.; OLIVARES, F. L. Mechanisms and applications of bacterial inoculants in plant drought stress tolerance. **Microorganisms**, v. 11, n. 2, p. 502, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/microorganisms11020502>
- BLUM, A. **Plant Breeding for Water Limited Environments**. New York: Springer, 2011.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; NETO FRITSCH, R. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: 489 Editora UFV, 2017.
- CÂMARA, T. M. M.; BENTO, D. A. V.; ALVES, G. F.; SANTOS, M. F.; MOREIRA, J. U. V.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 595-603, 2007.
- CARVALHO, H. W. L. de; SANTOS, M. X. dos; SILVA, A. A. G. da; CARDOSO, M. J.; SANTOS, D. M. dos; TABOSA, J. N.; MICHEREFF FILHO, M.; LIRA, M. A.; BONFIM, M. H. C.; SOUZA, E. M. de; SAMPAIO, G. V.; BRITO, A. R. de M. B.; DOURADO, V. V.; TAVARES, J. A.; NASCIMENTO NETO, J. G. do; NASCIMENTO, M. M. A. do;

TAVARES FILHO, J. J.; ANDRADE JÚNIOR, A. S. de; CARVALHO, B. C. L. de. **Caatingueiro: uma variedade de milho para o semiárido nordestino**. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2004. 8 p. (Embrapa Tabuleiros Costeiros. Comunicado Técnico, 29).

CARVALHO, I. R.; NARDINO, M.; DEMARI, G. H.; PELEGRIN, A. J. de; FERRARI, M.; SZARESKI, V. J.; OLIVEIRA, V. F. de; BARBOSA, M. H.; SOUZA, V. Q. de; OLIVEIRA, A. C. de; MAIA, L. C. da. Components of variance and inter-relation of important traits for maize (*Zea mays*) breeding. **Australian Journal of Crop Science**, v. 11, n. 8, p. 982-988, 2017. Disponível em: <https://search.informit.org/doi/10.3316/informit.168509350094623>

CASADEBAIG, P.; GAUFFRETEAU, A.; LANDRÉ, A.; LANGLADE, N. B.; MESTRIES, E.; SARRON, J.; TRÉPOS, R.; VINCOURT, P.; DEBAEKE, P. Optimized cultivar deployment improves the efficiency and stability of sunflower crop production at national scale. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, n. 11, p. 4049-4063, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04072-5>.

CHAPMAN, S.; COOPER, M.; PODLICH, D.; HAMMER, G. Evaluating plant breeding strategies by simulating gene action and dryland environment effects. **Agronomy Journal**, v. 95, n. 1, p. 99-113, 2003. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj2003.9900>.

CHAPMAN, S.; CHAKRABORTY, S.; DRECCER, M. F.; HOWDEN, S. M. Plant adaptation to climate change: opportunities and priorities in breeding. **Crop and Pasture Science**, v. 63, n. 3, p. 251-268, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1071/CP11303>.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In.: NASS, L. L. *et al.* (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento - Planta**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

CHENU, K.; COOPER, M.; HAMMER, G. L.; MATHEWS, K.; DRECCER, M. F.; CHAPMAN, S. C. Environment characterization as an aid to wheat improvement: interpreting genotype-environment interactions by modelling water-deficit patterns in North-Eastern Australia. **Journal of Experimental Botany**, v. 62, n. 6, p. 1743-1755, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/erq459>.

COMBS, E.; BERNARDO, R. Accuracy of genomewide selection for different traits with constant population size, heritability, and number of markers. **The Plant Genome**, v. 6, n. 1, p. 1-7, 2013. DOI: <https://doi.org/10.3835/plantgenome2012.11.0030>.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Observatório Agrícola: Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos. Safra 2024/2025 – Décimo segundo levantamento**. Brasília, DF: Conab, 2025. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/12o-levantamento-safra-2024-25/12o-levantamento-safra-2024-25>. Acesso em: fev. 2026.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Observatório Agrícola: Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos. Safra 2025/2026 – Quarto levantamento**. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/4o-levantamento-safra-2025-26/4o-levantamento-safra-2025-26>. Acesso em: fev. 2026.

COMSTOCK, R. E. Quantitative genetics and the design of breeding programs. In: POLLAK, E.; KEMPTHORNE, O.; BAILEY, T. B. (ed.). **Proceedings of the International Conference on Quantitative Genetics**. Ames: Iowa State University, 1977. p. 705-718.

COOPER, M.; TANG, T.; GHOSH, C.; HART, T.; HAMMER, G.; MESSINA, C. Integrating genetic gain and gap analysis to predict improvements in crop productivity. **Crop Science**, v. 60, n. 2, p. 582-604, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20109>.

COSTA-NETO, G.; FRITSCHKE-NETO, R.; CROSSA, J. Nonlinear kernels, dominance, and envirotyping data increase the accuracy of genome-based prediction in multi-environment trials. **Heredity**, v. 126, n. 1, p. 92-106, 2021a. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41437-020-00353-1>.

COSTA-NETO, G.; GALLI, G.; CARVALHO, H. F.; CROSSA, J.; FRITSCHKE-NETO, R. EnvRtype: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 11, n. 4, jkab040, 2021b. DOI: <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab040>.

CROSSA, J.; CAMPOS, G. de los; PÉREZ, P.; GIANOLA, D.; BURGUEÑO, J.; ARAUS, J. L.; MAKUMBI, D.; SINGH, R. P.; DREISIGACKER, S.; YAN, J. *et al.* Prediction of genetic values of quantitative traits in plant breeding using pedigree and molecular markers. **Genetics**, v. 186, n. 2, p. 713-724, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.110.118521>.

CROSSA, J.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; CUEVAS, J.; MONTESINOS-LÓPEZ, O.; JARQUÍN, D.; DE LOS CAMPOS, G.; BURGUEÑO, J.; GONZÁLEZ-CAMACHO, J. M.; PÉREZ-ELIZALDE, S.; BEYENE, Y.; DREISIGACKER, S.; SINGH, R.; ZHANG, X.; GOWDA, M.; ROORKIWAL, M.; RUTKOSKI, J.; VARSHNEY, R. K. Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives. **Trends in Plant Science**, v. 22, n. 11, p. 961-975, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>.

CROSSA, J. *et al.* Statistical models for genomic selection in plant breeding. **Crop Science**, v. 61, p. 96-111, 2021.

CRUZ, D. D. M.; HEINEMANN, A. B.; MARCATTI, G. E.; RESENDE, R. T. Defining the target population of environments (TPE) for enviromics studies using R-based GIS tools. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 25, n. 1, e50822519, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1090/1984-70332025v25n1s09>.

CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. Cultivares de milho. In: CRUZ, J. C.; KARAM, D.; MONTEIRO, M. A. R.; MAGALHÃES, P. C. (ed.). **A cultura do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2008, p. 159-170.

DAETWYLER, H. D.; PONG-WONG, R.; VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J. A. The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. **Genetics**, v. 185, n. 3, p. 1021-1031, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.110.116855>.

DALBOSCO, E. Z.; KRAUSE, W.; NEVES, L. G.; ARAÚJO, D. V.; HIEGA, K. M. R.; SILVA, C. G. Parametric and non-parametric indexes applied in the selection of sour passion fruit progenies. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 40, p.1-8, 2018. DOI: [10.1590/0100-29452018282](https://doi.org/10.1590/0100-29452018282)

DESTA, Z. A.; ORTIZ, R. Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. **Trends in Plant Science**, v. 19, n. 9, p. 592-601, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2014.05.006>.

DIAS, K. O. G.; GEZAN, S. A.; GUIMARÃES, C. T.; NAZARIAN, A.; SILVA, L. C.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. de O.; ANONI, G. de O.; PÁDUA, J. M. V.; PINTO, M. de O.; NODA, R. W.; RIBEIRO, C. A. G.; MAGALHÃES, J. V. de; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, J. C. de; GUIMARÃES, L. J. M.; PASTINA, M. M. Improving accuracies of genomic predictions for drought tolerance in maize by joint modeling of additive and dominance effects in multi-environment trials. **Heredity**, v. 121, n. 1, p. 24-37, 2018. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41437-018-0053-6>

DOEBLEY, J. F.; GAUT, B. S.; SMITH, B. D. The molecular genetics of crop domestication. **Cell**, v. 127, n. 7, p. 1309-1321, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2006.12.006>

DRECCER, M. F.; BORGOGNONE, M. G.; OGBONNAYA, F. C.; TRETHOWAN, R. M.; WINTER, B. CIMMYT-selected derived synthetic bread wheats for rainfed environments: yield evaluation in Mexico and Australia. **Field Crops Research**, v. 100, n. 2, p. 218-228, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2006.07.005>

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, p. 36-40, 1966.

EMBRAPA. **40 anos de Embrapa Milho e Sorgo**: contribuições para a agricultura brasileira. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. 120 p.

ERENSTEIN, O.; JALETA, M.; SONDER, K.; MOTTALEB, K.; PRASANNA, B. M. Global maize production, consumption and trade: trends and R&D implications. **Food Security**, v. 14, n. 5, p. 1295-1319, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12571-022-01288-7>

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed. Harlow: Longman, 1996.

FALUBA, J. F.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, L. V.; DEBEM, E. A.; OLIVEIRA, A. M. C. Potencial genético da população de milho UFV 7 para o melhoramento em Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 6, p. 1250-1256, 2010.

FIGUEIREDO, A. G.; VON PINHO, R. G.; SILVA, H. D.; BALESTRE, M. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, v. 202, p. 393-409, 2015. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-014-1301-3>

FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. (Org.). **Milho**: do plantio à colheita. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 360 p.

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

GAUCH JR., H. G., Jr.; PIEPHO, H.-P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, v. 48, p. 866-889, 2008. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.09.0513>.

GAUCH JR., H. G. A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. **Crop Science**, v. 53, p. 1860-1869, 2013. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2013.04.0241> Digital Object Identifier (DOI)

GEPTS, P. Crop domestication as a long-term selection experiment. **Plant Breeding Reviews**, v. 24, p. 1-44, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1002/9780470650288.ch1>

GODDARD, M. Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. **Genetica**, v. 136, n. 2, p. 245-257, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10709-008-9308-0>.

GUIMARÃES, A. G.; OLIVEIRA, J. R.; SARAIVA, E. A.; SILVA, J. M.; MACEDO, L. A.; COSTA, R. A.; GUIMARÃES, C. G.; COSTA, M. R. Seleção de genótipos superiores de milho para cultivo no município de Couto Magalhães-MG. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v. 9, p. 110-119, 2019.

HAGHPANAH, M.; HASHEMIPETROUDI, S.; ARZANI, A.; ARANITI, F. Drought Tolerance in Plants: Physiological and Molecular Responses. **Plants**, v. 13, n. 21, p. 2962, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants13212962>

HAILE, J. K.; N'DIAYE, A.; SARI, E.; WALKOWIAK, S.; RUTKOSKI, J. E.; KUTCHER, H. R.; POZNIAK, C. J. Potential of genomic selection and integrating “omics” data for disease evaluation in wheat. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, v. 2, n. 2, e200016, 2020. DOI: <https://doi.org/10.20900/cbgg20200016>.

HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; STONE, L. F.; DIDONET, A. D. Climate change determined drought stress profiles in rainfed common bean production systems in Brazil. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 246, n. 12, p. 64-77, Nov. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2017.06.005>

HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; REBOLLEDO, M. C.; COSTA NETO, G. M. F.; CASTRO, A. P. O melhoramento do arroz de terras altas levou ao aumento da sensibilidade à seca no Brasil. **Field Crops Research**, v. 231, p. 57-67, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2018.11.009>

HU, X.; XIE, W.; WU, C.; XU, S. A directed learning strategy integrating multiple omic data improves genomic prediction. **Plant Biotechnology Journal**, v. 17, n. 10, p. 2011-2020, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13117>.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção Agrícola Municipal – PAM 2025**. Rio de Janeiro: IBGE, 2025. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br>. Acesso em: fev. 2026.

JOSHI, R. et al. Integrating genomic prediction and enviromics to enhance climate resilience in cereal crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 135, p. 3777-3792, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04176-4>

KENT, M. A. Assessment of Genomic Prediction for Sorghum Seed Parent Evaluation. College Station: Texas A&M University, 2023.

KUWAYAMA, Y.; THOMPSON, A.; BERNKNOPF, R.; ZAITCHIK, B.; VAIL, P. Estimating the impact of drought on agriculture using the U.S. Drought Monitor. **American Journal of Agricultural Economics**, v. 101, n. 1, p. 193-210, 2018.

LI, T.; ZHANG, X.; LIU, Q.; LIU, J.; CHEN, Y.; SUI, P. Yield penalty of maize (*Zea mays* L.) under heat stress in different growth stages: A review. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 21, n. 9, p. 2465-2476, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.07.013>

LI, Z.; GAO, N.; MARTINI, J. W. R.; SIMIANER, H. Integrating gene expression data into genomic prediction. **Frontiers in Genetics**, v. 10, art. 126, p. 1-13, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00126>.

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

LOBO, A. L. A.; SILVEIRA, M. V. S.; PONTES, F. C. F. Association Mapping for Components of Reaction Norms to Environmental Covariates in Tropical Maize under Water Stress. **Plant Breeding**, v. 144, p. 331-342, 2025.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998.

MARTINI, J. W. R.; GAO, N.; CROSSA, J. Incorporating Omics Data in Genomic Prediction. In: AHMADI, N., BARTHOLOMÉ, J. (eds) **Genomic Prediction of Complex Traits**. Methods in Molecular Biology, vol 2467. New York: Humana, 2022, p. 341-357. DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2205-6_12.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, p. 1819-1829, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819>.

MILLET, E. J.; KRUIJER, W.; COUPEL-LEDRU, A.; ALVAREZ PRADO, S.; CABRERA-BOSQUET, L.; LACUBE, S.; CHARCOSSET, A.; WELCKER, C.; VAN EEUWIJK, F.; TARDIEU, F. Genomic prediction of maize yield across European environmental conditions. **Nature Genetics**, v. 51, n. 6, p. 952-956, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0414-y>.

OLIVEIRA, R. L.; VON PINHO, R. G.; BALESTRE, M.; FERREIRA, D. V. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 3, p. 247-253, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1984-70332010000300010>

OLIVEIRA, R. L.; VON PINHO, R. G.; FERREIRA, D. F.; PIRES, L. P. M.; MELO, W. M. C. Selection index in the study of adaptability and stability in maize. **The Scientific World Journal**, v. 2014, article 360570, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1155/2014/360570>

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D.; SILVA, J. A. G. da; MARCHIORO, V. S.; SOUZA, V. Q. de; JOST, E. Mean performance and stability in multi-environment trials. I. Combining features of AMMI and BLUP techniques. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 6, p. 2949-2960, 2019a. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D.; SILVA, J. A. G. da; SARI, B. G.; DIEL, M. I. Mean performance and stability in multi-environment trials. II. Selection based on multiple traits. **Agronomy Journal**, v. 111, n. 6, p. 2961-2969, 2019b. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>.

OLIVOTO, T.; LAVIOLA, B. G.; CARGNELUTTI FILHO, A. Genotype-by-environment interaction and stability in crops under drought stress. **Field Crops Research**, v. 252, p. 107793, 2020.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; FERRARI, M.; SZARESKEI, V. J.; PELEGRIN, A. J.; SOUZA, V. Q. REML/BLUP and sequential path analysis in estimating genotypic values and interrelationships among simple maize grain yield-related traits. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, gmr16019525, 2017.

PATERNIANI, E. A trajetória do milho no Brasil: do descobrimento aos dias de hoje. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 2001, p. 1-16.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. **Melhoramento do milho no Brasil**. In: BORÉM, A. (ed.). **Milho: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 1999, p. 65-108.

PEÑA-GALLARDO, M.; VICENTE-SERRANO, S. M.; DOMÍNGUEZ-CASTRO, F.; BEGUERÍA, S. The impact of drought on the productivity of two rainfed crops in Spain. **Hazards Earth Syst**, v. 19, n. 6, p. 1215-1234, 2019.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.

RESENDE, M. D. V. **Genética Quantitativa e de Populações**. Viçosa: Suprema, 2015, 463p.

RESENDE, M. D. V.; ROSADO, A. M.; SILVA, F. F. **Seleção genômica ampla em programas de melhoramento**. Viçosa: UFV, 2018.

SALEEM, A.; ANWAR, S.; NAWAZ, T.; FAHAD, S.; SAUD, S.; UR RAHMAN, T.; KHAN, M. N. R.; NAWAZ, T. Securing a sustainable future: the climate change threat to agriculture, food security, and sustainable development goals. **Journal of Umm Al-Qura University for Applied Sciences**, v. 11, n. 3, p. 595-611, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1007/s43994-024-00177-3>

SANTOS, A. O.; NUVUNGA, J. J.; SILVA, C. P.; PIRES, L. P. M.; VON PINHO, R. G.; GUIMARÃES, L. J. M.; BALESTRE, M. Maize hybrid stability in environments under water restriction using mixed models and factor analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, gmr16029672, 2017.

SANTOS, P. E. de C.; SOUZA, P. I. de M. De; CARMONA, R.; FAGIOLI, M.; SPEHAR, C. R.; VILLAS BÔAS, H. D. da C. **Semente é tecnologia**. Brasília: Associação Brasileira de Sementes e Mudanças (ABRASEM), 2014. Disponível em: <http://www.abrasem.com.br/wp-content/uploads/2014/04/Mat%C3%A9ria-Semente-%C3%A9-Tecnologia.pdf>

SILVA, F. D. S.; PEIXOTO, I. C.; COSTA, R. L.; GOMES, H. B.; CABRAL JÚNIOR, J. B.; ARAÚJO, R. M.; HERDIES, D. L. Predictive potential of maize yield in the mesoregions of Northeast Brazil. **AgriEngineering**, v. 6, n. 2, p. 881-907, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriengineering6020051>

SINGAMSETTI, A.; ZAIDI, P. H.; SEETHARAM, K.; VINAYAN, M. T.; OLIVOTO, T.; MAHATO, A.; MADANKAR, K.; KUMAR, M.; SHIKHA, K. Genetic gains in tropical maize hybrids across moisture regimes with multi-trait-based index selection. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, art. 1147424, p. 1-17, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1147424>.

SONG, L.; JIN, J. Improving CERES-Maize for simulating maize growth and yield under water stress conditions. **European Journal of Agronomy**, v. 117, p. 126072, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eja.2020.126072>

TAIZ, L.; ZEIGER, E.; MOLLER, I. M.; MURPHY, A. **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. 858 p.

TARDIEU, F.; HAMMER, G. Designing crops for new challenges. **European Journal of Agronomy**, v. 42, p. 1-2, 2012. DOI: [10.1016/j.eja.2012.05.006](https://doi.org/10.1016/j.eja.2012.05.006)

TARDIEU, F.; SIMONNEAU, T.; MULLER, B. The physiological basis of drought tolerance in crop plants: a scenario-dependent probabilistic approach. **Annual Review of Plant Biology**, v. 69, p. 733-759, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042817-040218>

USDA – UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World Agricultural Production**, Feb. 2026. Washington, D. C.: USDA, 2026. Disponível em: [Commodity Outlook - WASDE Projections at a Glance | Economic Research Service](#) Acesso em: 09 fev. 2026.

VASCONCELOS, T. S.; MORAES, J. G. L.; ALVES, J. M. B.; JACINTO JÚNIOR, S. G.; OLIVEIRA, L. L. B.; SILVA, E. M.; SOUSA, G. G. Variabilidade Pluviométrica no Ceará e suas Relações com o Cultivo de Milho, Feijão-Caupi e Mandioca (1987-2016). **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 34, n. 3, p. 431-438, jul. 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0102-7786343053>

WANG, K.; ABID, M. A.; RASHEED, A.; CROSSA, J.; HEARNE, S.; LI, H. DNNGP, a deep neural network-based method for genomic prediction using multi-omics data in plants. **Molecular Plant**, v. 16, n. 1, p. 279–293, 2023a. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.11.004>.

WANG, W.; GUO, W.; LE, L.; YU, J.; WU, Y.; LI, D.; WANG, Y.; WANG, H.; LU, X.; QIAO, H. et al. Integration of high-throughput phenotyping, GWAS, and predictive models reveals the genetic architecture of plant height in maize. **Molecular Plant**, v. 16, n. 2, p. 354-373, 2023b. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.11.016>.

XU, Y.; LIU, X.; FU, J.; WANG, H.; WANG, J.; HUANG, C.; PRASANNA, B. M.; OLSEN, M. S.; WANG, G.; ZHANG, A. Enhancing genetic gain through genomic selection: from livestock to plants. **Plant Communications**, v. 1, n. 1, art. 100005, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.xplc.2019.100005>.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot Analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. 1. ed. Boca Raton: CRC Press, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1201/9781420040371>.

YUE, H.; OLIVOTO, T.; BU, J.; LI, J.; WEI, J.; XIE, J.; LI, Y.; WANG, X.; ZHANG, H.; LI, Z.; CHEN, S.; CROSSA, J. Multi-trait selection for mean performance and stability of maize hybrids in mega-environments delineated using envirotyping techniques. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 2022a. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1030521>

YUE, H.; WEI, J.; XIE, J.; CHEN, S.; PENG, H.; CAO, H.; BU, J.; JIANG, Y. A study on genotype-by-environment interaction analysis for agronomic traits of maize genotypes across Huang-Huai-Hai region in China. **Phyton**, v. 91, n. 1, p. 57-71, 2022b. DOI: <https://doi.org/10.32604/phyton.2022.017308>.

YUE, H.; WANG, Y.; CHEN, Z.; ZHU, J.; BEHERA, P. P.; LIU, P.; YANG, H.; WEI, J.; BU, J.; JIANG, X.; MA, W. Assessing the role of genotype by environment interaction of winter wheat cultivars using envirotyping techniques in North China. **Frontiers in Plant Science**, v. 16, p. 1538661, 2025. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2025.1538661/full>

ZENDRATO, Y. M.; SUWARNO, W. B.; MARWIYAH, S. Multi-trait selection of tropical maize genotypes under optimum and acidic soil conditions. **SABRAO Journal of Breeding and Genetics**, v. 56, n. 1, p. 142–155, 2024. DOI: <https://doi.org/10.54910/sabrao2024.56.1.13>.

ZHANG, H.; ZHANG, R.; SONG, Y.; MIL, X.; ZHANG, Q.; QU, J.; SUN, Y. Enhanced enzymatic saccharification and ethanol production of corn stover via pretreatment with urea and steam explosion. **Bioresource Technology**, v. 376, p. 128856, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2023.128856>

ZHANG, X.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; SEMAGN, K.; BEYENE, Y.; BABU, R.; LÓPEZ-CRUZ, M. A.; MONTESINOS-LÓPEZ, O. A.; BURGUEÑO, J.; CROSSA, J. Predição genômica em populações biparentais de milho tropical em ambientes com estresse hídrico e irrigação adequada usando SNPs de baixa densidade e GBS. **Heredity**, v. 114, p. 291-299, 2015. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/hdy201499>

ZHANG, X.; XU, M. Adaptation of maize to various climatic conditions: genetic underpinnings. **Biological Evidence**, v. 14, 2024. DOI: <https://doi.org/10.5376/be.2024.14.0014>

4. OPTIMIZATION OF MAIZE HYBRIDS IN THE BRAZILIAN NORTHEAST: A MULTI-TRAIT SELECTION AND ENVIROtyping TECHNIQUES IN MULTI-ENVIRONMENT TRIALS.

Artigo publicado no periódico Scientia Agricola - Sci. Agric. v.82, e20240088, 2025

<https://doi.org/10.1590/1678-992X-2024-0088>

Gabriel Oliveira Martins^{1*} <https://orcid.org/0000-0003-4077-9314>, Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira² <https://orcid.org/0000-0002-3839-6261>, Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira³ <http://orcid.org/0000-0003-4418-1547>, José Jairo Florentino Cordeiro Junior² <https://orcid.org/0000-0002-1138-8309>, Milton José Cardoso⁴ <https://orcid.org/0000-0003-2144-0104>, Nartênia Susane Costa Aragão¹ <https://orcid.org/0000-0003-3409-3236>, Mario Sergio Rodrigues Barreto² <https://orcid.org/0000-0002-4037-4328>, William Santos de Jesus¹ <https://orcid.org/0000-0002-5931-1992>

¹Universidade Federal de Sergipe, Programa de Pós-graduação em Agricultura e Biodiversidade (PPGAGRI), Campus São Cristóvão, Rosa Elze – 49100-000 – São Cristóvão, SE – Brasil.

²Universidade Federal de Sergipe, Rod. Engenheiro Jorge Neto, km 3 – 49680-000 – Nossa Senhora da Glória, SE – Brasil.

³Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Av. Alberto Lamego, 2000 – 28013-602 – Campos dos Goytacazes, RJ – Brasil.

⁴Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650 – 64006-220 – Teresina, PI – Brasil.

*Corresponding author <gaengro@academico.ufs.br>

Edited by: Feng Lin

Received April 10, 2024

Accepted August 20, 2024

ABSTRACT: The objective of this study was to apply the envirotyping methodology to delineate macroenvironments (MEs) in the Brazilian Northeast. Multivariate analyses were conducted to investigate the relationship between genotype $\times$ environment interaction ($G \times E$), stability, and the average performance of maize genotypes, to enhance corn adaptation to diverse environmental conditions. Twenty corn hybrids were cultivated across ten

environments over two harvest seasons, with the following characteristics assessed in each environment: grain yield (GY), plant height (PH), ear height (EH), plant density (PD), and number of ears (NE). The target regions were characterized based on 19 environmental covariates (ECs) and a 23-year climatological series (2001-2023), which resulted in the identification of four MEs with similar climatic features. The interaction between genotype $\times$ macroenvironment $\times$ year significantly influenced the evaluated traits. The top five genotypes for each ME were identified using the multitrait mean performance and stability index (MTMPS) which demonstrated favorable average performance and stability across multiple years seasons. The hybrids G03 and G04 were selected in three out of four MEs, indicating their stability and adaptability as hybrids. Envirotyping revealed a robust correlation between environments, enhancing the precision with which cultivars can be recommended for various locations within the same ME. The multivariate approach utilizing MTMPS proved effectively identified productive and stable genotypes tailored to each ME.

Keywords: agricultural zoning, climate adaptation, ecophysiology, resource optimization, sustainable agriculture.

Introduction

Brazil is among the three leading global producers of corn (*Zea mays* L.), ranking behind only the United States of America and China (USDA, 2024). During the 2022/2023 crop season, Brazil cultivated approximately 22,269.2 million hectares, yielding 131,892.6 million tons of corn, with an average yield of 5.9 t ha⁻¹ (CONAB, 2024). However, the northeastern region exhibited below-average productivity, recording 3.5 t ha⁻¹, underscoring the urgent need to develop cultivars adapted to the diverse environments of the Brazilian Northeast. This is becoming increasingly critical in the context of climate challenges characterized by greater rainfall variability and extreme weather events.

Notwithstanding the region's overall belowaverage productivity, a number of northeastern states have exhibited commendable performance. The states of Sergipe, Maranhão,

Bahia, and Piauí demonstrated the highest corn productivity during the 2022/2023 crop season. The state of Sergipe recorded the highest productivity at 5.2 t ha⁻¹, followed by Maranhão with 5.1 t ha⁻¹, Bahia with 4.7 t ha⁻¹, and Piauí with 4.5 t ha⁻¹ (CONAB, 2024). These results underscore the resilience of these states in overcoming climatic and agronomic challenges, emphasizing the importance of tailored management strategies and technologies for each regional context.

Furthermore, it is crucial to highlight the pivotal role of phenotypic and biometric analysis in the identifying and selecting of corn cultivars that are well-suited to a range of environmental conditions. A comprehensive genotype evaluation in multi-environment trials is imperative to gain insight into elucidating genotype $\times$ environment interaction ($G \times E$) and ascertaining adapted and productive materials with high value for cultivation and use under heterogeneous environmental conditions.

The integration of environmental covariates (ECs) into genomic and phenomic prediction models via “envirotyping” enhances our understanding of $G \times E$ and its implications for crop productivity (Costa-Neto et al., 2021a, b; Millet et al., 2019). By deepening our understanding of $G \times E$ in maize cultivation in the northeastern region of Brazil, we seek to facilitate the development of more efficient and sustainable agricultural practices. This encompasses the optimization of maize hybrid selection, the reduction of the necessity for extensive field trials, and the optimization of resource and time utilization in corn breeding efforts.

Materials and Methods

Study area

The present study was conducted in ten environments distributed across three states in the northeastern region of Brazil (Figure 1) over two consecutive harvest seasons: 2011/2012 and 2012/2013.

Genotypes used

Twenty corn genotypes from public and private companies were utilized in this study. Comprehensive information regarding each genotype, including cultivar, grain texture, grain color, cycle, and the seed company holding the registration, is provided in Table 1. The objective was to encompass various genetic backgrounds and performance characteristics to ensure a comprehensive evaluation across different environments.

Experimental design

The experiments were conducted using a randomized complete block design with two replications. Each plot consisted of four rows measuring 5.0 m in length, with a spacing of 0.70 m between rows and 0.20 m within rows. The seeds were planted manually, and thinning was performed 15 days after emergence, resulting in 100 plants per plot. The fertilization was conducted in accordance with the recommendations based on the soil analysis results from each experimental area. The irrigation was not utilized, and pest and weed control measures were implemented according to the specific crop requirements in each region.

Morphological variables

This study examined five agronomic traits that are related to productivity. The records included plant density (PD, unit), number of ears (NE, unit), and grain yield (GY, t ha^{-1}), which were manually harvested and measured from the two central rows of the plot. Plant height (PH, cm) was measured from the base of the root to the insertion of the flag leaf, while ear height (EH, cm) was measured from the base of the root to the peduncle of the main ear.

Statistical analysis

The methodology employed in the statistical analyses follows the recommendations established by Yue et al. (2022), who pioneered the use of EnvRtype for environmental segmentation and the multi-trait mean performance and stability index (MTMPS) approach for selecting corn hybrids in mega-environments in China. Each stage is delineated in the following sections.

Macroenvironment (ME)

The macroenvironment (ME) was delineated using the R software (R Core Team, 2023). The `get weather()` function from the `EnvRtype` package (Costa-Neto et al., 2021b) was employed to obtain 23 years (2001-2023) of daily meteorological data for 19 ECs (Table 2), with consideration given to the planting and harvesting dates for each environment. The `EnvRtype` package retrieves raw environmental data from platforms, such as NASA's Prediction of Worldwide Energy Resources (NASA-POWER) (Sparks, 2018). The reliability of NASA POWER for agricultural use was confirmed by Monteiro et al. (2018), and Yue et al. (2022) validated its use in this context. The 19 ECs observed in each locality were utilized to construct the environmental covariate matrix W , which was then employed to compute environmental kinships. This process was carried out using the `W_matrix()` function of the `EnvRtype` R package (Costa-Neto et al., 2021b), in accordance with the methodology proposed by Costa-Neto et al. (2021a).

Six months was deemed an appropriate timescale to capture the temporal variation of environmental information more accurately throughout a year. Consequently, each of the 2,622 variables ($23 \text{ years} \times 19 \text{ variables} \times 6 \text{ periods}$) was employed as an environmental descriptor to construct environmental relationships. Subsequently, to ensure data quality, ECs that exceeded ± 3 standard deviations were eliminated (Costa-Neto et al., 2021a). Then, utilizing the `W_matrix` ($10 \text{ rows} \times 2,622 \text{ columns}$), an enviromic kernel (equivalent to a genomic relationship) was computed using the `env_kernel()` function of the `EnvRtype` R package (Costa-Neto et al., 2021b).

To visualize the relationships between ECs and their linkage to the study location, we conducted a principal component analysis (PCA). For this purpose, we constructed a two-way table comprising the average values of ECs (columns) associated with each location (rows). A biplot was generated using the `fviz_pca_biplot()` function from the `factoextra` R package (Kassambara and Mundt, 2020).

Environmental typing

To analyze the experiment's climatic data, the `env_typing()` function from the `EnvRtype` R package was employed to define environmental types based on the means of the 19 ECs highlighted in Table 2. This was done to gain insight into the temporal variation of environmental information during the development of tropical maize crops.

The crop cycles were categorized into five primary phenological stages (PS), based on days after sowing (DAS): 0-14 (initial growth), 15-35 (first leaf expansion), 36-65 (second leaf expansion), 66-90 (flowering), and 91-120 (grain filling). Frequency distributions were computed for each combination of YEAR-ME-PS, considering quantiles 0.01, 0.025, 0.50, 0.75, 0.975, and 0.99, enabling a comprehensive analysis of climatic patterns.

Variance component analyses

The impact of ME and year on genotype behavior was assessed using a linear model with random effects (only intercept as fixed) employing the '`lmer()`' function from the `lmer4` R package (Bates et al., 2015), according to the Eq. (1):

$$y_{ijkn} = \mu + G_i + M_j + GM_{ij} + GY_{ik} + MY_{jk} + GMY_{ijk} + REP_{n(j:k)} + \mathcal{E}_{ijkn} \quad (1)$$

where y_{ijkn} are the scores of the characteristics of the i -th genotype observed in the n -th repetition nested within the j -th ME of the k -th year; μ is the grand mean; G_i , M_j , and Y_k are the main effects of genotype, ME, and year, respectively. Interaction effects are represented by GM_{ij} , GY_{ik} , MY_{jk} , $GM_{Y_{ijk}}$, $REP_{n(j:k)}$ denotes the effect of repetition n (likely the combination of location and blocks) nested within the ME and year; and $\mathcal{E}_{ijkn}$ denotes the random error associated with y_{ijkn} .

The variance components and genetic parameters were estimated through the Restricted Maximum Likelihood (REML) method (Dempster et al., 1977). Significance testing for random effects was conducted using the likelihood ratio test (LRT). Broad-sense heritability (H^2), based on the genotype mean, was computed as the ratio of genotypic variance (σ^2_G) to the variance of the genotype mean (σ^2_P) (Schmidt et al., 2019; Yan, 2014):

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \frac{\sigma_{GY}^2}{K} + \frac{\sigma_{GM}^2}{J} + \frac{\sigma_{GMY}^2}{JK} + \frac{\sigma_\epsilon^2}{\sum_{k=1}^K N}} \quad (2)$$

where J, K, and N are the numbers of MEs, years, and combinations of location/blocks, respectively. σ_G^2 , σ_{GY}^2 , σ_{GM}^2 , σ_{GMY}^2 are the variances of GEN, GEN $\times$ YEAR interaction, GEN $\times$ ME interaction, and GEN $\times$ YEAR $\times$ ME interaction, respectively; σ_ϵ^2 is the residual variance.

A heritability index (H^2) close to 1 indicates that variations in genotypic effects are predominantly attributed to genetic differences. Conversely, an H^2 close to 0 suggests that observed genotypic divergences are more influenced by G $\times$ E or experimental errors (Yan, 2014).

Mean performance and stability of individual traits

Genotype selection was performed independently within each delineated ME, with the objective of selecting genotypes that displayed the desired performance within the ME while retaining stability over the years. For each ME, the average performance of genotypes I over K years ($\bar{Y}_{ik}$) was computed. Then, Wricke's ecovalence (W_i) was employed as a measure of genotypic stability over the years and was calculated using the Eq. (3):

$$W_i = \sum_{k=1}^K (\bar{Y}_{ik} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.k} + \bar{Y}_{..}) \quad (3)$$

Genotypes with low W_i values exhibit less deviation from the mean over the years, indicating higher stability. To integrate the average performance and stability (MPS_i) of the genotypes, we adapted the concept of the WAASBY index (Olivoto et al., 2019a; Yue et al., 2022). In this adaptation, we replaced the weighted mean of absolute scores (WAASB) with W_i as a measure of stability, as calculating WAASB requires at least two axes of principal component interaction. The MPS_i was computed using the Eq. (4):

$$MPS_i = \frac{(rY_i \times \theta_Y) + (rW_i \times \theta_S)}{\theta_Y + \theta_S} \quad (4)$$

where MPS_i represents the superiority index for genotype i , balancing between average performance and stability; θ_Y and θ_S are the weights for average performance and stability, respectively (we chose to use $\theta_Y = 70$ and $\theta_S = 30$ to give greater weight to average performance,

as selecting hybrids that are highly stable but with low performance is not desired); rY_i and rW_i are the rescaled values for average performance $\bar{Y}_i$ and stability (W_i), respectively, of genotype i . The rescaled values were calculated as follows:

$$rY_i = rW_i = \frac{nma - nmi}{oma - omi} \times (o_i - oma) + nma \quad (5)$$

where nma and nmi are the new maximum and minimum values after rescaling; oma and omi are the original maximum and minimum values, and i is the original value of the response variable (or ecovalence value) of genotype i . For variables where lower values are desired (EH and PH), $nma = 0$ and $nmi = 100$ were used. Thus, the genotype with the lowest mean and lowest W_i would have $rY_i = 100$ and $rW_i = 100$ after rescaling. For the other 03 variables (PD, NE, and GY), higher values were desired, so we used $nma = 100$ and $nmi = 0$. After rescaling all features, a two-way table rM_{qp} with q rows (genotypes) and p columns was created. In rM_{qp} , the column ranges from 0 to 100, considering the desired direction of selection (decrease or increase), while maintaining the correlation structure of the original variable set (Olivoto and Nardino, 2021). To calculate these indices, we used the `mps()` and `wsmp()` functions from the R package `metan` (Olivoto and Lúcio, 2020).

Mean performance and productive stability

Mean performance and stability were computed using the `mgidi()` function from the R package `metan` to calculate the MTMPS. MTMPS is based on the concept of the multivariate stability index (MTSI) (Olivoto et al., 2019b). The difference between MTMPS and MTSI lies in this study's calculation method, where MTMPS incorporated W_i instead of the WAASB index. Initially, an exploratory factor analysis was performed on rM_{QP} to cluster correlated variables into factors and compute factor scores for each genotype, following the approach suggested by Olivoto and Nardino (2021):

$$X = \mu + Lf + \epsilon \quad (6)$$

where X is a vector of standardized observations of dimension $p \times 1$; μ is a vector of standardized means of dimension $p \times 1$; L is a matrix of factor loadings of dimension $p \times f$; f is

a vector of common factors of dimension $p \times 1$; and ϵ is a vector $p \times 1$ of residuals, where p is the number of traits and f is the number of retained common factors.

The initial loadings were determined by considering only factors with eigenvalues exceeding one. Subsequently, varimax rotation criteria (Kaiser, 1958) were applied to obtain the final loadings, which were then utilized to compute the genotypic scores using the following procedure:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T \quad (7)$$

where F is a matrix of factor scores of dimension $q \times f$; Z is a standardization matrix (zero mean and unit variance) $r M_{qp}$ of dimension $q \times p$; A is a matrix of canonical loadings of dimension $p \times f$; and R is a correlation matrix of dimension $p \times p$ between the MPS values. Here, q , p , and f represent the number of genotypes, traits, and retained factors, respectively. Considering the rescaled values in rM_{qp} , the ideotype would be the genotype with the best performance and stability, i.e., one that achieves 100 for all analyzed traits. Thus, the ideotype was defined by a vector $(1 \times p)$ I such that $I = [100]$. The classification of genotypes was determined by calculating the Euclidean distance between the scores of each genotype and the score of the ideotype, as follows:

$$MTMPS_i = \sum_{j=1}^f [X(F_{ij} - F_j)^2]^{0.5} \quad (8)$$

where $MTMPS_i$ is the MTMPS of the i -th genotype, F_{ij} represents the j -th scores of the i -th genotype, and F_j represents the j -th scores of the ideotype. Genotypes with lower MTMPS values were closer to the ideotypes and thus exhibited higher mean performance and better stability in the evaluated traits.

Selection differentials

For each delineated ME, the top 5 genotypes were chosen, considering a selection intensity of 25 %. The selection differential as a percentage of the population mean (ΔS %) was then calculated by the Eq. (11):

$$\Delta S\% = (X_s - X_o) / X_o \times 100 \quad (9)$$

where X_s represents the mean phenotypic value of the selected genotypes, and X_o represents the population mean.

Results

In this study, we aimed to cluster regions from three Northeastern states into distinct MEs to investigate the $G \times E$ in maize cultivation with each ME over two consecutive crop seasons. Subsequently, we aimed to identify the top five most promising genotypes for each ME, employing a multivariate approach that considers genotypic stability across multiple years.

Environmental similarity

The climatological series of the last 23 years, considering the 19 ECs, delineated four MEs (Figure 2) based on the analyzed similarity on an “omic” scale. ME1 included the cities of Teresina – Piauí state, Brejo – Maranhão state, and Uruçuí – Piauí state. In ME2, we have Balsas – Maranhão state, São Raimundo das Mangabeiras – Maranhão state, Colinas – Maranhão state, and Nova Santa Rosa – Piauí state. ME3 was formed only by Umbaúba – Sergipe state; Frei Paulo – Sergipe state, and Nossa Senhora das Dores – Sergipe state form ME4 (Figures 1 and 2).

Furthermore, the ECs that exerted the greatest influence on the environmental scores of the PCA Biplot (Figure 4) are depicted in Figure 3. Notably, variables such growing degree day (GDD), effect of temperature on radiation use efficiency (FRUE), slope of saturation vapor pressure curve (SPV), thermal downward longwave radiative flux (ASKLW), and rainfall precipitation (PRECTOT) emerged as the most influential factors.

Environmental analysis of the two years of study

Analyzing the trends of ECs across individual experimental years (Figure 4B and C), we observe distinct correlation patterns, indicating the influence of seasonality. For instance, in 2012, GY exhibited a negative correlation with relative humidity (RH) and positive correlation with vapour pressure deficit (VPD). Conversely, in 2013, the correlations were reversed, with

GY positively correlated with RH and negatively correlated with VPD.

In 2012, characterized by favorable environmental conditions for maize cultivation, Genetic Variation (var) showed a strong positive correlation with GY. This year recorded the highest GY values across all MEs, particularly in ME4 and ME3, with average yields of 10.6 and 10.5 t ha⁻¹, respectively. Genotype G18 demonstrated exceptional productivity, yielding 13.7 t ha⁻¹ in ME4 and averaging 11.1 t ha⁻¹ across all MEs (Figure 5).

Conversely, in 2013, the least productive year, ME3 exhibited the highest yield of 10.2 t ha⁻¹, followed by ME4 with 8.3 t ha⁻¹. Genotype G19 displayed the highest productivity, yielding 11.4 t ha⁻¹ in ME3. Interestingly, G18, in ME4, recorded a yield of 8.6 t ha⁻¹, ranking among the ten least productive genotypes for this ME (Figure 5). These observations suggest an influence of the (G × E) × YEAR interaction on phenotypic variation.

Another noteworthy observation pertains to the correlation between VPD × PRECTOT and VPD × deficit by precipitation (PETP), which exhibited negative correlations in 2012 and positive correlation in 2013. This indicates that higher VPD signifies a drier year in 2012 and a wetter year in 2013, or vice versa, implying that lower VPD indicates a wetter 2012 and a drier 2013. Such variations in VPD could lead to water stress, either due to shortage or excess, impacting maize growth and development differently depending on the phenological stage (Figures 6 and 7) at which this stress occurs, thereby elucidating the variation in GY between different years.

Regarding PETP (Figure 6A), during the initial growth and leaf expansion I phases of the 2011/2012 season, MEs, 1 and 2 exhibited the lower value, indicating lower water availability. In ME1, PETP ranged from 80 % to 50 % during the initial growth and leaf expansion I phase, respectively, with values between -11.9 and -9.38 mm d⁻¹. ME2 showed a similar trend, with frequencies dropping to approximately 45 % and 20 % during the respective phases. Conversely, MEs 3 and 4, the most productive ones, displayed PETP values consistently above the range of -11.9 to -9.38 mm d⁻¹ during the initial growth phase. During leaf expansion

I, both ME3 and ME4 maintained PETP values above -9.38 mm d^{-1} , with approximately 25 % of the time falling between -2.75 and 15 mm d^{-1} . This, combined with average temperature (TMED) (Figure 7B), may explain the higher productivities in these MEs.

In the 2012/2013 season, these differences in PETP were attenuated, with ME3, which achieved the highest GY in 2013, exhibiting the PETP values during both the initial growth and leaf expansion phases, with approximately 30 % of the time between -2.75 and 15 mm d^{-1} .

Regarding VPD (Figure 6B), ME1, characterized by the lowest average GY in both 2012 and 2013, consistently displayed the highest VPD levels across various growth stages. This, coupled with high TMED (Figure 7B), contributed to a more stressful environment and consequently lower productivity.

During the flowering and grain filling stages, ME4 in 2012 recorded the highest VPD levels, approximately 70 % and 50 % between 0.903 and 1.25 KPa/day (during flowering) and between 1.25 and 2.18 KPa/day (during grain filling), respectively. However, ME4 was the most productive in 2012, suggesting that VPD alone did not adversely affect the transpiration rate significantly.

Variance components

The $\text{GEN} \times \text{ME} \times \text{YEAR}$ interaction exhibited significance for 4 out of 5 analyzed traits, notably NE and PD displaying the largest contributions to phenotypic variance (Figure 8A and Table 3). This underscores the direct influence of environmental factors on genotypic responses, recommending genotype selection tailored to each ME (Heinemann et al., 2019; Mebratu et al., 2019; Singamsetti et al., 2021; Yue et al., 2022). In terms of GY, both year and ME emerged as primary contributors to phenotypic variance.

In terms of genetic variance, the interactions $\text{GEN} \times \text{ME}$, $\text{GEN} \times \text{ME} \times \text{YEAR}$, and $\text{GEN} \times \text{YEAR}$ jointly contributed to over 50 % of the variance in genotype means for GY, NE, and PD (Figure 8B).

The phenotypic correlations between the traits studied in each ME over the two years were different. The ME1 was the only one with negative correlations between: EH and PD; EH and GY; PD and PH (Figure 9). In the other MEs, all the characteristics were positively correlated with each other, but with a low degree of Mantel correlation between the matrices, ratifying the use of a multiple characteristics index in each ME to take account of the different correlation structures.

Selection differentials for mean performance and stability

The selection process for each ME entailed consideration of multiple traits, resulting in the identification of the top five genotypes for each ME (Figures 10 and 11). Notably, hybrids G04 and G03 were selected in three MEs (ME1, ME3, and ME4), indicating their commendable performance and stability across diverse environments. Additionally, certain hybrids were selected for two specific MEs: G17 (ME1 and ME2), G10 (ME1 and ME3), G08 (ME2 and ME3), and G06 (ME2 and ME4).

The five selected genotypes (ranked by MTMPS) within ME1 were G14, G04, G10, G03, and G17 (Figure 10A). For ME2, the selected hybrids were G06, G08, G01, G07, and G17 (Figure 10B). In ME3, the selected hybrids were G08, G03, G02, G04, and G10 (Figure 10C). Within ME4, the top performers were G06, G03, G04, G05, and G20 (Figure 10D).

In all MEs, three factors (FA) remained consistent, explaining 83 %, 82 %, 93 %, and 97 % of the total variance for ME1, ME2, ME3, and ME4, respectively. The multivariate selection demonstrated a 100 % success rate (five out of five traits) for the desired selection differentials (SD) in ME1, ME3, and ME4, and 80 % (four out of five traits) for ME2 (Figure 12).

The selection differential for PD was positive for all MEs except for ME2, where it stood at -0.13 . Grain yield showed a positive SD across all MEs, ranging 3 % in ME2 to 15 % in ME4 (Figure 12).

Analyzing stability over the two years of cultivation, most of the studied characteristics exhibited negative SD values (Figure 13), except for EH in ME1 and ME2, with SD of 9.4 and 30.5 respectively, and for PH in ME1 with an SD of 9.6. Grain yield, NE, and PD displayed negative SD in MEs. Specially, for GY, the lowest SD values were observed in ME1 (−32.9) and ME2 (−45.7), confirming that the selected hybrids are those with higher average performance and remained stable in different environments and contrasting cultivation years.

Classification of MEs

The GGE biplot (Figure 14) displays the categorization of the four delineated MEs in relation to an ideal ME. Considering the average productivity in each ME, ME4 (Nossa Senhora das Dores and Frei Paulo) is closest to the “ideal” environment, with an average productivity of 9.5 t ha^{−1}. On the other hand, ME2, with average yields of 8.5 t ha^{−1}, seems to be quite distant from the score of the “ideal” environment depicted in Figure 14.

Genotype classification

Figure 15 depicts the GGE Biplot showcasing the ranking of genotypes concerning an ideal genotype (Figure 15A) and illustrates the means of each genotype along with their stability (Figure 15B). Genotypes G17, G08, and G07 emerged as the hybrids that closely approximated the ideal genotype, as indicated by their proximity to the center of concentric circles (Figure 15A). In terms of stability, G08, G09, and G14 demonstrated greater stability, while G16 exhibited the highest level of instability among all evaluated hybrids (Figure 15B). When comparing GGE with MTMPS, it can be observed that hybrids G07, G08, G14, and G17 (Figure 10A-D) were also selected as the most productive and stable among the different MEs.

Discussion

The climate variability in the Northeast region of Brazil is complex and diverse, as evidenced by grouping of distant cities from different states into the same ME (ME1 and ME2), while closer cities within the same state (Sergipe) formed two distinct MEs (ME3 and ME4) (Figure 1).

The observed complexity in climatic patterns within the northeastern region of Brazil aligns with similar findings by Yue et al. (2022), who documented comparable ME dynamics in the Huanghuaihai Plain of China. Additionally, Brito et al. (2021) highlighted the high spatio-temporal variability and irregular rainfall characteristic of northeastern Brazil, particularly under the influence of major atmospheric phenomena such as El Niño and La Niña (Nóia Júnior and Sentelhas, 2019). These parallels underscore the significance of our study in understanding climatic variability and optimizing genotype selection and agricultural planning. Our research offers valuable insights to enhance the resilience and productivity of agricultural systems in similar environments globally.

These findings lead to a deeper exploration of the specific characteristics of each ME identified in this study. The PCA Biplot (Figure 4A) provides insights into the characteristics of each ME in the study. ME1 is distinguished by elevated values of GDD, which signify the accumulated temperature for plant development. Additionally, ME1 exhibits higher FRUE, indicating the influence of plants in utilizing solar radiation for photosynthesis and biomass production. Furthermore, ME1 is associated with higher values of mean temperature of the dew point (TMDEW) and daylight hours (N), suggesting favorable conditions for plant growth.

On the other hand, ME2 is characterized by higher values of maximum temperature (TMAX), ASKLW, PRECTOT, and PETP. The increased precipitation and higher values of PETP imply greater water availability in ME2. In contrast, ME3 exhibits higher values of wind speed (WS) and solar radiation (n), indicating stronger winds and longer sunlight duration, as well as lower temperature range (TRANGE), with TMAX of 28.1 °C and TMIN of 22.5 °C, optimal conditions for maize development, which may influence the growth and development

of plants in ME3. Finally, ME4 is distinguished by higher values of VPD and TRANGE, with TMAX of 29.4 °C and TMIN of 19.3 °C. This association suggests drier environmental conditions characterized by higher evapotranspiration rates and greater temperature fluctuations. This observation aligns with findings by Yue et al. (2022), who reported similar characteristics for drier environments.

Similar findings were reported, indicating that the most productive ME exhibited the highest VPD levels. This led to the conclusion that VPD alone was not sufficient to diminish productivity (Yue et al., 2022). This is likely due to the influence of other environmental variables, including TMAX, TMED, and TMIN, as well as RH, WS, and PRECTOT. These variables can significantly influence the phenotypic expressions of the hybrids studied.

An understanding of the environmental dynamics across diverse locations and years, in conjunction with $G \times E$, is of heightened significance (Gauch et al., 2008; Olivoto et al., 2019a; Yan et al., 2007). The identification of maize genotypes capable of effectively navigating water stress and other climatic fluctuations, particularly within specific MEs and aligned with growth stages, is of paramount importance for sustaining productivity over successive years (Carcedo et al., 2022; Rezende et al., 2020; Xu, 2016; Yue et al., 2022).

These findings underscore the reliance genotype phenotyping expressions on environmental cues (Guo et al., 2020; Krause et al., 2020; Rezende et al., 2020), thus emphasizing the significance of genotype selection within MEs (Sampaio Filho et al., 2023; Yue et al., 2022). Such tailored selection strategies hold potential for greater selection gains, particularly metric in nature of the primary traits for genotype enhancement and the involvement of multiple genes in phenotypic expressions (Borém et al., 2017; Ceballos et al., 2020; Jarquín et al., 2014; Sampaio Filho et al., 2023).

This information is crucial for categorizing environments into various ME's and selecting genotypes within the MEs rather than broadly adapted genotypes for all MEs (Abakemal et al., 2016; Gauch and Zobel, 1997; Sampaio Filho et al., 2023; Yue et al., 2022).

Nevertheless, we have genotypes adapted and productive in different MEs. The selection of hybrids G04 and G03 in three out of four MEs (ME1, ME3, and ME4) underscores their strong performance and stability across varying environmental conditions. Moreover, ME4 emerged as the most favorable environment, closely aligning with the ideal conditions for the studied hybrids.

The MTMPS, a novel form of multivariate selection, can be considered an adaptation of MTSI (Olivoto et al., 2019b; Yue et al., 2022). Using a selection intensity of 25 %, the MTMPS index identified five hybrids, for each ME (Figure 10). These selected hybrids demonstrated lower MTMPS values, indicating their proximity to the ideotype, considering all evaluated traits (Olivoto et al., 2019b; Sampaio Filho et al., 2023). The MTMPS methodology has shown effectiveness in assessing $G \times E$ in maize breeding, resulting in enhanced performance and stability across all traits evaluated. However, despite its potential for improving genotype selection, MTMPS is not widely utilized.

In conclusion, envirotyping has proven to be a valuable tool in establishing robust correlations between environments, thereby enhancing the accuracy of cultivar recommendations across different locations within the same ME. The multivariate approach employed, specifically the MTMPS index, has demonstrated effectiveness in selecting genotypes that are both productive and stable for each ME. By integrating envirotyping techniques with multivariate selection strategies for both average performance and stability, this study has provided valuable understandings into genotype-environment interaction within multi-environment trials. These advancements are poised to significantly enhance breeding programs and contribute to the development of more resilient and productive crop varieties tailored to specific environmental contexts.

Acknowledgments

To Dr. Hélio Wilson Lemos de Carvalho (*in memoriam*); To Study Group in Plant Breeding of the Semiarid (GEMS); To Embrapa; To Fundação de Apoio à Pesquisa e à Inovação Tecnológica do Estado de Sergipe (FAPITEC).

"This work was supported by FAPITEC, Foundation for Research and Technological Innovation Support of the State of Sergipe (FAPITEC/SE/FUNTEC Call No. 12/2022)."

Authors' Contributions

Conceptualization: Martins GO, Oliveira GHF, Cordeiro Junior JJF, Oliveira TRA. **Data acquisition:** Cardoso MJ, Oliveira TRA, Oliveira GHF. **Data analysis:** Martins GO, Barreto MSR, Aragão, NSC. **Design of methodology:** Martins GO, Oliveira GHF, Oliveira TRA. **Writing and editing:** Martins GO, Oliveira TRA, Aragão NSC, Jesus WS.

Declaration of conflict of interest

The authors declared that there is no conflict of interest that could constitute an impediment to the publication of this article.

Data availability statement

All data generated or analyzed during this study are included in this paper or will be made available for publication.

Declaration of use of AI Technologies

The authors used AI technologies only to assist with English language corrections in the preparation of this paper.

References

- Abakemal D, Shimelis H, Derera J. 2016. Genotype-by-environment interaction and yield stability of quality protein maize hybrids developed from tropical-highland adapted inbred lines. *Euphytica* 209: 757-769. <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1673-7>
- Bates D, Mächler M, Bolker B, Walker S. 2015. Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software* 67: 1-48. <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
- Borém A, Miranda GV, Fritsche-Neto R. 2017. Plant Breeding = Melhoramento de Plantas. 7ed. Editora UFV, Viçosa, MG, Brazil (in Portuguese).
- Brito CS, Silva RM, Santos CAG, Brasil Neto RM, Coelho VHR. 2021. Monitoring meteorological drought in a semiarid region using two long-term satellite-estimated rainfall datasets: a case study of the Piranhas River basin, northeastern Brazil. *Atmospheric Research* 250: 105380. <https://doi.org/10.1016/j.atmosres.2020.105380>
- Carcedo AJP, Mayor L, Demarco P, Morris GP, Lingenfelser J, Messina CD, et al. 2022. Environment characterization in sorghum (*Sorghum bicolor* L.) by modeling water-deficit and heat patterns in the great plains region, United States. *Frontiers in Plant Science* 13: 768610. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.768610>
- Ceballos H, Rojanaridpiched C, Phumichai C, Becerra LA, Kittipadakul P, Iglesias C, et al. 2020. Excellence in cassava breeding: perspectives for the future. *Crop Breeding Genetics and Genomic* 2: e200008. <https://doi.org/10.20900/cbgg20200008>
- Companhia Nacional de Abastecimento [CONAB]. 2024. Monitoring of Brazilian Grain Harvest, Fifth Survey = Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos, Quinto Levantamento. CONAB, Brasília, DF, Brazil. Available at: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos> [Accessed ...] (in Portuguese).

- Costa-Neto G, Fritsche-Neto R, Crossa J. 2021a. Nonlinear kernels, dominance, and envirotyping data increase the accuracy of genome-based prediction in multi-environment trials. *Heredity* 126: 92-106. <https://doi.org/10.1038/s41437-020-00353-1>
- Costa-Neto G, Galli G, Carvalho HF, Crossa J, Fritsche-Neto R. 2021b. *EnvRtype*: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. *G3 Genes|Genomes|Genetics* 11: jkab040. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab040>
- Dempster AP, Laird NM, Rubin DB. 1977. Maximum likelihood from incomplete data via the *EM* algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B* 39: 1-22. <https://doi.org/10.1111/j.2517-6161.1977.tb01600.x>
- Gauch Jr. HG, Piepho HP, Annicchiarico P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. *Crop Science* 48: 866-889. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.09.0513>
- Gauch Jr. HG, Zobel RW. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Science* 37: 311-326. <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700020002x>
- Guo T, Mu Q, Wang J, Vanous AE, Onogi A, Iwata H, et al. 2020 Dynamic effects of interacting genes underlying rice flowering-time phenotypic plasticity and global adaptation. *Genome Research* 30: 673-683. <https://www.genome.org/cgi/doi/10.1101/gr.255703.119>
- Heinemann AB, Ramirez-Villegas J, Rebolledo MC, Costa Neto GMF, Castro AP. 2019. Upland rice breeding led to increased drought sensitivity in Brazil. *Field Crops Research* 231: 57-67. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2018.11.009>
- Jarquín D, Crossa J, Lacaze X, Du Cheyron P, Daucourt J, Lorgeou J, et al. 2014. A reaction norm model for genomic selection using high-dimensional genomic and environmental data. *Theoretical and Applied Genetics* 127: 595-607. <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-013-2243-1>
- Kaiser HF. 1958. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. *Psychometrika* 23: 187-200. <https://doi.org/10.1007/BF02289233>

- Kassambara A, Mundt F. 2020. Factoextra: extract and visualize the results of multivariate data analyses. Available at: <https://cran.r-project.org/package=factoextra> [Accessed]
- Krause MD, Dias KOG, Santos JPR, Oliveira AA, Guimarães LJM, Pastina MM, et al. 2020. Boosting predictive ability of tropical maize hybrids via genotype-by-environment interaction under multivariate GBLUP models. *Crop Science* 60: 3049-3056. <https://doi.org/10.1002/csc2.20253>
- Li X, Guo T, Mu Q, Li X, Yu J. 2018. Genomic and environmental determinants and their interplay underlying phenotypic plasticity. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115: 6679-6684. <https://doi.org/10.1073/pnas.1718326115>
- Mebratu A, Wegary D, Mohammed W, Teklewold A, Tarekegne A. 2019. Genotype $\times$ environment interaction of quality protein maize hybrids under contrasting management conditions in Eastern and Southern Africa. *Crop Science* 59: 1576-1589. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.12.0722>
- Millet EJ, Kruijer W, Coupel-Ledru A, Prado SA, Cabrera-Bosquet L, Lacube S, et al. 2019. Genomic prediction of maize yield across European environmental conditions. *Nature Genetics* 51: 952-956. <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0414-y>
- Monteiro LA, Sentelhas PC, Pedra GU. 2018. Assessment of NASA/POWER satellite-based weather system for Brazilian conditions and its impact on sugarcane yield simulation. *International Journal of Climatology* 38: 1571-1581. <https://doi.org/10.1002/joc.5282>
- Nóia Júnior RS, Sentelhas PC. 2019. Soybean-maize off-season double crop system in Brazil as affected by El Niño southern oscillation phases. *Agricultural Systems* 173: 254-267. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2019.03.012>
- Olivoto T, Lúcio AD. 2020. Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*. 11: 783-789. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>

- Olivoto T, Lúcio AD, Silva JAG, Marchioro VS, Souza VQ, Jost E. 2019a. Mean performance and stability in multi-environment trials. I. Combining features of AMMI and BLUP techniques. *Agronomy Journal* 111: 2949-2960. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0220>
- Olivoto T, Lúcio AD, Silva JAG, Sari BG, Diel MI. 2019b. Mean performance and stability in multi-environment trials. II. Selection based on multiple traits. *Agronomy Journal* 111: 2961-2969. <https://doi.org/10.2134/agronj2019.03.0221>
- Olivoto T, Nardino M. 2021. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics* 37: 1383-1389. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>
- Rezende WS, Beyene Y, Mugo S, Ndou E, Gowda M, Sserumaga JP, et al. 2020. Performance and yield stability of maize hybrids in stress-prone environments in eastern Africa. *The Crop Journal* 8: 107-118. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2019.08.001>
- Sampaio Filho JS, Olivoto T, Campos MS, Oliveira EJ. 2023. Multi-trait selection in multi-environments for performance and stability in cassava genotypes. *Frontiers in Plant Science* 14: 1282221. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1282221>
- Schmidt P, Hartung J, Bennewitz J, Piepho HP. 2019. Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. *Genetics* 212: 991-1008. <https://doi.org/10.1534/genetics.119.302134>
- Singamsetti A, Shahi JP, Zaidi PH, Seetharam K, Vinayan MT, Kumar M, et al. 2021. Genotype $\times$ environment interaction and selection of maize (*Zea mays* L.) hybrids across moisture regimes. *Field Crops Research* 270: 108224. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2021.108224>
- Sparks AH. 2018. Nasapower: a NASA POWER global meteorology, surface solar energy and climatology data client for R. *Journal of Open Source Software* 3: 1035. <https://joss.theoj.org/papers/10.21105/joss.01035.pdf>
- Xu Y. 2016. Envirotyping for deciphering environmental impacts on crop plants. *Theoretical and Applied Genetics* 129: 653-673. <https://doi.org/10.1007/s00122-016-2691-5>

- Yan W. 2014. Crop Variety Trials: Data Management and Analysis. John Wiley, New York, NY, USA. <https://doi.org/10.1002/9781118688571>
- Yan W, Kang MS, Ma B, Woods S, Cornelius, PL. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. Crop Science 47: 643-653. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>
- Yue H, Olivoto T, Bu J, Li J, Wei J, Xie J, et al. 2022. Multi-trait selection for mean performance and stability of maize hybrids in mega-environments delineated using envirotyping techniques. Frontiers in Plant Science 13: 1030521. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1030521>

Figures and Tables

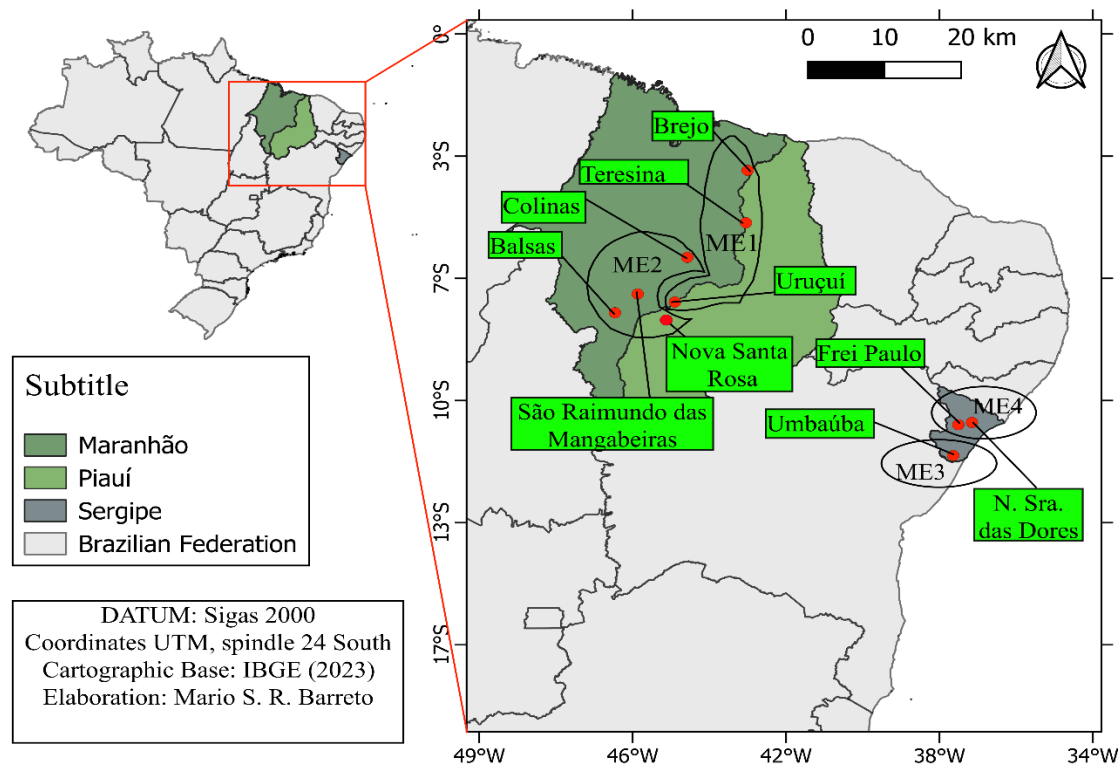


Figure 1 – Geographic information of the ten experimental sites for the trials carried out during 2012 and 2013. The four macroenvironments (MEs) are delineated based on long-term (23 years) climate information.

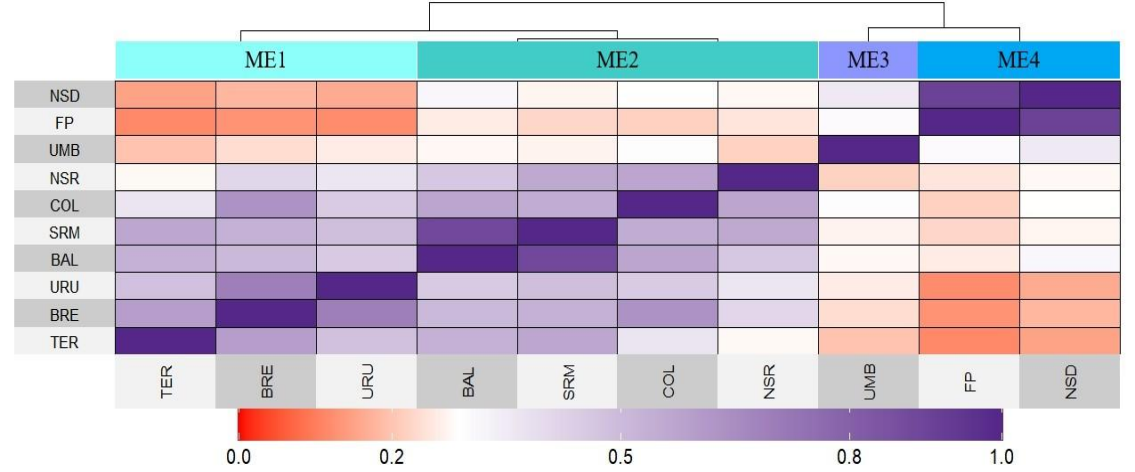


Figure 2 – Illustrates a heatmap displaying delineated macroenvironments (MEs), depicting similarity based on a 23-year dataset across 19 environmental covariates. The correlation scale on the x-axis ranges from 0 (red) to 1 (purple), indicating that the closer the value is to

1, the more similar the environments are, while values closer to 0 represent greater dissimilarity. NSD = Nossa Senhora das Dores; FP = Frei Paulo; UMB = Umbaúba; NSR = Nova Santa Rosa; COL = Colinas; SRM = São Raimundo das Mangabeiras; BAL = Balsas; URU = Uruçuí; BRE = Brejo; TER = Teresina.

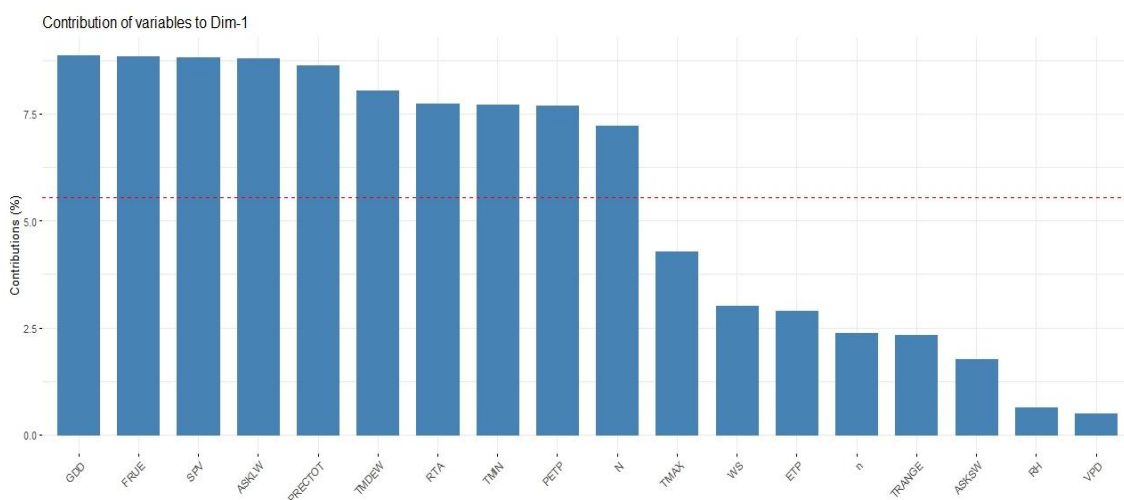


Figure 3 – Contribution of environmental covariates (x-axis) in the principal component analysis (averaged over a period of 23 years). Dim = dimension; GDD = growing degree day; FRUE = effect of temperature on radiation use efficiency; SPV = slope of saturation vapor pressure curve; ASKLW = thermal downward longwave radiative flux; PRECTOT = rainfall precipitation; TMDEW = temperature of the dew/frost point; RTA = extraterrestrial radiation; TMIN = minimum temperature; PETP = deficit by precipitation; N = daylight hours; TMAX = maximum temperature; WS = wind speed at 2 m; ETP = potential evapotranspiration; n = solar radiation; TRANGE = temperature range; ASKSW = all sky insolation incident on a horizontal surface; RH = relative humidity; VPD = vapor pressure deficit.

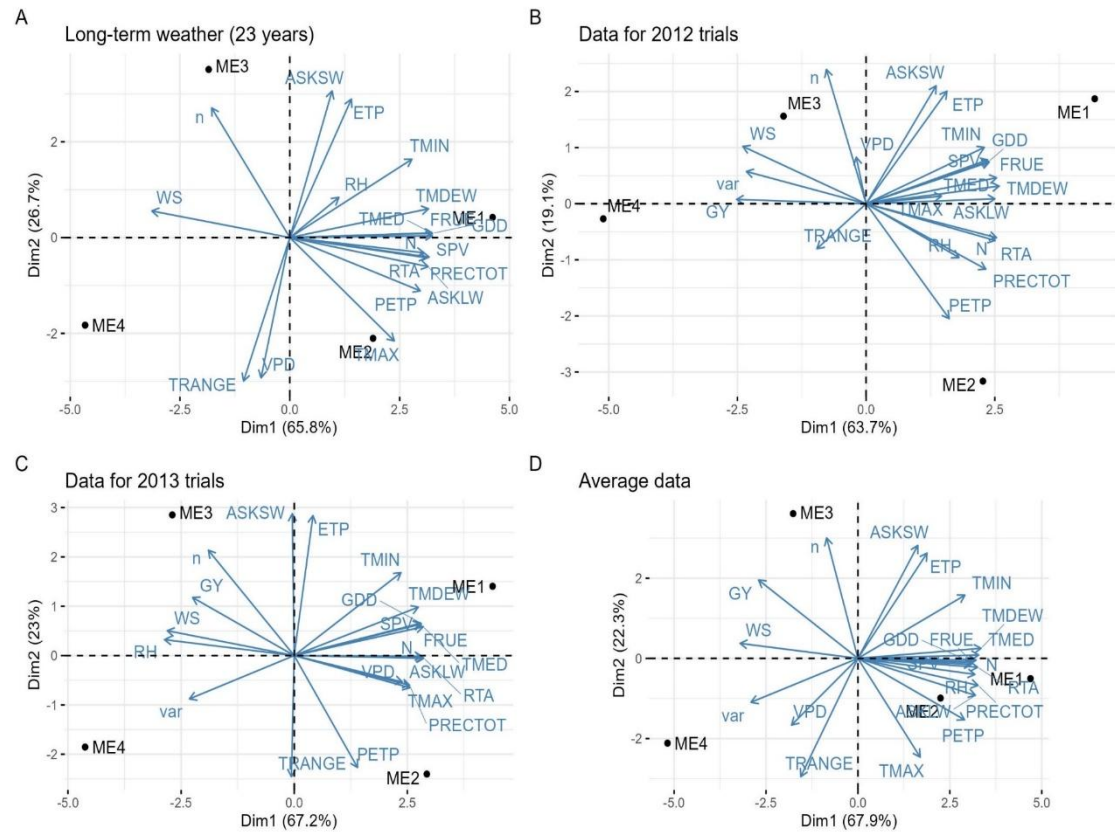


Figure 4 – Depicts the biplot for the principal component analysis among environmental variables. A) illustrates long-term pattern data, representing the average of 23 years of climatic information; B) and C) display climatic variables observed during the experiments in 2012 and 2013, respectively; D) presents the average information from the two years of experiments. The variables analyzed include GY = grain yield; var = genotypic variance within the macroenvironment (ME); WS = wind speed; TMAX = maximum temperature; TMIN = minimum temperature; TMDEW = temperature of the dew/frost point; TMED = average temperature; PRECTOT = rainfall precipitation; RTA = extraterrestrial radiation; RH = relative humidity; ASKLW = thermal downward longwave radiative flux; ASKSW = all sky insolation incident on a horizontal surface; FRUE = effect of temperature on radiation use efficiency; GDD = growing degree day; n = solar radiation; N = daylight hours; VPD = vapor pressure deficit; SPV = slope of saturation vapor pressure curve; TRANGE = temperature range; ETP = potential evapotranspiration; PETP = deficit by precipitation. Dim = dimension.

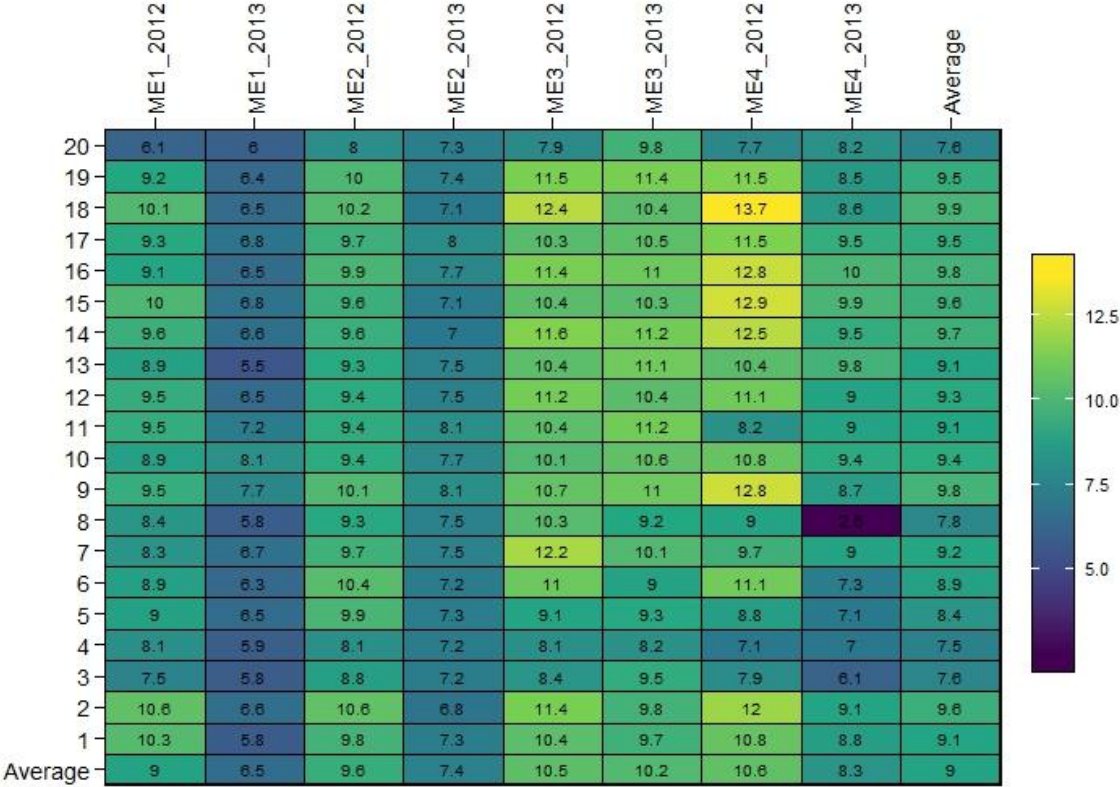


Figure 5 – Heatmap illustrating the mean grain yield of the examined genotypes across each combination of macroenvironment (ME) and year.



Figure 6 – A) Relative frequency for each type of environment regarding precipitation deficit and B) vapor pressure deficit observed across the studied environments and

macroenvironments (MEs) at various stages of the crop development and trial years.

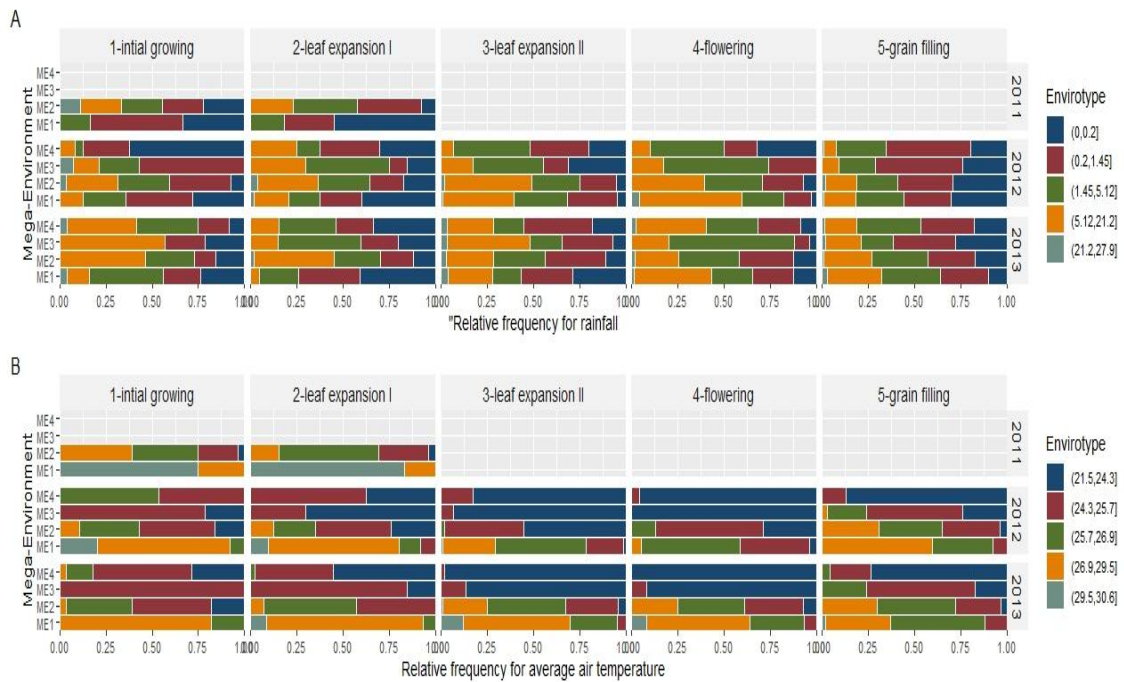


Figure 7 – A) Frequency of each environmental type for rainfall and B) mean temperature observed in the studied environments and macroenvironments (MEs) at different stages of the crop development and trial years.

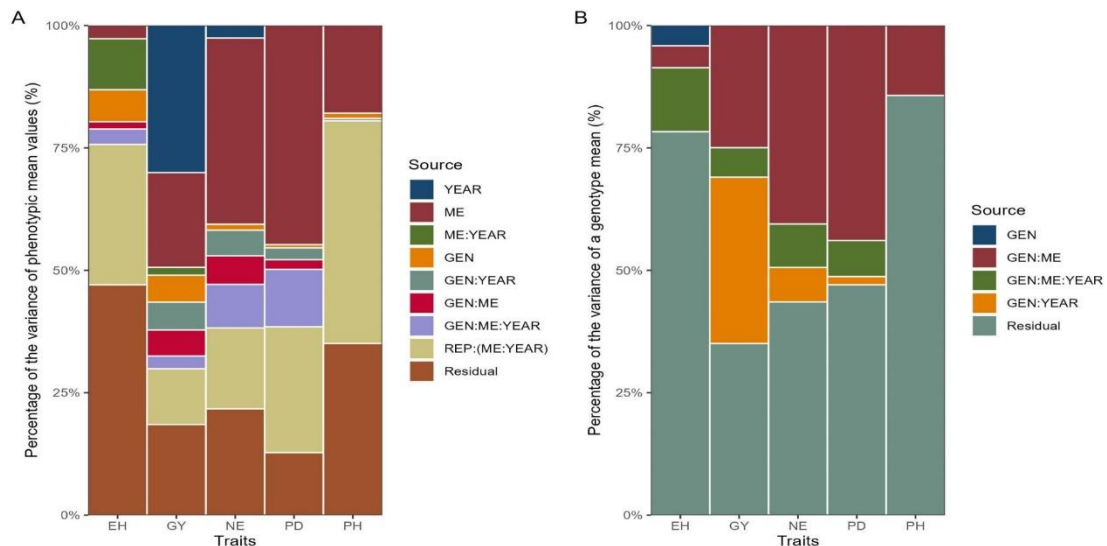


Figure 8 – A) Percentage of phenotypic mean value variance and B) percentage of genotype mean variance. EH = ear height, GY = grain yield; NE = number of ears; PD = plant density; PH = plant height; ME = macroenvironment; G = genotype; REP = repetition.

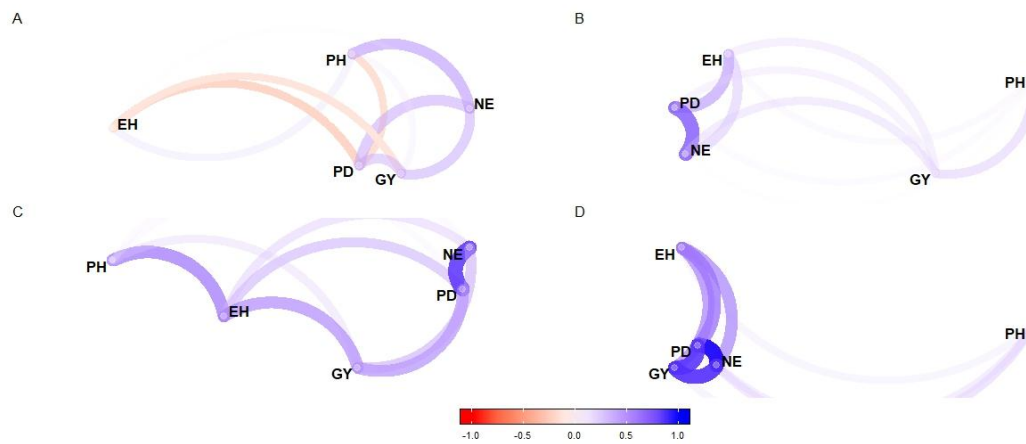


Figure 9 – Phenotypic correlations between the traits evaluated in macroenvironments (MEs) A) ME1, B) ME2, C) ME3, and D) ME4 in the two years studied. PH = plant height; NE = number of ears; EH = ear height; PD = plant density; GY = grain yield.

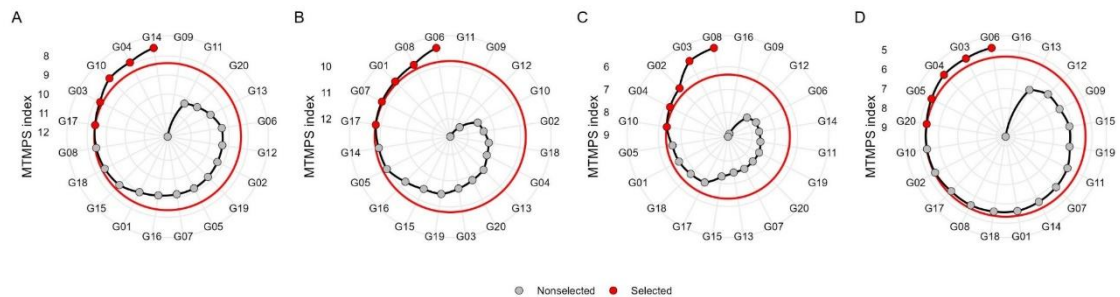


Figure 10 – The genotypic ranking and the chosen genotypes (G) for the multi-trait mean performance and stability index (MTMPS), considering a selection intensity of 25 % within A) macroenvironment (ME)1, B) ME2, C) ME3, and D) ME4. The highlighted red circles indicate the five selected genotypes for each respective macroenvironment.

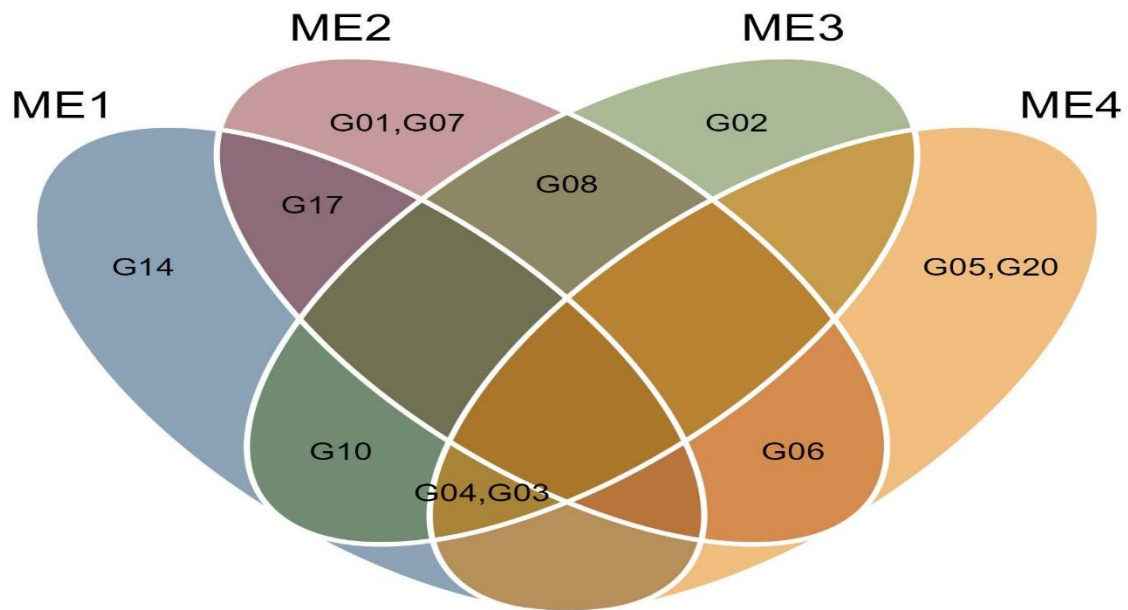


Figure 11 – A Venn diagram illustrating the five selected genotypes (G) in each macroenvironment (ME).

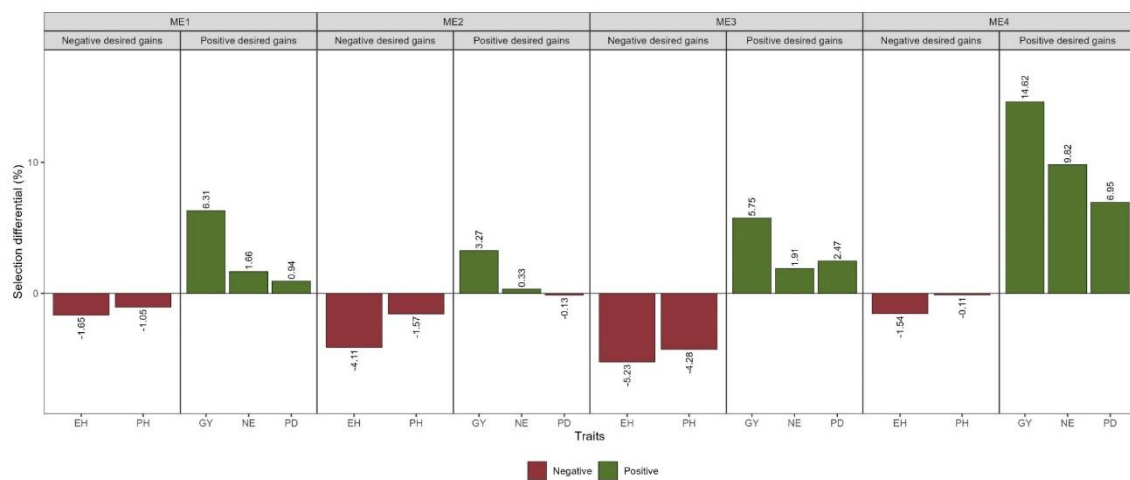


Figure 12 – Selection gains for average performance within each macroenvironment (ME) were calculated considering the top five selected genotypes. EH = ear height; PH = plant height; GY = grain yield; NE = number of ears; PD = plant density.

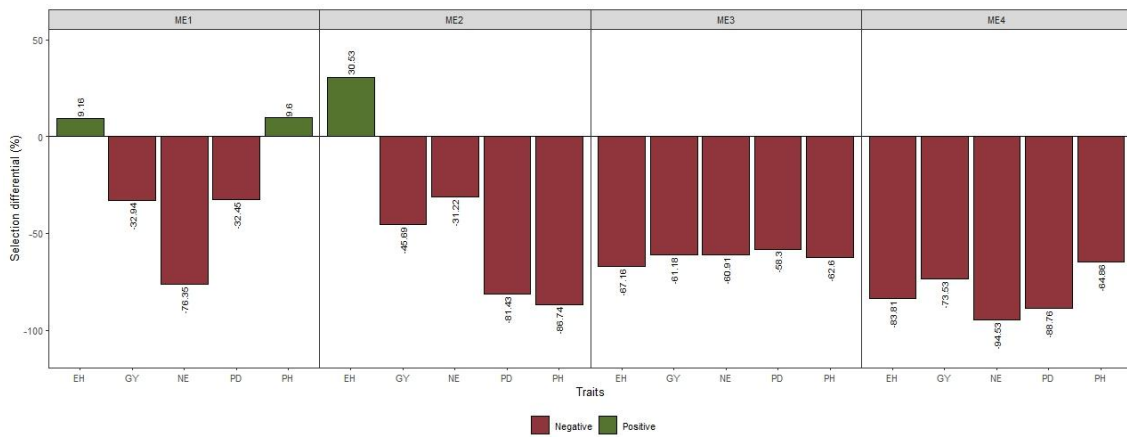


Figure 13 – Selection gains for stability within each macroenvironment (ME) were calculated based on the top five selected genotypes. EH = ear height; GY = grain yield; NE = number of ears; PD = plant density; PH = plant height.

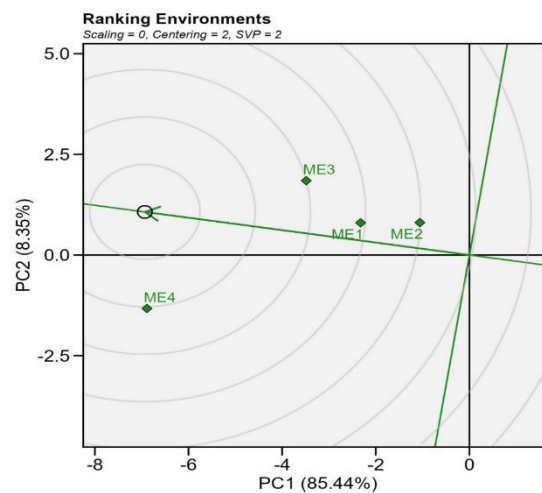


Figure 14 – Genotype and Genotype $\times$ Environment Biplot (GGE Biplot) of environmental ranking, displaying the classification of macroenvironments (MEs) concerning an ideal ME. The analysis uses Single Value Projection (SVP) = 2, the singular value is entirely partitioned into the environment eigenvectors. PC = principal component.

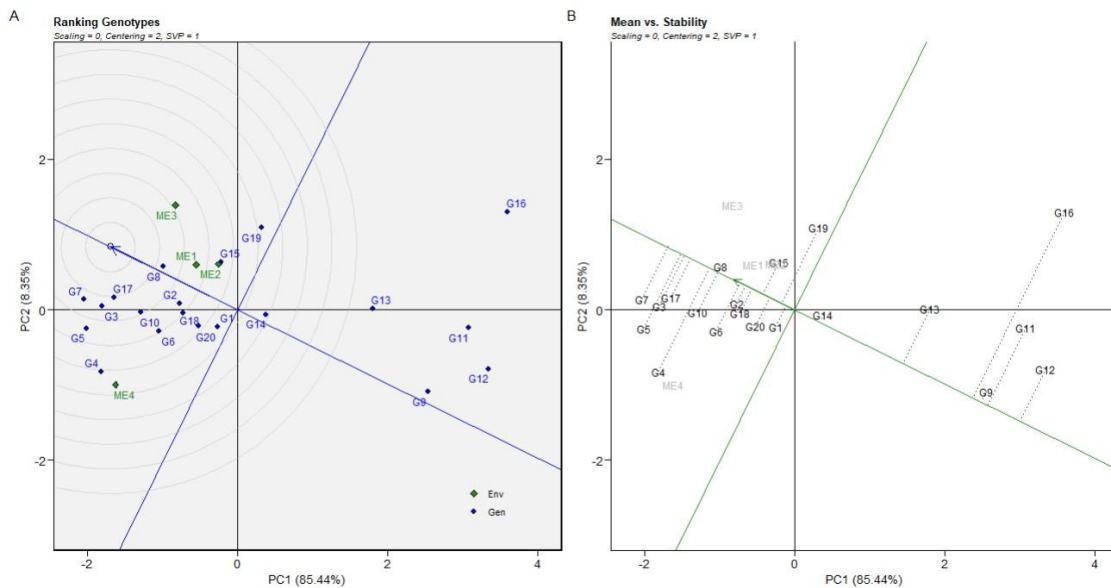


Figure 15 – Genotype and Genotype $\times$ Environment Biplot (GGE Biplot): mean $\times$ stability for grain yield (t ha^{-1}) of 20 maize genotypes grown in four macroenvironments (MEs) of the Brazilian Northeast and their respective production stabilities. The analysis uses Single Value Projection (SVP) = 1, the singular value is entirely partitioned into the genotype eigenvectors. Env = environments and Gen = genotypes. PC = principal component; G = genotype

Table 1 – List of genotypes used, along with the codes used in segmentation, and their respective origins, types, cycles, colors, grain textures, and supplying companies.

Code	Cultivar	Transgenic/ conventional	Type ¹	Cycle ²	Grain color ³	Grain texture ⁴	Seed company
G01	20A55HX	Transgenic	TH	E	OR	SMHARD	Morgan
G02	2B433HX	Transgenic	TH	EE	Y/OR	SMDENT	Dow Agro
G03	2B587HX	Transgenic	SH	E	Y/OR	SMDENT	Dow Agro
G04	2B604HX	Transgenic	SHm	E	OR	SMHARD	Dow Agro
G05	2B707HX	Transgenic	SH	E	OR	SMHARD	Dow Agro
G06	2B710HX	Transgenic	SH	E	Y/OR	SMHARD	Dow Agro
G07	30A16HX	Transgenic	SH	E	Y/OR	SMHARD	Morgan
G08	30A37HX	Transgenic	SH	EE	Y/OR	SMHARD	Morgan
G09	30A91HX	Transgenic	SHm	E	Y/OR	SMHARD	Morgan
G10	30A95HX	Transgenic	TH	E	OR	SMHARD	Morgan
G11	BRS2022	Conventional	DH	E	OR	SMDENT	EMBRAPA
G12	BRS2020	Conventional	DH	E	OR	SMHARD	EMBRAPA
G13	BM820	Conventional	SH	E	R	HARD	BIOMATRIX
G14	DKB330YG	Conventional	SH	EE	R/OR	SMDENT	DEKALB
G15	DKB370	Conventional	SHm	E	Y/OR	SMHARD	DEKALB
G16	Statusvip	Transgenic	SH	E	OR	HARD	SYNGENTA

G17	30A68HX	Transgenic	SH	EE	OR	SMHARD	MORGAN
G18	P4285H	Transgenic	SH	E	Y/OR	HARD	DU PONT
G19	30F53HR	Transgenic	SH	E	OR	SMHARD	DU PONT
G20	30K73H	Transgenic	SH	E	Y/OR	SMHARD	DU PONT

¹DH = Double hybrid; SH = Single hybrid; TH = Triple hybrid; SHm = Modified single hybrid; ²EE = Extra early; E = Early; ³OR = Orange; R = Reddish; Y = Yellow; ⁴SMDENT = Semi-dent; SMHARD = Semi-hard.

Table 2 – List of environmental covariates used to segment the environments and group them according to their distances (greater similarity).

	Code	Environmental variable	Units
Nasa POWER ^a	WS	Wind speed at 2 m	km h ⁻¹
	TMAX	Maximum temperature at 2 m	°C d ⁻¹
	TMIN	Minimum temperature at 2 m	°C d ⁻¹
	TMDEW	Temperature of the dew/frost point at 2 m	°C d ⁻¹
	TMED	Average air temperature	°C d ⁻¹
	PRECTOT	Rainfall precipitation	mm d ⁻¹
	RTA	Extraterrestrial radiation	MJ m ⁻² d ⁻¹
	RH	Relative humidity at 2 m	%
	ASKLW	Downward thermal infrared (longwave) radiative flux	
	ASKSW	All sky insolation incident on a horizontal surface	
Calculated ^b	FRUE	Effect of temperature on radiation use efficiency	-
	GDD	Growing degree day	°C d ⁻¹
	n	Actual duration of sunshine	h
	N	Daylight hours	h
	VPD	Vapor pressure deficit	KPa/d
	SPV	Slope of saturation vapor pressure curve	KPa °C d ⁻¹
	TRANGE	Temperature range	°C d ⁻¹
	ETP	Potential evapotranspiration	mm d ⁻¹
	PETP	Deficit by precipitation	mm d ⁻¹

^aEstimated from NASA orbital sensors (Sparks, 2018); ^bProcessed using concepts from Allen *et al.* (1998) and Soltani and Sinclair (2012). Source: Compiled by the authors, with data extracted from the EnvRtype package (Costa-Neto *et al.*, 2021b). The EnvRtype gathers raw environmental data from public platforms, such as a satellite-based meteorological system known as “NASA’s Prediction of Worldwide Energy”.

Table 3 – List of municipalities in the Brazilian Northeast and corn productivity (2022/2023), according to CONAB (2024), as well as the geographic coordinates in decimal degrees of the ten environments, used for the segmentation of macroenvironments.

Environmet	Code	State	Longitude	Latitude	Altitude	Corn Yield
					m	t ha ⁻¹
Balsas	BAL	Maranhão	46°01’45’’ W	07°31’47’’ S	244	5,161

Brejo	BRE	Maranhão	42°45'00''W	03°40'48'' S	68	5,161
Colinas	COL	Maranhão	44°04'12''W	06°01'12'' S	302	5,161
Nossa Senhora das Dores	NSD	Sergipe	37°12'45'' W	10°29'30' S	180	5,209
Frei Paulo	FP	Sergipe	37°31'42'' W	10°33'36'' S	435	5,209
Nova Santa Rosa	NSR	Piauí	45°55'12'' W	08°24'01' S	489	4,523
São Raimundo das Mangabeiras	SRM	Maranhão	45°25'10''	06°49'48'' S	327	4,879
Teresina	TER	Piauí	42°46'48'' W	05°01'48'' S	68	4,523
Umbaúba	UMB	Sergipe	37°40'26'' W	11°22'34'' S	130	5,209
Uruçuí	URU	Piauí	44°37'12''W	07°12'59'' S	50	4,523

Source: Developed by the authors.

Table 4 – Variance components for the main effect of genotypes variance (σ^2_G), macroenvironments variance (σ^2_M), cultivation year variance (σ^2_Y), and their interactions estimated for five traits assessed in 20 maize hybrids.

Source of variation	EH	GY	NE	PD	PH
σ^2_M	0.804 ^{ns}	0.146 ^{ns}	0.017*	0.008**	0.109 ^{ns}
σ^2_G	0.000**	0.072 ^{ns}	0.652 ^{ns}	0.707 ^{ns}	0.157 ^{ns}
σ^2_{GY}	1.000 ^{ns}	0.000**	0.008**	0.154 ^{ns}	0.422 ^{ns}
σ^2_{GM}	0.360 ^{ns}	0.001**	0.022*	0.369 ^{ns}	1.000 ^{ns}
σ^2_{GMY}	0.055 ^{ns}	0.006**	0.000**	0.000**	1.000 ^{ns}
$\sigma^2_{REP(M:Y)}$	0.000**	0.000**	0.000**	0.000**	0.000**
σ^2_{MY}	0.158 ^{ns}	0.839 ^{ns}	1.000 ^{ns}	1.000 ^{ns}	1.000 ^{ns}
σ^2_Y	1.000 ^{ns}	0.061 ^{ns}	0.376 ^{ns}	1.000 ^{ns}	0.999 ^{ns}

EH = ear height; GY = grain yield; NE = number of ears; PD = plant density; PH = plant height. * $p \leq 0.05$; ** $p \leq 0.01$; ^{ns} $p > 0.05$.

5. ENVIROTIPAGEM, ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL, IMPLICAÇÕES PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO: PERCEPÇÕES DE SÉRIES TEMPORAIS CLIMÁTICAS NUMA REGIÃO SEMIÁRIDA

RESUMO

Este estudo teve como objetivo aplicar a envirotipagem como ferramenta para identificar e caracterizar grupos ambientais climaticamente semelhantes no Alto Sertão Sergipano, visando subsidiar o planejamento de ensaios e futuros programas de melhoramento de milho na região. A região-alvo, formada por sete municípios e representada por 18 localidades georreferenciadas, foi caracterizada no ambiente R com auxílio do pacote EnvRtype. As localidades foram comparadas por meio de covariáveis climáticas padronizadas e análise de agrupamento hierárquico, para segmentar os ambientes com base em covariáveis ambientais de relevância ecofisiológica. Foram utilizadas quinze variáveis ambientais (ECs) e dados climáticos diários referentes ao período de 2002 a 2022, considerando a janela de maio a outubro para caracterizar e agrupar as localidades segundo a similaridade de seus perfis climáticos. A envirotipagem se mostrou uma ferramenta eficaz para identificar padrões ambientais distintos na região, agrupando as localidades analisadas de acordo com a heterogeneidade climática regional e fornecendo informações importantes para o desenvolvimento de estratégias de melhoramento genético do milho. Os resultados revelaram a formação de quatro grandes grupos de ambientes, mostrando a possibilidade de redução do número de campos de teste e direcionando os esforços para os ambientes mais representativos e promissores em termos de produtividade de milho. Os agrupamentos diferenciaram localidades principalmente em função de variáveis associadas ao regime hídrico, à temperatura, à radiação e à demanda atmosférica. Esses resultados fornecem uma base ambiental para futuros estudos de interação genótipo $\times$ ambiente e podem subsidiar o planejamento de redes experimentais e estudos de melhoramento na região.

Palavras-chave: Alto Sertão Sergipano. Covariáveis climáticas. Envirotipagem. Ensaios multiambientais. Similaridade ambiental.

ABSTRACT

ENVIROTYPING, ENVIRONMENTAL STRATIFICATION, GENETIC IMPROVEMENT: INSIGHTS FROM CLIMATIC TIME SERIES IN A SEMIARID REGION

This study aimed to apply *envirotyping* as a tool to identify and characterize climatically similar environmental groups in the Alto Sertão region of Sergipe, Brazil, in order to support the planning of field trials and future maize breeding programs in the region. The target area, comprising seven municipalities and represented by 18 georeferenced locations, was characterized in the R environment using the EnvRtype package. The locations were compared

using standardized climatic covariates and hierarchical cluster analysis to classify environments based on ecophysiological relevant environmental covariates. Fifteen environmental covariates (ECs) and daily climatic data from 2002 to 2022 were used, considering the period from May to October to characterize and group the locations according to the similarity of their climatic profiles. The results demonstrated that envirotyping is an effective approach for identifying distinct environmental patterns within the region, grouping the evaluated locations according to regional climatic heterogeneity and providing valuable information for the development of maize breeding strategies. Four major environmental groups were identified, indicating the potential to reduce the number of testing sites by concentrating efforts on the most representative and promising environments for maize productivity. The environmental clusters were primarily differentiated by variables related to water regime, temperature, solar radiation, and atmospheric demand. These findings provide an environmental framework for future genotype $\times$ environment interaction studies and can support the design of experimental networks and maize breeding programs in the region.

Keywords: Alto Sertão of Sergipe; climatic covariates; envirotyping; multi-environment trials; environmental similarity.

5.1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é cultivado em todas as regiões brasileiras e apresenta expressiva importância econômica e social. Seus grãos são utilizados principalmente na alimentação animal e humana, na produção de biocombustíveis e em diferentes aplicações industriais (Zhang *et al.*, 2023). A ampla adaptação da cultura, associada à extensão da área cultivada e ao emprego de tecnologias de produção, mantém o Brasil entre os principais produtores mundiais (CONAB, 2026; USDA, 2026).

Segundo a CONAB (2025), na safra 2024/2025, o Brasil plantou aproximadamente 21,857 milhões de hectares com uma produção estimada de 139,696 milhões de toneladas de milho e uma produtividade média de 6,391 t ha⁻¹. Na região Nordeste do país, a cultura apresentou uma produtividade abaixo da média nacional, com 3,3 t ha⁻¹ (CONAB, 2025), o que evidencia a necessidade de avaliar e desenvolver cultivares adaptadas aos diferentes grupos de ambientes que compõem o Nordeste brasileiro, especialmente aqueles submetidos a restrições hídricas recorrentes, principalmente a região semiárida, aliada à avaliação dos genótipos nos ambientes alvo.

Almeida *et al.* (2018) relataram que o baixo rendimento das culturas no semiárido nordestino está associado a múltiplos fatores, entre os quais se destacam a irregularidade das chuvas, a elevada demanda evaporativa, as limitações edáficas e as diferenças de manejo. A

irregularidade das chuvas e a ocorrência de déficit hídrico em fases críticas podem alterar processos fisiológicos e metabólicos, reduzir o crescimento das plantas e comprometer a formação e o enchimento dos grãos. Segundo Krause *et al.* (2020), as variações ambientais podem afetar os genótipos de maneira diferencial, resultando em interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ E), contribuindo para a variação fenotípica observada entre locais e anos (Heinemann *et al.*, 2019; De los Campos *et al.*, 2020; Antolin *et al.*, 2021). Costa-Neto *et al.* (2021a) relataram que a maioria dos estudos de previsão genômica de híbridos ignora os efeitos não-aditivos decorrentes da G $\times$ E e não incorpora covariáveis ambientais (ECs) que possam modelar as semelhanças entre os ambientes.

Portanto, a avaliação de genótipos em ensaios multiambientais é necessária para estimar a G $\times$ E. Antes da implantação desses ensaios, a caracterização ambiental pode auxiliar na escolha de locais que representem condições contrastantes da região-alvo, ao buscar compreender os mecanismos ecofisiológicos associados às respostas diferenciais dos genótipos às condições ambientais (Xu, 2016; Li *et al.*, 2018; Guo *et al.*, 2020). Entretanto, a condução de redes extensas de ensaios demanda área experimental, tempo, recursos financeiros e equipes especializadas, tornando relevante o planejamento criterioso dos locais de avaliação.

O uso de ferramentas computacionais pode auxiliar na caracterização de localidades e na identificação de grupos com maior similaridade ambiental, contribuindo para o planejamento de redes experimentais potencialmente mais informativas. Costa-Neto *et al.* (2021b) recomendam o uso do pacote R *EnvRtype*, que reúne funções destinadas à obtenção, processamento e integração de covariáveis ambientais provenientes de bases meteorológicas de ampla cobertura, permitindo caracterizar a similaridade entre ambientes, o que pode auxiliar na identificação preliminar de localidades potencialmente redundantes ou complementares. Essa hipótese deve ser validada com dados fenotípicos de ensaios multiambientais, com potencial para racionalizar o planejamento experimental, desde que a representatividade dos grupos seja confirmada por ensaios de campo.

Em estudos de *enviromics*, covariáveis ambientais têm sido incorporadas a modelos de análise e predição do desempenho genotípico, abordagem denominada *envirotyping* ou *envirotipagem*. No presente estudo, essas covariáveis foram empregadas exclusivamente na caracterização e no agrupamento ambiental, por meio da “*envirotipagem*” (millet *et al.*, 2019; Costa-Neto *et al.*, 2021a e 2021b). Xu (2016) propôs o conceito de *envirotyping* como uma terceira dimensão de caracterização dos sistemas de produção, complementar à genotipagem e à fenotipagem, na busca do entendimento dos impactos dos diferentes ambientes e suas ECs na produtividade das culturas.

Portanto, o objetivo deste trabalho foi o de aplicar a envirotipagem como ferramenta para definição de macros e microambientes, caracterizar a variabilidade climática e agrupar localidades com perfis ambientais semelhantes no Alto Sertão Sergipano, baseado em uma série climática histórica de 21 anos, visando subsidiar o planejamento de futuros ensaios de interação genótipo $\times$ ambiente no melhoramento de milho.

Apesar da importância do milho no Nordeste brasileiro, a escolha dos locais de avaliação ainda é frequentemente baseada na disponibilidade de áreas experimentais e na proximidade geográfica, sem caracterização sistemática da similaridade climática entre os pontos da rede. No Alto Sertão Sergipano, são limitadas as informações sobre quais localidades representam condições climáticas semelhantes ou contrastantes durante o ciclo do milho. Essa lacuna dificulta o planejamento de ensaios capazes de representar adequadamente a heterogeneidade ambiental regional.

5.2. MATERIAL E MÉTODOS

Área de Estudo

O Alto Sertão Sergipano localiza-se no noroeste do estado de Sergipe e é composto pelos municípios de Canindé de São Francisco, Gararu, Monte Alegre de Sergipe, Nossa Senhora da Glória, Nossa Senhora de Lourdes, Poço Redondo e Porto da Folha, que juntos somam 4.918,20 km² (Figura 1 e Tabela1).

A região está inserida no semiárido brasileiro e no domínio da Caatinga, apresentando elevada variabilidade temporal e espacial das chuvas, períodos recorrentes de deficiência hídrica e elevada demanda evaporativa (Kiem *et al.*, 2016; Hao *et al.*, 2018).

Segundo a classificação de Köppen, adaptada para o Brasil (Alvares, 2013), a região alvo apresenta dois tipos de clima distintos: o clima tropical com estação seca de verão (As) nos municípios de Glória, Monte Alegre, Lourdes e Gararu e o clima BSh, caracterizado pela baixa umidade e pouco volume pluviométrico nos municípios de Canindé, Poço Redondo e Porto da Folha.



Figura 1. Mapa de localização do Alto Sertão Sergipano.

Municípios	Símbolo da Localização	Latitude	Longitude	Área Territorial do Município (km ²)	Produtividade de Milho (t ha ⁻¹) (IBGE, 2025)
Canindé de São Francisco	CAN	- 9,66	- 37,79	1080,01	1,58
Poço Redondo	POC	- 9,80	- 37,69	1074,58	2,97
Porto da Folha	POR	- 9,92	- 37,28	878,04	3,41
	POR1	- 9,96	- 37,56		
	POR2	- 9,87	- 37,46		
Monte Alegre	MON	- 10,03	- 37,56	386,41	3,97
	MON1	- 10,07	- 37,70		
	MON2	- 10,06	- 37,50		
Nossa Senhora da Glória	GLO	- 10,22	- 37,42	758,43	3,02
	GLO1	- 10,15	- 37,74		
	GLO2	- 10,26	- 37,44		
	GLO3	- 10,13	- 37,50		
	GLO4	- 10,19	- 37,36		
Gararu	GAR	- 9,97	- 37,08	656,96	5,35
	GAR1	-10,09	- 37,30		
	GAR2	- 9,99	-37,19		
Nossa Senhora de Lourdes	LOU	- 10,08	- 37,06	83,77	5,00
Estação Experimental da UFS	EEU	- 10,21	- 37,32	-	-

Tabela 1. Lista dos municípios do Alto Sertão Sergipano, com o tamanho dos territórios e a produtividade de milho (2024), segundo dados do IBGE (2025), bem como as coordenadas geográficas, em grau decimal, das 18 localidades utilizadas para a segmentação ambiental.

Fonte: Elaborado pelos autores, com dados do IBGE (2025).

Software Estatístico para Caracterização Ambiental

Inicialmente, foram obtidos dados climáticos diários para as 18 localidades. Em seguida, foram calculadas covariáveis ambientais, construída a matriz localidade $\times$ covariável, padronizados os dados e estimadas as relações de similaridade entre os pontos da região alvo. As etapas foram realizadas por meio do Software livre R (R Core Team, 2022), com o uso do pacote EnvRtype, módulos 1 e 2, usando as funções: `get_weather()`, `processWTH()`, `W_matrix()`, `env_typing()` e `env_kernel()` (Costa-Neto *et al.*, 2021b).

A segmentação ambiental foi realizada por meio de análise de algoritmos de agrupamento (Clusterização) hierárquicos, calculando a similaridade entre todos os pontos usando a Distância Euclidiana como métrica e utilizando descritores de similaridade ambiental para definir os grupos de localidades com perfis ambientais semelhantes. Foram consideradas covariáveis climáticas com relevância potencial para o desenvolvimento do milho, já que as covariáveis foram selecionadas a partir de sua relação com o crescimento e o desenvolvimento

da cultura, como disponibilidade hídrica; temperatura; radiação; demanda atmosférica e duração do ciclo, de forma que se possa descrever o desenvolvimento de um organismo em um determinado ambiente (Costa-Neto *et al.*, 2021a; Costa-Neto *et al.*, 2021b).

O primeiro módulo do pacote EnvRtype coleta os dados ambientais brutos de plataformas públicas, como o sistema meteorológico NASA Prediction Of Worldwide Energy Resources (NASA POWER), plataforma que disponibiliza produtos meteorológicos e de energia solar derivados de dados modelados e observacionais, incluindo produtos com contribuição de sensoriamento remoto. A NASA descreve a POWER como um conjunto de dados meteorológicos e de energia solar em diferentes resoluções espaciais e temporais (Sparks, 2018), que pode acessar informações diárias em qualquer lugar do planeta. Os dados meteorológicos são disponibilizados em grade espacial de aproximadamente $0,5^\circ \times 0,625^\circ$, enquanto alguns parâmetros solares apresentam resolução de aproximadamente $1^\circ \times 1^\circ$. Assim, coordenadas próximas podem estar associadas à mesma célula da base, em uma resolução temporal diária, que é a resolução utilizada no pacote EnvRtype. A NASA POWER é amplamente utilizada em estudos agroclimáticos; entretanto, sua resolução espacial e suas possíveis incertezas devem ser consideradas, especialmente em análises locais.

Foram obtidos dados climáticos diários e informações de elevação associadas às coordenadas, usando a função *get_weather*. A função possui os seguintes argumentos: nome do ambiente (**env.id**); coordenadas geográficas expressas em graus decimais no sistema de referência WGS 84; intervalo de tempo (**start.day** e **end.day**, fornecidos no formato “ano-mês-dia”), que faz a busca das séries históricas desejadas. No caso deste trabalho, foram analisados dados climatológicos de uma série histórica de 21 anos, entre os meses de maio a outubro de cada ano (2002-05-05 a 2002-10-15; ...; 2022-05-05 a 2022-10-15), ou seja, janela considerada representativa do período predominante de cultivo de milho de sequeiro na região. Finalmente, há a identificação do país (**country**), que configura o arquivo raster de elevação para a região de um determinado país. Os países são especificados por seus códigos ISO de 3 letras; no caso do Brasil, foi utilizado a sigla “BRA”.

Covariáveis ambientais (ECs)

O EnvRtype utiliza dados ambientais em larga escala, retirados de bancos de dados bases de dados de ampla cobertura e uso internacional, para caracterizar as localidades e quantificar sua similaridade ambiental, levando-se em consideração conceitos ecofisiológicos (Costa-Neto *et al.*, 2021b). Neste estudo, foram utilizadas quinze (15) variáveis ambientais (Tabela 2), obtidas de acordo com a coordenada geográfica de cada ambiente em estudo.

Abreviação	Variável ambiental	Unidade
WS2M	Velocidade do vento a 2 metros	km h ⁻¹
n	Duração efetiva da luz solar	h
N	Duração total do dia	h
T2M_MAX	Temperatura máxima do ar a 2 metros acima da superfície da terra	°C
T2M_MIN	Temperatura mínima do ar a 2 metros acima da superfície da terra	°C
T2MDEW	Temperatura do ponto de orvalho a 2 metros acima da superfície da terra	°C
T2M	Temperatura média do ar a 2 metros acima da superfície da terra	°C
T2M_RANGE	Amplitude térmica diária	°C
PRECTOT	Precipitação pluviométrica	mm
FRUE	Efeito da temperatura na eficiência de uso da radiação	-
VPD	Déficit de pressão de vapor	KPa
RTA	Radiação solar no topo da atmosfera	MJ m ⁻² dia ⁻¹
GDD	Graus-dia de crescimento, para a cultura do milho tropical, considerando uma temperatura de base de 08°C	°C dia ⁻¹
RH2M	Porcentagem de umidade relativa do ar	%
SPV	Inclinação da curva de pressão de vapor de saturação	KPa °C ⁻¹

Tabela 2. Variáveis ambientais utilizadas pelo pacote EnvRtype para segmentar os ambientes e agrupá-los de acordo com as distâncias entre si (maior semelhança).

Fonte: Elaborado pelos autores, com dados retirados do pacote EnvRtype (Costa-Neto *et al.* 2021b).

O kernel gaussiano foi utilizado para transformar as distâncias entre os perfis ambientais em medidas de similaridade para calcular a paridade entre as 18 regiões analisadas, atribuindo valores mais elevados a localidades com perfis mais próximos, considerando que todas as variáveis são igualmente importantes na formação dos grupos de ambientes. Para tanto, foram utilizadas as médias dos dados climatológicos dos últimos 21 anos das variáveis ambientais (Tabela 2). A matriz de similaridade obtida pelo kernels gaussianos, técnica amplamente utilizada para medir a proximidade entre objetos em análises de segmentação, foi posteriormente submetida à análise de agrupamento hierárquico, que fornece uma sequência aninhada dos dados, resultando em uma estrutura de dependência entre os grupos (Saxena *et al.*, 2017; Ezugwu *et al.*, 2022). Eles permitem capturar a relação entre os locais por meio do cálculo da similaridade existente entre as ECs.

5.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir das médias históricas das covariáveis ambientais (Tabela 2), foi elaborado um mapa de calor para representar os perfis climáticos das localidades original nos últimos 21 anos e os ambientes estudados (Figura 2).

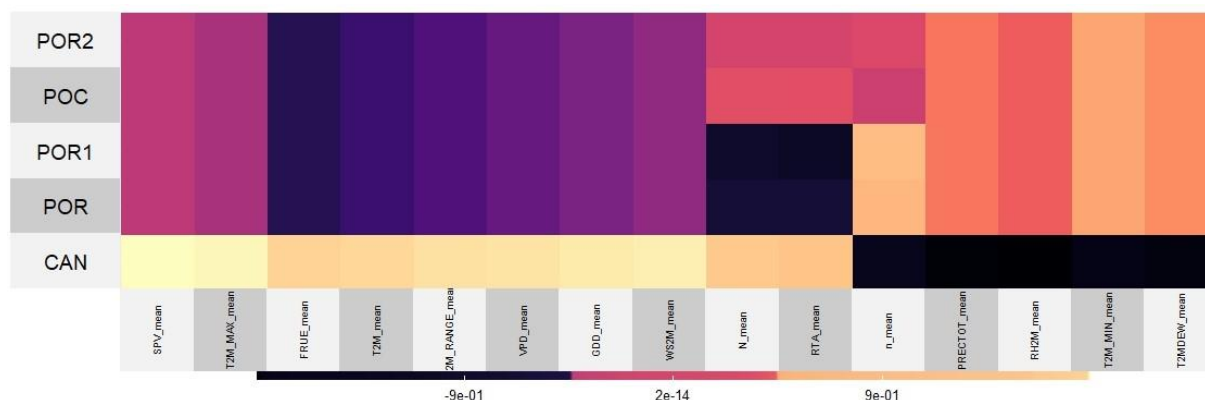


Figura 2. Mapa de calor das médias normalizados entre 0 e 1 das variáveis ambientais, T2MDEW, T2MRANGE, GDD, SPV, FRUE, T2M_MAX, T2M_MIN, T2M, VPD, N, n, RTA, RH2M, PRECTOT e WS2M, utilizadas na segmentação dos municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima BSh.

Cada célula representa o valor médio padronizado de determinada covariável ambiental em uma localidade e as cores indicam valores relativamente maiores ou menores da covariável, (nas linhas) e determinada variável ambiental (nas colunas). As cores quentes (mais claras) são indicativas de maiores semelhanças ou proximidade e as cores frias (mais escuras) indicam dissimilaridade ou maiores distâncias entre a representatividade da variável climática na formação dos tipos de ambientes (ETs) estudados. Já a partir do mapa de calor das ECs, é tornar-se possível a identificação de padrões de semelhanças entre locais, de acordo com a EC analisada.

Ao analisar o mapa de calor, observa-se uma convergência de padrões ambientais distintos nos municípios de Porto da Folha (POR) e Poço Redondo (POC). Os ambientes POC e POR2 apresentaram perfis visualmente semelhantes para a maioria das covariáveis na maioria das ECs analisadas, assim como os ambientes POR e POR1.

Esses dois grupos de ambientes também estão muito próximos entre si, diferindo apenas em 3 ECs: RTA, N, n. Essas ECs estão relacionadas à radiação solar que atinge a superfície da terra, à duração do dia e à radiação efetiva para que a planta realize fotossíntese. Essas diferenças devem ser consideradas como hipóteses ambientais a serem avaliadas em ensaios agronômicos, possibilitando a adoção de estratégias de cultivo e manejo que maximizem o aproveitamento da radiação solar disponível e otimizem a produtividade agrícola. CAN

apresentou o perfil ambiental mais distinto dentro do conjunto BSh, conforme indicado por sua maior distância no dendrograma.

A análise do GDD é muito importante na estratificação ambiental e na seleção de cultivares adequadas para diferentes ambientes de cultivo. O GDD é uma ferramenta importante para compreender a adaptação das cultivares de milho em diferentes áreas geográficas, pois as respostas ao acúmulo de calor podem variar de acordo com as exigências de temperatura de cada cultivar (Pandžić *et al.*, 2020).

O maior acúmulo térmico observado em CAN pode alterar a duração das fases fenológicas. Entretanto, seus efeitos sobre florescimento, enchimento de grãos e produtividade devem ser avaliados com dados fenológicos e produtivos, ou seja, maior acúmulo de calor ao longo do ciclo. CAN constitui uma localidade candidata para testar diferenças genotípicas relacionadas às exigências térmicas e à tolerância ao calor, já que a combinação de GDD elevado com baixa umidade relativa e grande amplitude térmica torna esse ambiente mais restritivo para o milho em sequeiro.

A PRECTOT desempenha um papel crucial na disponibilidade de água para as culturas, influenciando diretamente a germinação, o crescimento vegetativo, a polinização e o enchimento de grãos do milho. Em regiões com condições climáticas adversas, como o ambiente semiárido, o estresse hídrico é um desafio significativo. A precipitação acumulada fornece uma indicação parcial da disponibilidade hídrica. A caracterização do risco de estresse requer também a distribuição temporal das chuvas, a demanda evaporativa e as propriedades do solo, o que torna a seleção de variedades de milho adaptadas ao estresse hídrico fundamental para maximizar o desempenho da cultura nessas regiões.

Outra EC importante na estratificação é a variável RH2M. Em condições de alta umidade relativa, a transpiração das plantas é reduzida, o que pode levar a um acúmulo excessivo de umidade nas folhas e facilitar o desenvolvimento de doenças fúngicas. Baixa umidade relativa pode aumentar o déficit de pressão de vapor e a demanda atmosférica. Em condições de água limitada, isso pode induzir fechamento estomático, reduzir a assimilação de carbono e comprometer o crescimento e a produtividade.

As T2M_MAX, T2M_MIN e T2M desempenham um papel essencial no crescimento do milho. Altas T2M_MAX podem prejudicar a germinação e a formação dos grãos, enquanto T2M adequadas favorecem o desenvolvimento. Baixas T2M_MIN podem afetar a polinização e a qualidade dos grãos. É importante considerar essas temperaturas ao planejar o cultivo do milho, adotando práticas de manejo para minimizar os efeitos negativos e promovendo um ambiente favorável à produtividade da cultura.

A figura 3 ilustra a aplicação da segmentação ambiental nos três municípios citados acima. O corte adotado no dendrograma separou as cinco localidades em três grupos: o primeiro ambiente é composto exclusivamente por CAN, o segundo ambiente engloba os POC e POR2, enquanto o terceiro ambiente tem POR e POR1.

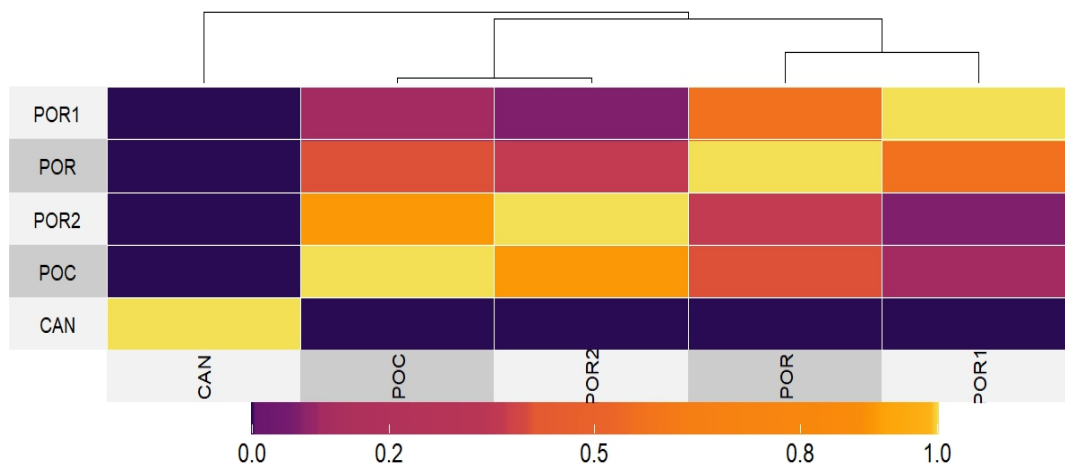


Figura 3. Dendrograma de similaridade ambiental dos municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima BSh.

Essa segmentação demonstra que mesmo em regiões geograficamente próximas, com características climáticas semelhantes, existem sub-regiões com peculiaridades distintas, demandando uma análise diferenciada, bem como a existência de ambientes semelhantes, o que pode ser útil nos trabalhos de melhoramento de plantas.

Essa similaridade ambiental sugere que os estudos realizados em Porto da Folha podem servir como uma representação adequada para orientar a futura avaliação de genótipos em locais representativos e contrastantes da região-alvo. É importante ressaltar que a baixa produtividade municipal observada em determinado ano não deve ser utilizada isoladamente para excluir Canindé da rede. Como CAN apresentou perfil ambiental distinto, a localidade pode ser relevante para avaliar adaptação a condições restritivas.

No tocante à estratificação realizada para os quatro municípios do Alto Sertão Sergipano que compõem o clima As (Figura 4), é possível observar a existência de heterogeneidade entre ambientes geograficamente vizinhos, os 5 ambientes que fazem parte do município de Glória, bem como a homogeneidade entre ambientes geograficamente distantes, MON e GAR1 e LOU e GAR. Encontra-se, assim, subsídios para uma série de planejamentos, desde um simples plantio, passando por planejamentos experimentais (pesquisas), chegando a planejamentos territoriais e a criação de políticas públicas específicas para cada região.

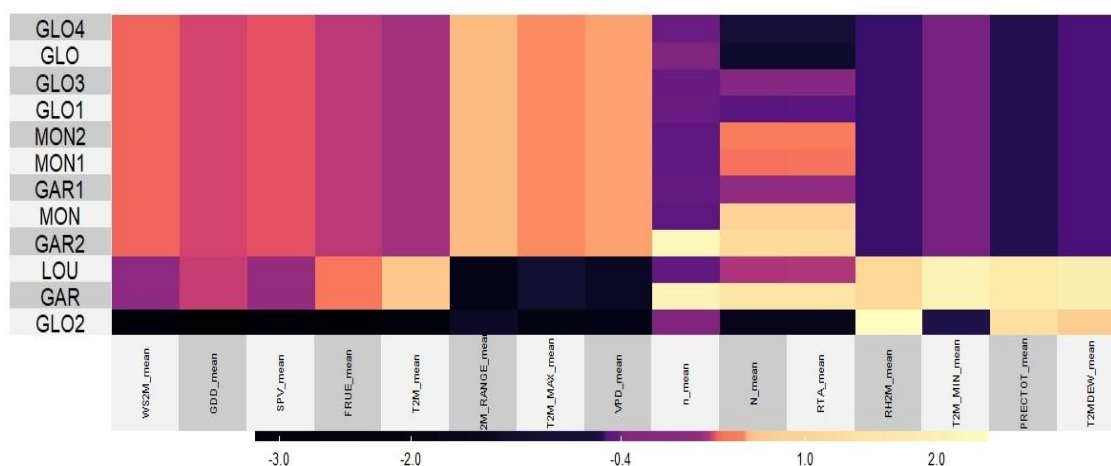


Figura 4. Mapa de calor das médias das variáveis ambientais, T2MDEW, T2MRANGE, GDD, SPV, FRUE, T2M_MAX, T2M_MIN, T2M, VPD, N, n, RTA, RH2M, PRECTOT e WS2M, variáveis ambientais utilizadas na segmentação dos Municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima As.

Ao analisar o mapa de calor, observa-se uma convergência de padrões ambientais significativos e a formação de dois grupos ambientais, o primeiro formado por GLO, GLO1, GLO3, GLO4, MON, MON1, MON2, GAR1 e GAR2 e o segundo composto por GAR, LOU, GLO2, explicado pela influência de ECs importantes. A maior parte das covariáveis ambientais apresenta valores semelhantes entre todos os ambientes, porém, a distinção entre os grupos é explicada por variáveis associadas à radiação e ao fotoperíodo, em especial N, n e RTA, que apresentaram diferenças visuais entre os grupos e podem ter contribuído para a separação. Essas diferenças no regime luminoso alteram a disponibilidade de energia para fotossíntese e crescimento, justificando a separação em dois grupos ambientais e indicando a necessidade de considerar essas covariáveis na adaptação e recomendação de cultivares.

Entre o primeiro grupo de ambientes, temos a similaridade entre 13 EC das 15 EC analisadas para todos os ambientes, com exceção de GAR2, que possui semelhanças em 12 EC com os demais, mostrando uma forte correlação entre os ambientes. As três ECs que apresentam padrões diferentes entre os ambientes são: N, n e RTA. Essas ECs estão relacionadas à radiação solar que atinge a superfície da terra, a duração do dia e a radiação efetiva para que a planta realize fotossíntese.

No segundo grupo de ambientes, temos LOU e GAR, que compartilham semelhanças em 12 EC das 15 ECs, demonstrando uma forte correlação entre os ambientes. As três ECs com padrões diferentes entre os ambientes são N, n e RTA. Essa similaridade evidencia a formação de um grupo com características ambientais bastante semelhantes, o que permite otimizar estratégias de manejo, seleção de variedades e tomada de decisões agrícolas, visando alcançar maiores níveis de produtividade na agricultura do alto sertão sergipano.

Ainda no segundo grupo, temos o ambiente de GLO2, que difere de todos os ambientes analisados, possuindo uma maior semelhança com LOU, com o qual compartilha a similaridade de nove ECs: T2M_MAX, T2M_RANGE, VPD, n, N, RTA, RH2M, PRECTOT e T2MDEW.

Essas informações são importantes para o planejamento e manejo agrícola, permitindo a adoção de práticas específicas e adaptadas a cada grupo de ambientes que compartilham padrões semelhantes, bem como sua aplicação, de forma significativa, no melhoramento genético do milho em regiões semiáridas. Com base nos grupos de ambientes (2) identificados com características ambientais semelhantes, é possível direcionar as estratégias de seleção e desenvolvimento de cultivares de milho mais adaptadas e resilientes para cada grupo específico (Xu, 2016; Costa-Neto *et al.*, 2021a; Costa-Neto *et al.*, 2021b).

Essa segmentação pode auxiliar na coleta de germoplasma local adaptado, ou na seleção de características genéticas relevantes, como a tolerância ao estresse hídrico, através da aplicação de técnicas de seleção preconizadas na literatura e da interpolação entre os ambientes homogêneos, criando modelos de predição que podem ser úteis para reduzir os custos operacionais, financeiros, humanos e ambientais na seleção de novas cultivares (Jarquín *et al.*, 2014; Granato *et al.*, 2018).

Ao identificar os padrões ambientais e agrupar os ambientes com características semelhantes, é possível selecionar genótipos promissores para testes específicos em locais representativos de cada grupo. Isso permite uma abordagem mais direcionada, em que os materiais genéticos são avaliados em ambientes que melhor representam suas características adaptativas. Como resultado, há uma redução significativa na quantidade de testes em campo, economizando recursos financeiros necessários para a condução desses experimentos.

Ao diminuir a quantidade de testes em campo, há uma redução do esforço humano envolvido no processo. Menos recursos humanos são necessários para a instalação, monitoramento e colheita dos experimentos, permitindo que esses profissionais se concentrem em outras atividades de pesquisa e desenvolvimento.

Em termos ambientais, a redução dos testes em campo também traz benefícios. Menos áreas de cultivo são necessárias para a condução dos experimentos, o que implica em menor impacto sobre os recursos naturais, como solo, água e biodiversidade. Além disso, utiliza-se menos insumos agrícolas, como fertilizantes e agroquímicos, contribuindo para uma agricultura mais sustentável.

Dessa forma, a estratificação ambiental disposta no dendrograma (Figura 5) permite uma abordagem mais eficiente e econômica no melhoramento genético do milho, reduzindo a necessidade de testes em campo e, conseqüentemente, otimizando o uso de recursos financeiros, humanos e ambientais. Essa abordagem contribui para a sustentabilidade e viabilidade

econômica do processo de melhoramento genético, ao mesmo tempo em que promove o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições específicas de cada ambiente, contribuindo com a sustentabilidade produtiva no Alto Sertão Sergipano.

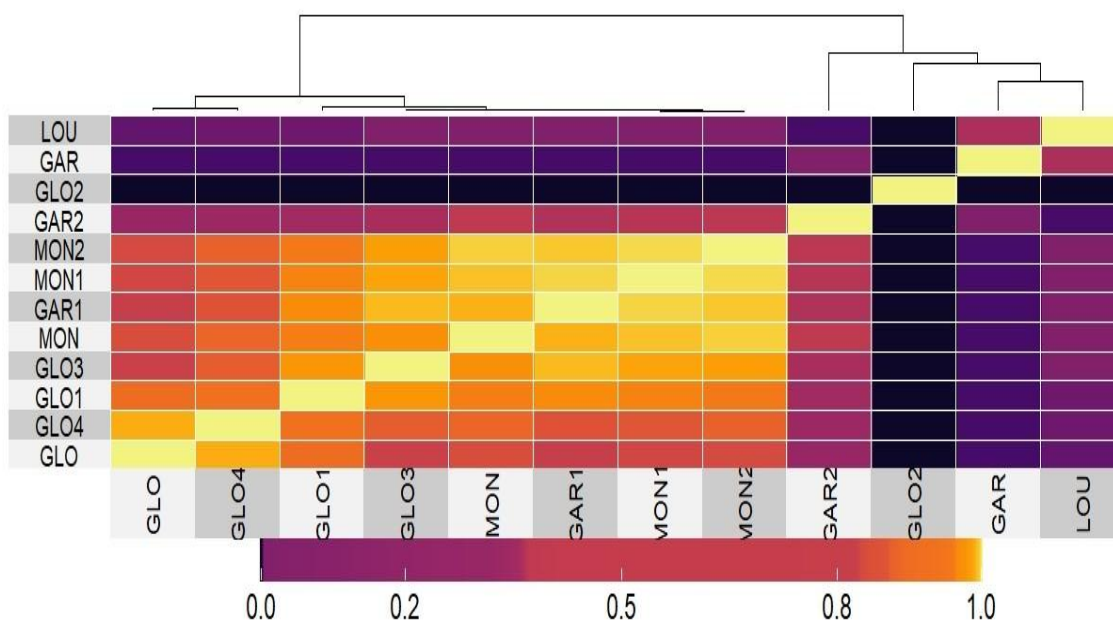


Figura 5. Dendrograma de similaridade ambiental dos Municípios do Alto Sertão Sergipano que, segundo a classificação de Köppen, formam o clima As.

O dendrograma acima representa, em uma visão mais clara e precisa, os grupos de ambientes que compõem a região do alto Sertão Sergipano com clima As. Essa segmentação permite direcionar de forma eficiente os esforços de pesquisa e seleção de genótipos, reduzindo a necessidade de testes extensivos em campo.

Para melhor compreender a composição desses grupos e suas características, o mapa de calor (Figura 6) foi elaborado com base nos dados ambientais das 18 localidades estudadas, combinando todos os ambientes do Alto Sertão Sergipano e o ambiente da EEU, local onde são realizadas as pesquisas de campo do Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), vinculado ao Campus do Sertão, da Universidade Federal de Sergipe (UFS).

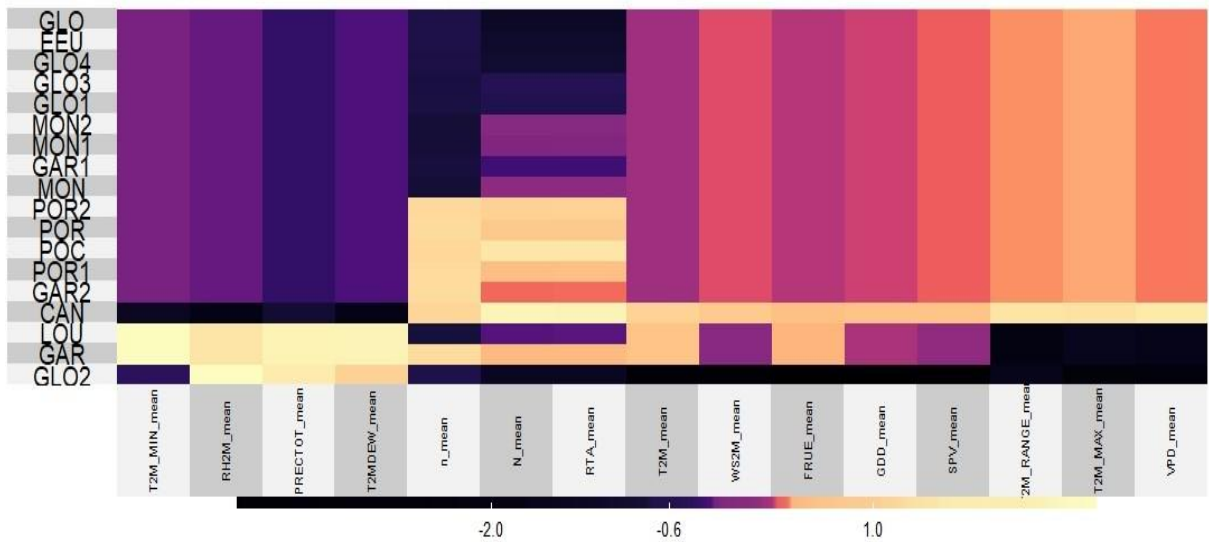


Figura 6. Mapa de calor das médias das variáveis ambientais, T2MDEW, T2MRANGE, GDD, SPV, FRUE, T2M_MAX, T2M_MIN, T2M, VPD, N, n, RTA, RH2M, PRECTOT e WS2M, utilizadas na segmentação dos sete municípios do Alto Sertão Sergipano, mais a EEU.

A análise do mapa de calor dos 18 ambientes distintos no Alto Sertão Sergipano revela uma convergência de padrões ambientais significativos entre essas regiões. Esse mapa, construído com base em dados ambientais relevantes, proporciona uma visão abrangente das características ambientais presentes na região. Cada ambiente é representado por uma combinação única de valores dessas variáveis, permitindo uma análise comparativa detalhada. Por meio da análise dos dados ambientais e da aplicação do algoritmo de segmentação, o dendrograma (Figura 7) revelou a formação de quatro (4) grandes grupos de ambientes.

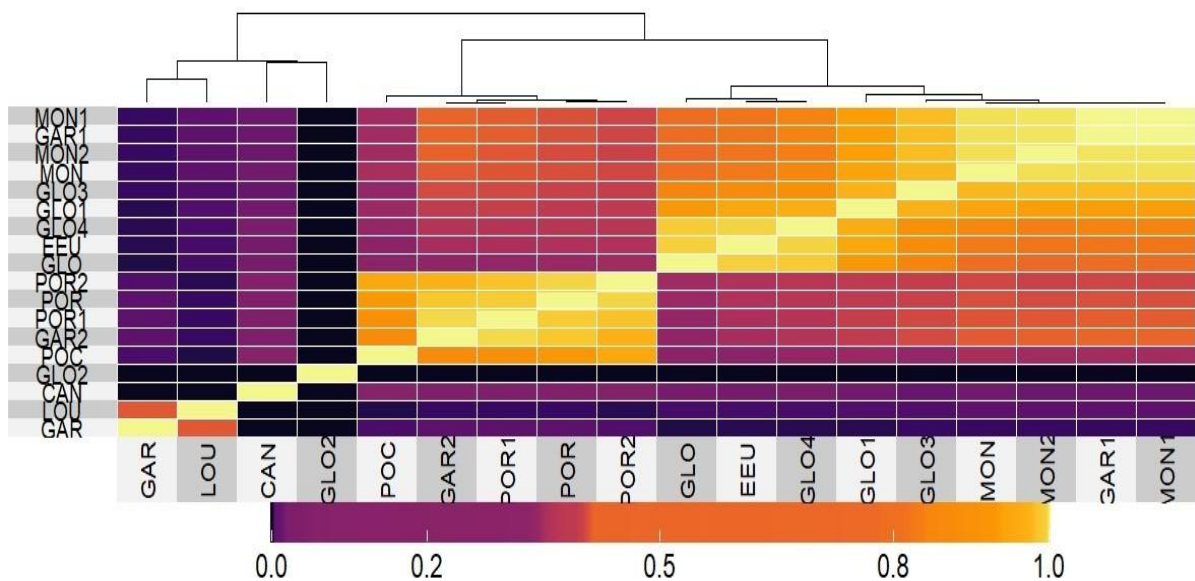


Figura 7. Dendrograma de similaridade ambiental entre as dezoito (18) localidades (Tabela 1) analisadas, separadas pelas distâncias euclidianas, k-vizinhos, baseados nas médias das quinze (15) variáveis ambientais (Tabela 2).

O primeiro grupo consiste em quatro (4) ambientes, que são agrupados em dois (2) clusters diferentes, com 2 ambientes cada (GAR e LOU; CAN e GLO2), localizados à esquerda no dendrograma, revelando ambientes com uma alta correlação entre as variáveis ambientais (GAR e LOU). Também apresenta ambientes (CAN e GLO2) em clusters diferentes que possuem semelhanças entre si, mas são os ambientes mais diferentes representados no dendrograma, com GLO2 no topo mais alto em dissimilaridade e CAN em segundo, revelando a necessidade de teste específicos em cada um desses ambientes.

GAR e LOU compartilham as maiores produtividades de milho do Alto Sertão Sergipano, com 6,94 e 6,93 t ha⁻¹ (IBGE, 2022), praticamente idênticas, o que pode ser explicado pela semelhança ambiental desses dois ambientes e ajuda a corroborar a hipótese que é possível reduzir os campos de teste de novas variedades adaptadas a região com o uso da segmentação ambiental.

O segundo grupo apresenta cinco (5) ambientes, sendo POC o mais diferente dos cinco e ficando sozinho e um pouco mais distante. Os outros quatro formam dois (2) clusters: o primeiro contém dois ambientes (POR e POR2), apresentado regiões homogêneas entre si, e o segundo é formado por (GAR2 e POR1), mostrando uma similaridade entre os municípios de Gararu e Porto da Folha, o que ajuda a maximizar os trabalhos de melhoramento genético do milho na região com a redução do número de ambientes testados.

Porto da Folha é o terceiro município em produtividade de milho do Alto Sertão Sergipano, com 4,95 t ha⁻¹, podendo estar relacionado com os ambientes mais propícios ao cultivo de milho, semelhantes aos ambientes mais produtivos, LOU e GAR.

O terceiro grupo é composto por 3 ambientes, GLO, que fica em um ramo isolado, mas que detém uma semelhança alta com o cluster vizinho, formado por EEU e GLO4. Esse grupo possui 3 ambientes muito similares, com pouca diferença entre eles, como visto no mapa de calor acima. Nesse grupo está presente a EEU, ambiente de suma importância neste trabalho de segmentação, pois é onde acontecem os principais testes de campo realizados pelo GEMS, que dão origem a recomendações de genótipos e variedades adaptadas ao Alto Sertão Sergipano.

O quarto grupo apresenta 6 ambientes distintos e muito semelhantes: GLO1, GLO3, MON, MON2, GAR1 e MON1. Esse grupo de ambientes possui, inclusive, algumas semelhanças com o grupo anterior, o que ajuda na expansão desses estudos, pois é possível que essa similaridade contribua para as validações no ambiente da EEU, gerando subsídios para diversos trabalhos de pesquisas, melhoramento e políticas públicas.

Nesse contexto, é importante ressaltar que o mapa de calor é apenas o ponto de partida para a compreensão da segmentação ambiental. Para uma visualização mais clara e detalhada desses agrupamentos, utilizamos o dendrograma, uma representação gráfica que ilustra as

relações de similaridade entre os diferentes ambientes. No dendrograma, os ambientes são agrupados de acordo com a proximidade de suas características ambientais, formando clusters distintos que refletem as similaridades e diferenças entre eles.

No dendrograma exibido anteriormente (figura 7), cada ambiente é representado por uma *folha* e, ao passo que subimos na *árvore*, os ambientes que são semelhantes uns aos outros são combinados em *ramos*, que vão sendo agrupados a uma altura cada vez maior. A altura da fusão, fornecida no eixo vertical, indica a dissimilaridade – distância – entre dois ambientes. Quanto maior for a altura da fusão, menos semelhantes são os ambientes.

Essa segmentação dos locais em grupos e subgrupos com características ambientais semelhantes é extremamente relevante para o trabalho de melhoramento genético do milho na região. Cada grupo e subgrupo identificado representa um ambiente específico, com suas próprias particularidades e desafios. Essa informação é crucial para direcionar os esforços de seleção e desenvolvimento de genótipos de milho mais adaptados a cada ambiente.

Ao compreender a estrutura ambiental da região e identificar os grupos de locais com características semelhantes, os programas de melhoramento genético podem priorizar o desenvolvimento de variedades de milho que sejam mais eficientes e produtivas em cada um desses ambientes. Essa abordagem personalizada tem o potencial de maximizar o desempenho e a estabilidade da produção de milho, considerando as variações ambientais presentes em cada ambiente do Alto Sertão Sergipano.

É importante ressaltar que a segmentação realizada neste estudo é uma ferramenta inicial e exploratória para o trabalho de melhoramento genético. A partir desses resultados, serão necessárias pesquisas adicionais para compreender as características genéticas e adaptativas dos genótipos de milho em cada grupo de ambientes identificados e para avaliar seu desempenho e produtividade em testes de campo.

5.4. CONCLUSÕES

O corte adotado no dendrograma resultou na formação de quatro grupos de localidades com diferentes padrões de similaridade e contraste climático. Em cada grupo, parte das localidades apresenta perfis edafoclimáticos altamente semelhantes, indicando que ensaios conduzidos em alguns ambientes-chave podem ser extrapolados para os demais dentro do mesmo grupo. Considerando essa redundância, as evidências obtidas neste estudo sugerem que o número de campos de teste poderia ser reduzido em aproximadamente 30 a 40%, concentrando os experimentos nos ambientes mais representativos de cada grupo, sem perda substancial de informação sobre a adaptação das cultivares. Essa redução potencial na

quantidade de locais testados implica economia de recursos financeiros e operacionais e otimiza os trabalhos de melhoramento genético.

Os ambientes GAR e LOU apresentaram as maiores produtividades médias de milho no Alto Sertão Sergipano e foram agrupados em um mesmo cluster no dendrograma de similaridade ambiental. Esse padrão indica forte convergência nas principais covariáveis climáticas e atmosféricas que caracterizam essas regiões, sugerindo que ensaios conduzidos em um dos ambientes podem, com validação adequada, ser extrapolados para o outro. O mesmo ocorreu com GAR2 e POR1.

Em contraste, os ambientes CAN e GLO2 apresentaram os maiores graus de dissimilaridade em relação aos demais ambientes analisados, destacando-se como condições mais restritivas e peculiares dentro do Alto Sertão Sergipano. Esses resultados indicam que essas regiões possuem combinações singulares de temperatura, déficit hídrico e variáveis radiativas, exigindo ensaios específicos e validação própria para o desenvolvimento e recomendação de variedades de milho adequadas às suas condições locais, sob pena de comprometer a adaptação e a estabilidade produtiva.

Os ambientes GLO1, GLO3, MON, MON2, GAR1 e MON1 apresentaram alta similaridade ambiental, formando um grupo coeso no dendrograma. Nesses casos, os perfis de covariáveis climáticas e atmosféricas são suficientemente próximos e apresentam hipótese de possível similaridade ambiental, a ser validada por ensaios multilocais. Isso permite reduzir tempo e recursos na condução de redes de ensaios, mantendo representatividade ambiental e aumentando a robustez na indicação de genótipos promissores para a região.

De forma integrada, a *envirotyping*, aliada a conhecimentos ecofisiológicos sobre a resposta do milho a gradientes de temperatura, radiação, déficit de pressão de vapor e disponibilidade hídrica mostrou-se capaz de revelar padrões finos de similaridade e contraste entre os ambientes do semiárido sergipano. Essa abordagem contribui para o desenvolvimento de estratégias de manejo e práticas agrícolas mais sustentáveis, ajustadas às particularidades edafoclimáticas de cada grupo de ambientes.

Em síntese, os resultados demonstram que a *envirotyping* é uma ferramenta promissora para o avanço da agricultura no semiárido de Sergipe, fornecendo base objetiva para a estratificação ambiental, o redesenho de redes experimentais e a tomada de decisão mais assertiva em programas de melhoramento e recomendação de cultivares de milho, com potencial de elevar a produtividade e a resiliência dos sistemas agrícolas na região.

5.5. AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao GEMS (Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido).

Ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade da Universidade Federal de Sergipe (PPGAGRI/UFS).

À FAPITEC (Fundação de Apoio à Pesquisa e à Inovação Tecnológica do Estado de Sergipe).

O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Apoio à Pesquisa e à Inovação Tecnológica do Estado de Sergipe (edital FAPITEC/SE/FUNTEC nº 12/2022).

5.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, A. M. M.; MENDES FILHO, P. F.; GARCIA, K. G. V.; GOMES, V. F. F.; ALMEIDA, C. L. Densidade, caracterização e eficiência de bactérias fixadoras de Nitrogênio em áreas de caatinga degradada. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 13, n. 1, p. 16-21, 2018.

ALVARES, C.A.; STAPE, J.L.; SENTELHAS, P.C.; DE MORAES GONCALVES, J.L.; SPAROVEK, G. Mapa de classificação climática de Köppen para o Brasil. - **Meteorologische Zeitschrift**.v. 22 n. 6, p. 711-728, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>.

ANTOLIN, L.A.S.; HEINEMANN, A.B.; MARIN, F.R. Avaliação do impacto da disponibilidade de feijoeiro no Brasil em cenários de mudanças climáticas. **Agricultural Systems**, v. 191, p. 103174, 2021.DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2021.103174>

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Observatório Agrícola:** Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos. Safra 2021/2022 – Décimo segundo levantamento. Brasília, DF: Conab, 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/12o-levantamento-safra-2021-22/12o-levantamento-safra-2021-22>. Acesso em: 25 set 2022.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Observatório Agrícola:** Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos. Safra 2024/2025 – Décimo segundo levantamento. Brasília, DF: Conab, 2025. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/12o-levantamento-safra-2024-25/12o-levantamento-safra-2024-25>. Acesso em: fev. 2026.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Observatório Agrícola:** Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos. Safra 2025/2026 – Quarto levantamento. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/4o-levantamento-safra-2025-26/4o-levantamento-safra-2025-26>. Acesso em: fev. 2026.

COSTA-NETO, G.; FRITSCHÉ-NETO, R.; CROSSA, J. Nonlinear kernels, dominance, and envirotyping data increase the accuracy of genome-based prediction in multi-environment trials. **Heredity**, v. 126, n. 1, p. 92-106, 2021a. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41437-020-00353-1>.

COSTA-NETO, G.; GALLI, G.; CARVALHO, H. F.; CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. EnvRtype: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 11, n. 4, 2021b. DOI: <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab040>

- DE LOS CAMPOS, G.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; BOGARD, M.; GOUACHE, D.; CROSSA, J. Uma plataforma de simulação baseada em dados para prever o desempenho de cultivares sob condições climáticas incertas. **Nature Communications**, v. 11, n. 1, p. 4876, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-18480-y>
- EZUGWU, A. E.; IKOTUN, A. M.; OYELADE, O. O.; ABU-MAHFOUZ, A. M.; JATMIKO, W.; GINEZ, T. A Comprehensive Survey of Clustering Algorithms: State-of-the-Art Machine Learning Applications, Taxonomy, Challenges, and Future Research Prospects. **Engineering Applications of Artificial Intelligence**, v. 110, art. 104743, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.engappai.2022.104743>
- GRANATO, I.; CUEVAS, J.; LUNA-VÁZQUEZ, F.; CROSSA, J.; MONTESINOS-LÓPEZ, O.; BURGUEÑO, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. BGGE: A New Package for Genomic-Enabled Prediction Incorporating Genotype $\times$ Environment Interaction Models, **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 8, n. 9, 1 September 2018, p. 3039-3047. DOI: <https://doi.org/10.1534/g3.118.200435>
- GUO, T.; MU, Q.; WANG, J.; VANOUS, A. E.; ONOGI, A.; IWATA, H.; LI, X.; YU, J. Efeitos dinâmicos da interação de genes subjacentes à plasticidade fenotípica do período de floração e adaptação global do arroz. **Pesquisa do Genoma**, v. 30, n. 5, p. 673-683, 2020. Disponível em: <http://www.genome.org/cgi/doi/10.1101/gr.255703.119>.
- HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; REBOLLEDO, M. C.; COSTA NETO, G. M. F.; CASTRO, A. P. O melhoramento do arroz de terras altas levou ao aumento da sensibilidade à seca no Brasil. **Field Crops Research**, v. 231, p. 57-67, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2018.11.009>
- HAO, Z.; SINGH, V. P.; XIA, Y. Seasonal drought prediction: advances, challenges, and future prospects. **Reviews of Geophysics**, [s. l.], v. 56, p. 108-14, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1002/2016RG000549>
- IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Produção Agrícola Municipal – PAM 2024. Rio de Janeiro: IBGE, 2025. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/839#resultado> Acesso em: fev. 2026.
- JARQUÍN, D.; CROSSA, J.; LACAZE, X.; DU CHEYRON, P.; DAUCOURT, J.; LONGEOU, J.; PIRAUX F.; GUERREIRO L.; PÉREZ, P.; CALUS, M.; BURGUEÑO J.; DE LOS CAMPOS, G. A reaction norm model for genomic selection using high-dimensional genomic and environmental data. **Theoretical and applied genetics**, v. 127, p. 595-607, 2014. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-013-2243-1>
- KIEM, A. S.; JOHNSON, F.; WESTRA, S.; VAN DIJK, A.; EVANS, J.P.; O'DONNELL, A.; ROUILLARD, A.; BARR, C.; TYLER, J.; THYER, M.; JAKOB, D.; WOLDEMESKEL, F.; SIVAKUMAR, B.; MEHROTRA, R. Natural hazards in Australia: droughts. **Climatic Change**, [s. l.], v. 139, n. 1, p. 37-54, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10584-016-1798-7>
- KRAUSE, M. D.; DIAS, K. O. D.; DOS SANTOS, J. P. R.; DE OLIVEIRA, A. A.; GUIMARAES, L. J. M.; PASTINA, M. M.; MARGARIDO, G. R. A.; GARCIA, A. A. F. Boosting predictive ability of tropical maize hybrids via genotype-by-environment interaction under multivariate GBLUP models. **Crop Sci.**, v. 60, n. 6, p. 3049-3056, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20253>

LI, X.; GUO, T.; MU, Q.; LI, X.; YU, J. Genomic and environmental determinants and their interplay underlying phenotypic plasticity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 115, n. 26, p. 6679-6684, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1718326115>

MILLET, E. J.; KRUIJER, W.; COUPEL-LEDRU, A.; ALVAREZ PRADO, S.; CABRERA-BOSQUET, L.; LACUBE, S.; CHARCOSSET, A.; WELCKER, C.; VAN EEUWIJK, F.; TARDIEU, F. Genomic prediction of maize yield across European environmental conditions. **Nature genetics**, v. 51, n. 6, p. 952-956, 2019. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41588-019-0414-y>

PANDŽIĆ, M.; LJUBIČIĆ, N.; MIMIĆ, G.; PANDŽIĆ, J.; PEJAK, B.; CRNOJEVIĆ, V. A case study of monitoring maize dynamics in Serbia by utilizing Sentinel-1 data and growing degree days. **ISPRS Annals of the Photogrammetry, Remote Sensing and Spatial Information Sciences**, V-3-2020, p. 117-124, 2020. Disponível em: <https://isprs-annals.copernicus.org/articles/V-3-2020/117/2020/>

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.

ROCHA, A. F. Panorama da seca no estado de Sergipe: impactos e ações de enfrentamento. **Parcerias Estratégicas**, [s. l.], v. 22, n. 44, p. 181-200, 2017.

SAXENA, A.; PRASAD, M.; GUPTA, A.; BHARILL, N.; PATEL, O. P.; TIWARI, A.; ER, M. J.; DING, W.; LIN, C.-T. A review of clustering techniques and developments. **Neurocomputing, Elsevier**, v. 267, p. 664–681, 2017. Disponível em: https://opus.lib.uts.edu.au/bitstream/10453/114834/4/OCC-90253_AM.pdf

SERGIPE. Secretaria de Estado da Inclusão, Assistência Social e do Trabalho. Departamento Estadual de Proteção e Defesa Civil. **Situação de emergência**: 2022. Aracaju: Defesa Civil, 2022. Disponível em: [Situação de Emergência – 2023 – Defesa Civil – DEPEC](#) Acesso em: 10 maio. 2023.

SPARKS, A. H. Nasapower: A NASA POWER global meteorology, surface solar energy and climatology data client for r. **Journal of Open Source Software** v. 3, n. 30, p. 1035, 2018. Disponível em: <https://joss.theoj.org/papers/10.21105/joss.01035.pdf>

USDA – UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. World Agricultural Production, Feb. 2026. Washington, D.C.: USDA, 2026. Disponível em: [Commodity Outlook - WASDE Projections at a Glance | Economic Research Service](#) Acesso em: 09 fev. 2026.

XU, Y. Envirotyping for deciphering environmental impacts on crop plants. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, p. 653-673, 2016. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-016-2691-5>

ZHANG, H.; ZHANG, R.; SONG, Y.; MIL, X.; ZHANG, Q.; QU, J.; SUN, Y. Enhanced enzymatic saccharification and ethanol production of corn stover via pretreatment with urea and steam explosion. **Bioresource Technology**, v. 376, p. 128856, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2023.128856>

6. DELIMITAÇÃO E ESTRATIFICAÇÃO EDAFOCLIMÁTICA DA POPULAÇÃO-ALVO DE AMBIENTES PARA MILHO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO

Gabriel Oliveira Martins¹; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira²; José Jairo Florentino Cordeiro Júnior³; Mário Sérgio Rodrigues Barreto⁴; Bárbara Nascimento Santos¹; Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira⁵.

RESUMO

A definição da população-alvo de ambientes (*target population of environments*, TPE) pode aumentar a representatividade dos locais de avaliação e apoiar o planejamento de programas de melhoramento em regiões ambientalmente heterogêneas, sujeitas à elevada variabilidade climática e a restrições hídricas e edáficas, como o Alto Sertão Sergipano, o que dificulta a identificação de genótipos com desempenho produtivo consistente entre locais e anos. Este trabalho teve como objetivo delimitar e caracterizar a TPE de milho no Alto Sertão Sergipano com base em covariáveis edafoclimáticas, identificar grupos ambientais contrastantes e fornecer subsídios para a escolha de localidades em futuros ensaios multilocais. Foram utilizados dados georreferenciados de 21 localidades selecionadas para representar a variação ambiental da região, integrados a covariáveis de solo extraídas do SoilGrids v2.0 e covariáveis climáticas derivadas de dados diários da NASA POWER para o período de 2001 a 2023. A delimitação geoespacial foi realizada no ambiente R com a função *TPEmap*, seguida da rasterização do polígono, extração e padronização das covariáveis edafoclimáticas e análise de agrupamento hierárquico. O corte selecionado no dendrograma resultou em seis grupos edafoclimáticos, com suporte nas métricas de validação adotadas. Dados de produtividade de grãos de 352 genótipos avaliados no CEUFS (2019-2024), localizado no grupo ambiental de maior abrangência espacial da TPE, foram analisados por modelos lineares mistos, com estimação dos componentes de variância por máxima verossimilhança restrita (REML) e os efeitos genotípicos foram preditos por BLUP para ordenar os genótipos quanto ao rendimento de grãos. Os resultados evidenciam que a abordagem geoespacial baseada em TPE identifica grupos ambientalmente contrastantes que podem orientar a escolha de localidades para novos ensaios e fornece base para validação futura de genótipos em subambientes contrastantes do Alto Sertão Sergipano.

Palavras-chave: Covariáveis ambientais. *Enviromics*. Interação genótipo $\times$ ambiente. Modelos mistos. Sistemas de informação geográfica.

ABSTRACT

Defining the Target Population of Environments (TPE) can enhance the representativeness of testing locations and support the strategic design of breeding programs in environmentally heterogeneous regions characterized by high climatic variability and pronounced soil and water limitations, such as the Alto Sertão Sergipano. These conditions hinder the identification of maize genotypes with stable and consistent performance across locations and years. This study aimed to delineate and characterize the maize TPE in the Alto Sertão Sergipano using edaphoclimatic covariates, as well as to identify environmentally contrasting groups, and provide a scientific basis for selecting testing locations in future multi-environment trials. Georeferenced data from 21 locations representing the region's environmental variability were integrated with soil covariates obtained from SoilGrids v2.0 and climatic covariates derived from daily NASA POWER data spanning the period from 2001 to 2023. Geospatial delineation was performed in the R environment using the *TPEmap* function, followed by polygon rasterization, extraction and standardization of edaphoclimatic covariates, and hierarchical cluster analysis. The optimal dendrogram partition identified six edaphoclimatic groups, as supported by the adopted cluster validation metrics. Grain yield data from 352 maize genotypes dated from 2019 to 2024, and evaluated at the CEUFS experimental station, located within the environmental group encompassing the largest spatial extent of the TPE, were analyzed using linear mixed models. Variance components were estimated by Restricted Maximum Likelihood

(REML), and genotypic effects were predicted using Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) to rank genotypes according to grain yield. The results demonstrate that the geospatial TPE-based approach effectively identifies environmentally contrasting groups that can support the selection of representative testing locations for future multi-environment trials, while providing a robust framework for the subsequent validation of maize genotypes across contrasting sub-environments of the Alto Sertão Sergipano.

Keywords: Environmental covariates; Enviromics; Genotype $\times$ environment interaction; Mixed models; Geographic information systems.

6.1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma das principais culturas alimentares e forrageiras do Nordeste brasileiro, desempenhando papel central na segurança alimentar, na alimentação animal e na geração de emprego e renda para agricultores familiares. No Alto Sertão Sergipano, caracterizado por clima semiárido, elevada variabilidade interanual de precipitação, altas temperaturas e ocorrência de solos com restrições variáveis de profundidade efetiva, fertilidade e capacidade de retenção de água, a produtividade de milho é condicionada pela interação entre variabilidade climática, propriedades do solo, manejo e material genético, com destaque para os efeitos dos estresses hídrico e térmico em fases fenológicas críticas (Blum, 2011).

A identificação e a recomendação de genótipos adaptados constituem desafios centrais para os programas de melhoramento da região. A superação desses desafios pode contribuir para a estabilidade da produção, a segurança alimentar e o fortalecimento da agricultura familiar (FAO *et al.*, 2018), a subsistência das famílias rurais (Bouma, 2015) e melhores oportunidades para a agricultura familiar. Uma abordagem promissora para enfrentar esse desafio consiste em definir e caracterizar uma população-alvo de ambientes (*Target Population of Environments*, TPE) para a produção de milho no Alto Sertão Sergipano explicitamente definida, capaz de refletir a variabilidade climática e edáfica observada na região.

A TPE corresponde ao conjunto de ambientes de produção futuros, incluindo sua frequência de ocorrência, para os quais um programa de melhoramento pretende desenvolver, avaliar e recomendar genótipos ela envolve condições ambientais e sistemas de produção. Os fundamentos da população-alvo de ambientes foram desenvolvidos a partir da definição dos ambientes para os quais os genótipos seriam selecionados e recomendados (Comstock, 1977; Allen *et al.*, 1978) e, posteriormente, ampliados para incorporar a variabilidade espaço-temporal de fatores abióticos e bióticos, seus efeitos na interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ E) e a adaptação às mudanças climáticas (Chenu *et al.*, 2011; Chapman *et al.*, 2012; De los Campos *et al.*, 2020; Antolin *et al.*, 2021; Cooper & Messina, 2021).

Nesse contexto, TPE, mega-ambientes e zonas de melhoramento representam conceitos relacionados, utilizados para organizar a variação ambiental e os padrões de adaptação

genotípica. Mega-ambientes correspondem a conjuntos de ambientes nos quais os genótipos apresentam padrões relativamente consistentes de resposta e adaptação, identificados a partir de dados multiambientais e da interação $G \times E$. Grupos formados apenas por clima e solo devem ser chamados de grupos ambientais ou subambientes edafoclimáticos, enquanto zonas de melhoramento são sub-regiões delineadas para aumentar a homogeneidade ambiental interna, explorar padrões de adaptação específica e melhorar a eficiência da seleção (Abakemal *et al.*, 2016; Gauch & Zobel, 1997; Piepho & Möhring, 2005; Costa-Neto *et al.*, 2021a, b; Yan *et al.*, 2022; Callister *et al.*, 2024; Resende *et al.*, 2021, 2024a).

Avanços em sistemas de informações geográficas (SIG), sensoriamento remoto e grandes bases de dados ambientais impulsionaram abordagens de enviromics que integram dados climáticos, de solo e de manejo para caracterizar quantitativamente os ambientes de teste e TPE e apoiar a caracterização ambiental, a modelagem da $G \times E$ e o planejamento de redes de ensaios (Voss-Fels *et al.*, 2018; Costa-Neto *et al.*, 2021a, b; Costa-Neto & Fritsche-Neto, 2021; Resende *et al.*, 2021, 2024a; Xu *et al.*, 2022).

Apesar desses avanços, há escassez de estudos que combinem a delimitação geoespacial da TPE com a avaliação temporal de genótipos em um local de referência, visando planejar sua posterior validação em ambientes contrastantes. No Alto Sertão Sergipano, os dados fenotípicos disponíveis estão concentrados no CEUFS e ainda não se conhece a representatividade desse local em relação à heterogeneidade edafoclimática regional, explorando suas implicações para o planejamento da validação multilocal de genótipos previamente avaliados no CEUFS. Até onde foi possível verificar, não há uma delimitação edafoclimática específica da TPE de milho para o Alto Sertão Sergipano que represente as condições típicas de cultivo de milho, integrando dados topográficos, de solos, clima e demais características ambientais relevantes.

Diante dessa lacuna, a pergunta científica que orienta este estudo pode ser sintetizada da seguinte forma: Como a delimitação edafoclimática da TPE de milho no Alto Sertão Sergipano pode revelar lacunas de representatividade da rede atual e orientar a escolha de localidades contrastantes para a validação futura de genótipos selecionados no CEUFS?

A heterogeneidade edafoclimática do Alto Sertão Sergipano permite identificar grupos ambientais contrastantes, e o CEUFS representa apenas parte dessa variação. Assim, genótipos de elevado desempenho e consistência temporal no CEUFS necessitam de validação em localidades representativas dos demais grupos antes de qualquer recomendação regional.

À luz dessa hipótese, os objetivos deste trabalho foram: (i) delimitar a TPE de milho para o Alto Sertão Sergipano, com base em dados edafoclimáticos de 21 localidades; (ii) caracterizar os grupos quanto às covariáveis de solo e clima que mais contribuem para sua diferenciação) e (iii) indicar localidades potencialmente prioritárias para a condução de

experimentos futuros, de modo a orientar futuros ensaios destinados a estimar a interação genótipo $\times$ ambiente na região.

6.2. MATERIAL E MÉTODOS

6.2.1. Área de estudo

O estudo foi conduzido no Alto Sertão Sergipano (Figura 1), região situada no noroeste do estado de Sergipe e composta pelos municípios de Canindé de São Francisco (Canindé), Gararu, Monte Alegre de Sergipe (Monte Alegre), Nossa Senhora da Glória (Glória), Nossa Senhora de Lourdes (Lourdes), Poço Redondo e Porto da Folha, totalizando 4.918,20 km². A região está inserida no semiárido brasileiro e no domínio da Caatinga, apresenta chuvas temporalmente irregulares, temperaturas médias elevadas e alta demanda atmosférica, com variações espaciais entre os municípios.

Segundo a classificação de Köppen adaptada para o Brasil, predominam condições As em parte das localidades de Nossa Senhora da Glória, Monte Alegre, Nossa Senhora de Lourdes e Gararu e condições BSh nas localidades de Canindé de São Francisco, Poço Redondo e Porto da Folha (Alvares, 2013). Os ensaios de campo foram conduzidos no Campus Experimental da Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão, localizado em Nossa Senhora da Glória.



Figura 1. Mapa de localização do Alto Sertão Sergipano.

6.2.2. Material genético e delineamentos experimentais

Foram avaliados 352 genótipos de milho, incluindo híbridos simples, duplos e triplos, além de variedades de polinização aberta. As avaliações foram realizadas exclusivamente no Campus Experimental da Universidade Federal de Sergipe (CEUFS) (10° 12' 50.6" S de latitude, 37° 19' 03.2" W de longitude e altitude de 210 m, sistema geodésico WGS 84), entre 2019 e 2024. Em cada ano, os genótipos foram avaliados em ensaios conduzidos em delineamento de blocos completos casualizados, com duas repetições, sendo a produtividade de grãos, corrigida para 13% de umidade, utilizada como variável principal.

Cada parcela foi composta por duas linhas de 4,0 m, com espaçamento de 0,20 m entre plantas e 0,70 m entre linhas, totalizando 40 plantas por parcela.

A condução dos ensaios seguiu as recomendações técnicas para a cultura na região, com ajustes anuais de adubação e manejo fitotécnico em função da análise de solo e das condições ambientais de cada safra.

6.2.3. Construção da população-alvo de ambientes (TPE)

A delimitação da TPE para milho no Alto Sertão Sergipano foi realizada no ambiente R, com uso do pacote *sf* (Pebesma, 2018) para manipulação de dados espaciais e da função *TPEmap* para geração do polígono da TPE (Cruz *et al.*, 2025). As coordenadas dos 21 ambientes de interesse foram organizadas em banco de dados contendo longitude e latitude. Os pontos foram inicialmente representados no sistema geodésico WGS 84 (EPSG:4326) e, antes das operações de cálculo de distância, área e geração de buffers, foram reprojetados para WGS 84/UTM zona 24S (EPSG:32724) de modo a permitir o cálculo de distâncias e áreas em base métrica.

As covariáveis edáficas foram obtidas para as 21 localidades a partir da base *SoilGrids v2.0* (Poggio *et al.*, 2021), com resolução espacial de 250 m e profundidade de 0-30 cm. Para cada ponto, foram extraídos os valores de pH em água, % de argila, % de areia, % de silte, capacidade de troca catiônica a pH 7 e o carbono orgânico do solo (g kg^{-1}). Os dados climáticos diários foram obtidos da base *NASA POWER* por meio do pacote *nasapower* (Sparks, 2018), considerando período de 2001 a 2023 e janela correspondente ao ciclo de cultivo do milho na região, de 05 de maio a 15 de outubro. As variáveis meteorológicas incluídas foram temperatura média, máxima e mínima do ar ($^{\circ}\text{C}$) a 2 m, amplitude térmica diária ($^{\circ}\text{C}$), precipitação total (mm), precipitação média diária (mm), número de dias chuvosos (precipitação $> 1 \text{ mm/dia}$), radiação solar global média (kWh m^{-2}), umidade relativa do ar (%) e velocidade do vento (m/s) a 2 m.

Para cada localidade, foi construído um perfil ambiental representativo a partir das médias históricas das variáveis climáticas ao longo da série utilizada no estudo. Em seguida, todas as covariáveis foram padronizadas pelo método Z-score, com média zero e desvio-padrão unitário, para eliminar diferenças de escala entre as variáveis. A correlação de Pearson entre os perfis ambientais foi calculada para fins descritivos. Para a análise de agrupamento, foi calculada a distância euclidiana entre as localidades a partir da matriz de covariáveis padronizadas, seguida da aplicação do método hierárquico de Ward (Ward.D2) (Ward, 1963). O número de grupos foi definido com base na silhueta média (Rousseeuw, 1987), resultando em seis subambientes dentro da TPE.

O polígono da TPE foi gerado com a função *TPEmap* (Cruz *et al.*, 2025) em quatro etapas sequenciais. Inicialmente, foi aplicado um buffer individual de 10 km ao redor de cada de cada localidade georreferenciada, de forma a representar a área de influência local sem fragmentar excessivamente a superfície resultante. Em seguida, os buffers foram unificados e submetidos ao ajuste de polígono côncavo, controlado pelos parâmetros $\text{concavity} = 2$ e

length_threshold = 10 km, permitindo melhor aderência do contorno à distribuição espacial dos pontos. Na terceira etapa, Foi aplicado um buffer externo de 1 km para evitar a exclusão cartográfica de áreas imediatamente adjacentes ao contorno resultante. Por fim, o contorno foi suavizado por simplificação geométrica com simplify_tolerance = 0,01 km, reduzindo irregularidades cartográficas de pequena escala. O polígono final foi convertido para o formato raster com resolução espacial de 0,1° equivalente a aproximadamente 11 km por pixel, compatível com a resolução dos dados climáticos empregados. Esse raster foi salvo em formato GeoTIFF e utilizado como camada de máscara para integração de covariáveis ambientais e para análises subsequentes de caracterização da TPE.

6.2.4. Análise do desempenho genotípico e da interação genótipo × ano no CEUFS Análise da interação G×A e recomendação de genótipos

A interação genótipo x ano (G×A) foi analisada a partir dos dados de produtividade. A correção da massa para 13% de umidade pode ser apresentada como

$$M_{13} = M_o \left(\frac{100 - U_o}{100 - 13} \right)$$

em que M_{13} é a massa corrigida para 13% de umidade, M_o é a massa observada e U_o é a umidade observada dos grãos dos 352 genótipos avaliados no CEUFS entre 2019 e 2024. Para estimar os componentes de variância e prever o desempenho genotípico, foi ajustado um modelo linear misto via máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando a função lmer() do pacote lme4 (Bates *et al.*, 2015) no ambiente R. O modelo adotado pode ser representado por:

$$y = X\beta + Zu + \epsilon$$

Em que:

- y : é o vetor de observações fenotípicas (produtividade de grãos) de dimensão $n \times 1$;
- β : é o vetor de efeitos fixos que, neste modelo, contém apenas o intercepto (média geral, μ);
- u : é o vetor de efeitos aleatórios, particionado como $u = [b', g', a', ga']'$, em que b representa o efeito de repetições (blocos), g o efeito de genótipos, a o efeito de anos (ambientes) e ga o efeito da interação genótipo × ano;
- X e Z : são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente;
- ϵ : é o vetor de erros residuais aleatórios, assumindo $\epsilon \sim N(0, I\sigma_e^2)$.

Assume-se que os efeitos aleatórios seguem uma distribuição normal multivariada, onde $u \sim N(0, G)$. A matriz de variância-covariância G é estruturada como uma matriz bloco-diagonal, contendo as variâncias associadas a cada fonte de variação (σ_b^2 , σ_g^2 , σ_a^2 , σ_{ga}^2). Essa estrutura permitiu a estimação precisa dos componentes de variância e a obtenção das predições lineares não viesadas (BLUPs) para os genótipos em cada cenário ambiental. As estimativas dos efeitos aleatórios dos genótipos (BLUPs) foram obtidas por meio da função `ranef()` do pacote `lme4` e a produtividade predita de cada genótipo foi calculada como a soma do intercepto fixo e do respectivo BLUP genotípico.

6.2.4.1. Análise do desempenho genotípico e da interação genótipo $\times$ ano no CEUFS

A priorização dos genótipos foi baseada no mérito genético predito a partir dos BLUPS obtidos na análise temporal conduzida no CEUFS, entre 2019 e 2024. Nesse contexto, o CEUFS foi considerado o ambiente de triagem principal por representar o subambiente central em que os materiais foram efetivamente avaliados ao longo de seis anos.

Para cada covariável, os valores das 21 localidades foram centralizados pela média e divididos pelo respectivo desvio-padrão, resultando em variáveis com média zero e variância unitária da produtividade predita, permitindo a identificação de um grupo de materiais superiores em relação à média geral.

Os genótipos classificados como superiores no CEUFS foram considerados candidatos prioritários para validação em ensaios multilocais futuros nos diferentes subambientes delimitados pela TPE. Essa estratégia permite direcionar a próxima etapa experimental para ambientes contrastantes em relação ao CEUFS, como objetivo de verificar a estabilidade do ranking genotípico e detectar possíveis padrões de adaptação específica dentro da região de estudo.

6.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.3.1. Delimitação geoespacial e caracterização da TPE

A aplicação da função `TPEmap` às coordenadas das 21 localidades resultou em uma delimitação geoespacial operacional da TPE proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano (Figura 2). O polígono definiu o contorno geográfico da TPE proposta, abrangendo os sete municípios da região. A análise das covariáveis climáticas e edáficas das 21 localidades indicou uma área com forte heterogeneidade ambiental interna, compatível com a variação espacial de clima e solo observada no semiárido sergipano. O ajuste côncavo controlado pelos parâmetros `concavity = 2` e `length_threshold = 10 km` permitiu representar de forma aderente à

distribuição espacial das localidades, evitando a incorporação excessiva de áreas sem suporte amostral direto.

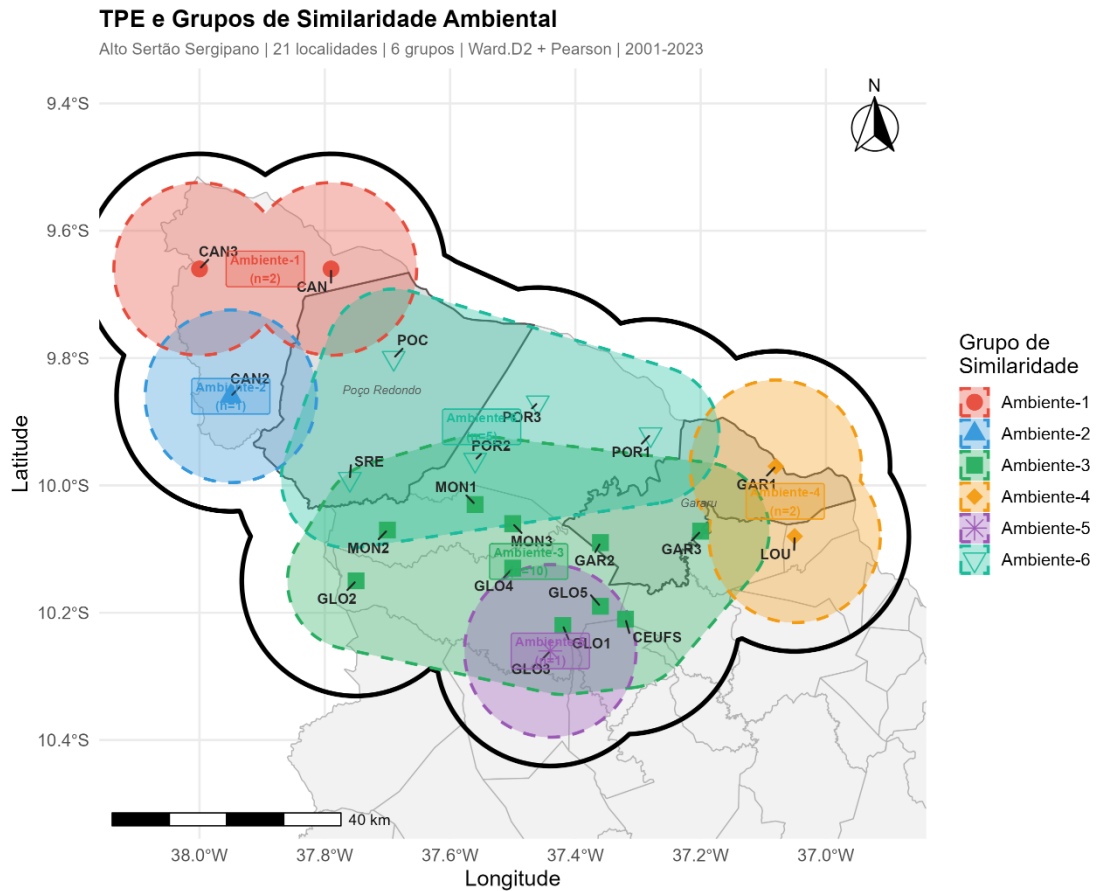


Figura 2. População-alvo de ambientes (*Target Population of Environments, TPE*) do Alto Sertão Sergipano.

A análise de agrupamento aplicada aos perfis ambientais padronizados das 21 localidades identificou seis grupos de similaridade ambiental dentro da TPE (Figura 2). A distribuição espacial desses grupos não foi aleatória e evidenciou uma organização territorial coerente com gradientes regionais de precipitação, temperatura, textura do solo, matéria orgânica e capacidade de troca catiônica. Em conjunto, esses resultados indicam que a TPE delimitada não constitui uma unidade homogênea, mas sim uma estrutura formada por subambientes contrastantes (Figura 3), com implicações diretas para o planejamento de ensaios multilocais e para a interpretação do alcance espacial dos resultados experimentais.

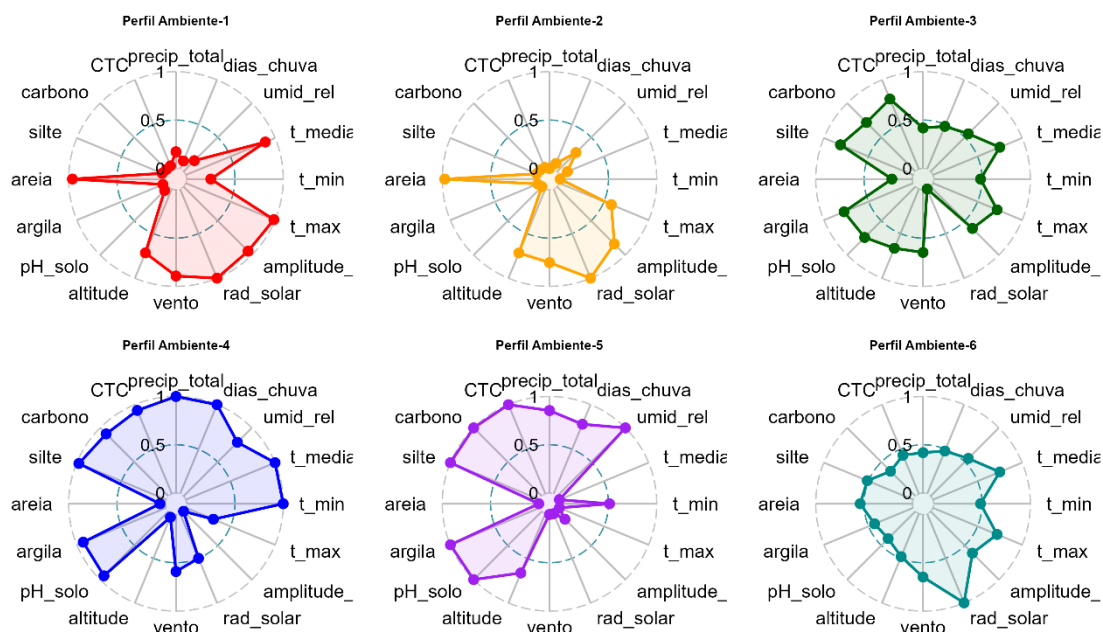


Figura 3. Perfis edafoclimáticos normalizados dos seis grupos ambientais identificados na TPE proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. Os valores foram reescalados entre 0 e 1, considerando o mínimo e o máximo observados entre os grupos.

O Ambiente 3 foi o grupo de maior representatividade espacial, reunindo 10 das 21 localidades e ocupando a porção central da TPE, incluindo o CEUFS. Esse subambiente apresentou perfil climático intermediário dentro do contexto regional e atributos edáficos compatíveis com condições de cultivo mais frequentes no núcleo agrícola do Alto Sertão Sergipano. A combinação entre precipitação média de 427,4 mm, temperatura máxima de 30,9°C e amplitude térmica de 11,2°C, textura média, pH de 6,7, carbono orgânico de 12,1 g kg⁻¹ e CTC de 17,8 cmolc dm⁻³ (Figura 4 e Figura suplementar 1) reforça seu papel como subambiente central dentro da TPE e confere ao CEUFS representatividade primária dentro desse domínio ambiental.

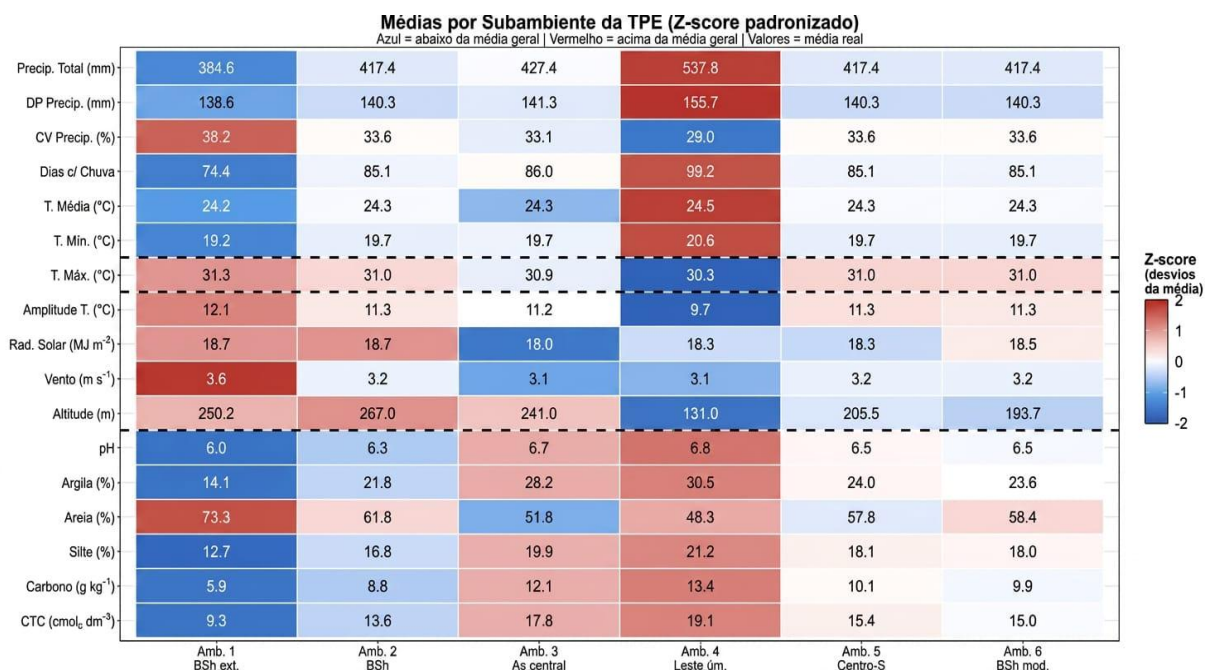


Figura 4. Caracterização edafoclimática dos seis grupos de localidades identificados na população-alvo de ambientes proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. Os números apresentados nas células correspondem às médias nas unidades originais. A escala de cores representa o Z-score calculado separadamente para cada covariável e foi empregada apenas para facilitar a comparação relativa entre os grupos.

Fonte: elaborado pelos autores.

O Ambiente 4, localizado no setor leste da TPE, destacou-se como o subambiente mais favorável ao cultivo do milho e, simultaneamente, como o mais contrastante em relação ao CEUFS. Esse grupo apresentou a maior precipitação total (537,6 mm), o maior número de dias com chuva (99,2 dias), maior CTC e maior carbono orgânico. Esse conjunto sugere maior aptidão ambiental relativa para o cultivo do milho, mas também indica que resultados obtidos no Ambiente 3 não devem ser extrapolados automaticamente para esse subambiente sem validação experimental específica (Hatfield & Prueger, 2015; Lobell *et al.*, 2014; Farré & Faci, 2006).

Os Ambientes 5 e 6 apresentaram perfis intermediários em relação aos extremos da TPE. Ambos combinam condições climáticas moderadas, com atributos edáficos superiores aos observados nos Ambientes 1 e 2, embora inferiores aos do Ambientes 3 e 4. Esses subambientes ocupam posição de transição dentro da TPE e ampliam a complexidade da rede ambiental regional, reforçando a necessidade de contemplar mais de um tipo de ambiente na validação de genótipos (Carvalho *et al.*, 2013; Bänziger *et al.*, 2006).

Os Ambientes 1 (CAN3 e CAN) e 2 (CAN2), situados no extremo oeste da TPE, representaram as condições mais restritivas do conjunto avaliado. Nesses grupos, predominaram maior aridez atmosférica, temperaturas elevadas, maior amplitude térmica diária

e menos favorabilidade edáfica, configurando cenários mais severos para o cultivo de milho em sequeiro (Marengo *et al.*, 2017; Brito *et al.*, 2018) (Figura suplementar 2). Em especial, o Ambiente 1 combinou alta temperatura máxima, baixa umidade relativa e maior amplitude térmica da TPE, enquanto o Ambiente 2 se distinguiu por regime térmico próprio dentro da fração mais árida da região. Esses contrastes reforçam o papel da TPE como instrumento de estratificação ambiental e mostram que a região exige desenho experimental capaz de capturar diferentes pressões de estresse abiótico (Allen *et al.*, 1998; Penman, 1948).

Em termos aplicados, a heterogeneidade observada entre os seis subambientes indica que a rede atual de avaliação não cobre de forma equivalente toda a complexidade ambiental do Alto Sertão Sergipano. O núcleo central representado pelo Ambiente 3 está razoavelmente amostrado, mas os ambientes mais contrastantes, sobretudo 1, 2, 4 e 6, demandam maior atenção em futuras alocações de ensaios.

Assim, o principal resultado desta seção é a demonstração de que a TPE regional pode ser descrita como uma estrutura ambiental estratificada, o que oferece base objetiva para orientar a expansão e o balanceamento da rede experimental.

6.3.1.1. Dendrograma de similaridade ambiental entre as localidades da TPE

O agrupamento hierárquico pelo método de Ward (Ward.D2), aplicado às distâncias euclidianas entre os perfis ambientais padronizados, confirmou a existência de subambientes dentro da TPE (Figura 5). A estrutura do dendrograma revelou dois grandes macrogrupos, que se unem apenas em elevada distância de fusão, indicando heterogeneidade ambiental expressiva mesmo em uma região geograficamente compacta. Esse padrão é consistente com a distribuição espacial observada no mapa da TPE e reforça que a variabilidade regional não pode ser tratada como contínua e uniforme.

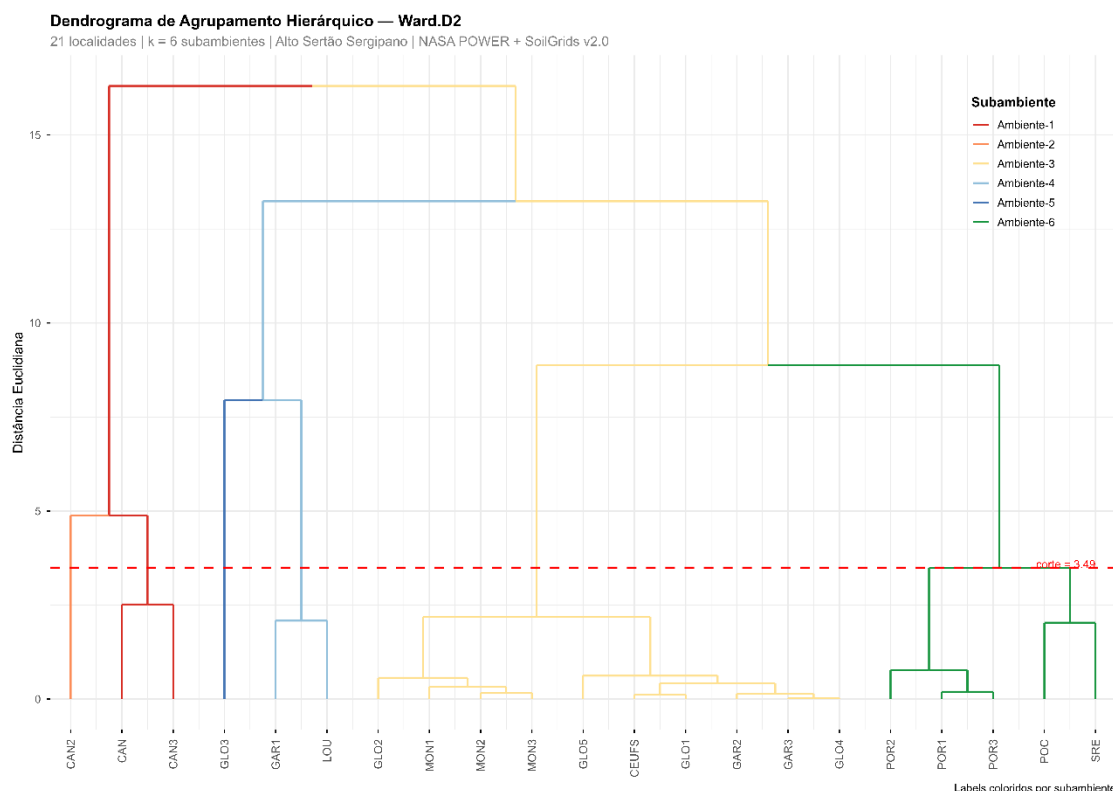


Figura 5. Dendrograma do agrupamento hierárquico das 21 localidades utilizadas na caracterização da população-alvo de ambientes proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. O agrupamento foi obtido pelo método de Ward.D2, a partir das distâncias euclidianas calculadas sobre as covariáveis edafoclimáticas padronizadas por Z-score. A linha horizontal tracejada representa a altura de corte definida pelo critério da silhueta média, resultando em seis grupos ambientais. As cores representam os grupos obtidos.

O primeiro macrogrupo concentrou localidades com maior individualidade ambiental, incluindo GLO3, GAR1, LOU, CAN2, CAN e CAN3. Já o segundo macrogrupo reuniu as 15 localidades restantes, subdivididas principalmente entre os Grupos 3 e 6, que representaram maior similaridade entre si e maior proximidade com as condições médias da TPE. A coesão interna do Grupo 3 foi particularmente evidente, com distâncias de fusão baixas entre as suas localidades, o que reforça sua consistência como subambiente central da região.

Algumas localidades apresentaram posição singular no dendrograma e merecem destaque. GLO3 foi o ramo mais isolado, sugerindo perfil ambiental distinto em relação às demais localidades da TPE (Nimer, 1989; Marengo *et al.*, 2017). No extremo oposto, CAN, CAN2 e CAN3 configuram o conjunto mais associado às condições áridas do setor oeste da região.

De forma geral, o dendrograma reforça a interpretação de que a TPE do Alto Sertão Sergipano é composta por unidades ambientais internamente coerentes e externamente contrastantes. Esse resultado fundamenta a estratificação adotada no estudo e sustenta a

necessidade de desenhar ensaios futuros com base em subambientes representativos e não apenas na proximidade geográfica entre localidades.

6.3.1.2. Caracterização dos ambientes por análise de componentes principais

A análise de componentes principais (Everitt *et al.*, 2011) sintetizou de forma eficiente a estrutura de variação ambiental da TPE (Figura 6). Os dois primeiros componentes principais explicaram 83,4% da variância total, sendo 69,1% atribuídos ao primeiro componente e 14,3% ao segundo, o que indica que a heterogeneidade ambiental entre as 21 localidades pode ser interpretada de forma consistente em um espaço bidimensional (Jolliffe, 2002; Wilks, 2011; Borcard *et al.*, 2018).

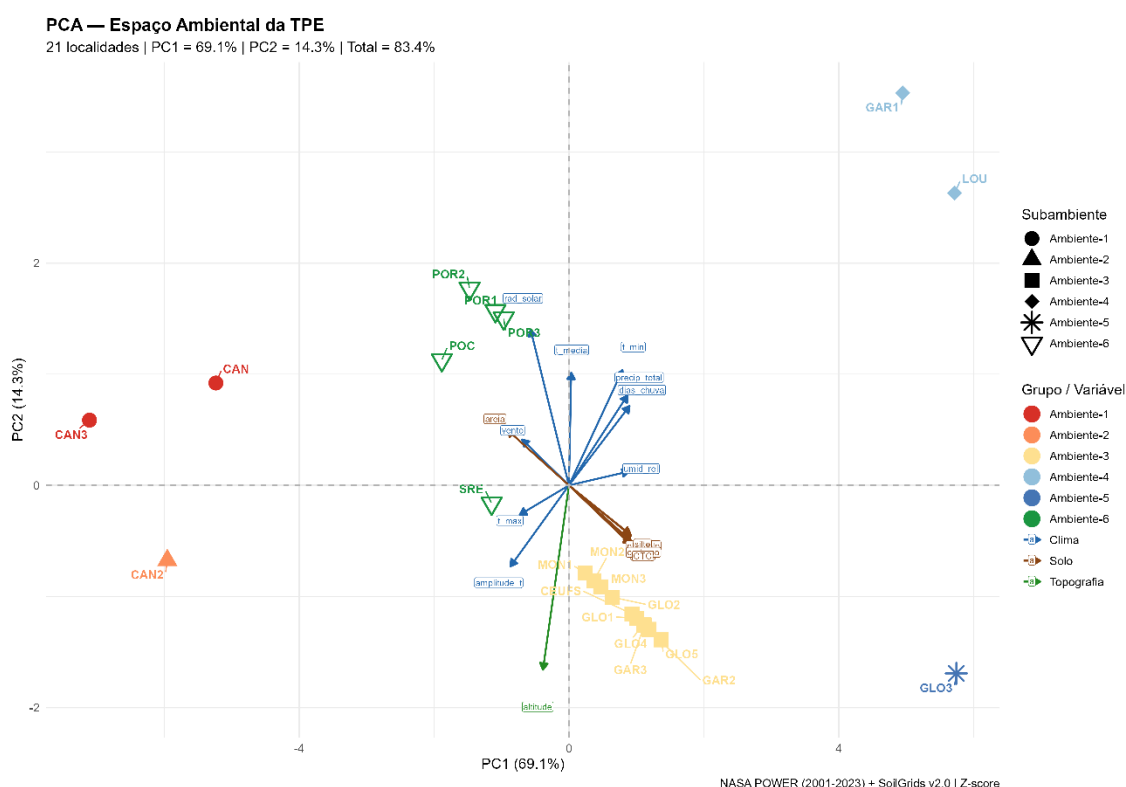


Figura 6. Biplot da análise de componentes principais aplicada às covariáveis edafoclimáticas padronizadas das 21 localidades utilizadas na delimitação da população-alvo de ambientes proposta para o milho no Alto Sertão Sergipano. Os dois primeiros componentes explicaram 83,4% da variância total, sendo 69,1% explicados por PC1 e 14,3% por PC2. Os pontos representam as localidades, as cores indicam os seis grupos obtidos pelo agrupamento hierárquico e os vetores representam a direção e a associação relativa das covariáveis com os componentes.

O primeiro componente principal representou predominantemente um gradiente edáfico. As maiores cargas positivas estiveram associadas a silte, CTC e carbono orgânico, enquanto areia e vento apresentaram associação negativa. Assim, valores mais altos de PC1 correspondem, em termos gerais, a ambientes com maior capacidade de retenção de água e

nutrientes, enquanto valores mais baixos estiveram relacionados a condições mais arenosas e potencialmente mais susceptíveis à perda de água e maior demanda evaporativa. O segundo componente principal representou principalmente um gradiente climático associado à disponibilidade hídrica e ao regime térmico. Variáveis como precipitação total, número de dias chuvosos e umidade relativa contribuíram positivamente para esse eixo, diferenciando localidades com maior suprimento hídrico relativo daquelas associadas a condições mais secas e termicamente mais restritivas.

A distribuição das localidades no plano bidimensional foi coerente com a estratificação obtida no agrupamento hierárquico. CAN e CAN3 se posicionaram na direção associada a areia, vento e radiação solar, caracterizando ambientes mais secos e expostos. CAN2 também se destacou no setor mais restritivo do gráfico, associado à amplitude térmica e afastado das variáveis de precipitação, o que sugere um microclima de maior estresse térmico diário, condições associadas ao clima BSh (Alvares *et al.*, 2013; Kiem *et al.*, 2016; Marengo *et al.*, 2017). Em contraste, o Ambiente 3 ocupou a região associada a melhores atributos edáficos, enquanto o Ambiente 4 se deslocou na direção de maior precipitação, maior número de dias chuvosos e maior umidade relativa. O Ambiente 5 apresentou posição extrema dentro do conjunto de maior favorabilidade edáfica, enquanto o Ambiente 6 ocupou posição intermediária, coerente com seu papel de transição dentro da TPE. Em conjunto, a PCA reforçou o padrão identificado pelo dendrograma e pelo mapa da TPE. A análise mostrou quais variáveis estruturam a divergência entre os ambientes, o que é particularmente relevante para o planejamento de ensaios e para futura interpretação da interação genótipo x ambiente em bases ambientalmente informadas (Heinemann *et al.*, 2015; Costa-Neto & Fritsche-Neto, 2021; Resende *et al.*, 2024b).

6.3.2. Desempenho temporal dos genótipos no CEUFS e implicações para validação na TPE

A análise dos 352 genótipos conduzidos no CEUFS entre 2019 e 2024 permitiu identificar diferenças consistentes de desempenho médio predito e de estabilidade temporal entre materiais (Figura 7). Considerando conjuntamente os BLUPs de produtividade e o coeficiente de variação entre anos, os genótipos foram distribuídos em quatro grupos fenotípicos, definidos pela combinação entre desempenho médio e estabilidade. Essa classificação permite distinguir materiais com melhor equilíbrio entre produtividade e previsibilidade de resposta no subambiente correspondente ao CEUFS.

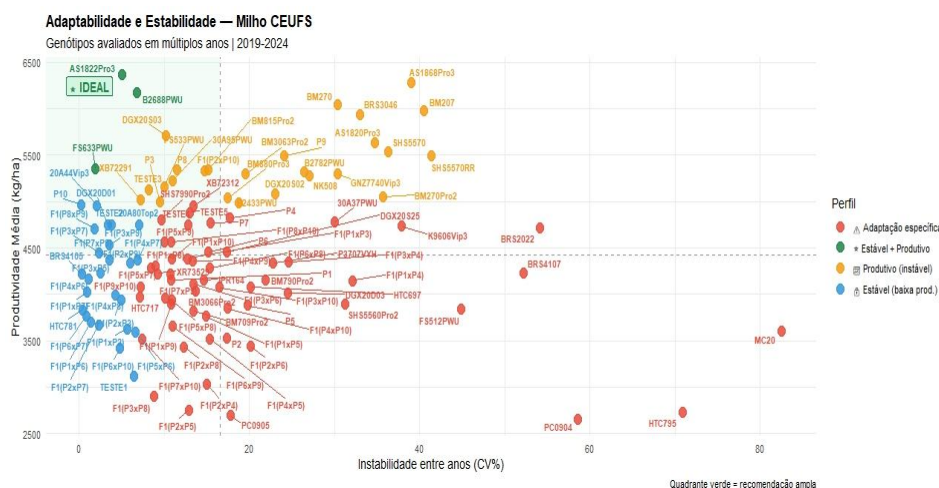


Figura 7. Relação entre a produtividade média prevista e o coeficiente de variação temporal dos genótipos de milho avaliados no CEUFS entre 2019 e 2024. As linhas tracejadas representam as medianas da produtividade prevista e do coeficiente de variação, utilizadas para formar quatro categorias descritivas. Cada ponto representa um genótipo. Os números de anos e de observações variaram entre os genótipos.

Fonte: elaborado pelos autores.

O grupo situado no quadrante de maior produtividade e maior estabilidade concentrou os materiais de maior interesse agrônomo dentro do ambiente de avaliação. Esses genótipos apresentaram BLUPs superiores à mediana e CV inferior ao valor mediano observado, indicando comportamento temporal mais consistente ao longo dos seis anos experimentais. No contexto deste estudo, esses materiais devem ser interpretados como candidatos prioritários para validação futura, especialmente em subambientes com maior similaridade ao ambiente 3, ao qual o CEUFS pertence (Gauch & Zobel, 1997; Cooper & Messina, 2021).

O quadrante de alta produtividade e menor estabilidade reuniu genótipos com potencial produtivo elevado, mas com maior sensibilidade à variação interanual. Esses materiais podem ser promissores em condições favoráveis, mas exibem maior risco de perda de desempenho em anos mais restritivos (Chenu *et al.*, 2011; Heinemann *et al.*, 2015). Por essa razão, sua utilização em programas de seleção ou validação deve considerar ambientes onde o risco climático seja relativamente menor ou onde se deseje explorar responsividade a melhores condições de cultivo.

Os genótipos de baixa produtividade e alta estabilidade ocuparam uma posição intermediária do ponto de vista estratégico. Embora não sejam prioritários para recomendação produtiva, podem representar fontes úteis de estabilidade ou características adaptativas para uso como genitores, dependendo de sua composição genética e de atributos agrônômicos complementares. Já os materiais de baixa produtividade e alta variabilidade constituem o grupo menos promissor dentro do conjunto avaliado (Voss-Fels *et al.*, 2018; Costa-Neto *et al.*, 2021).

A distribuição dos 352 genótipos entre os quadrantes evidenciou um padrão de compensação entre produtividade e estabilidade, recorrente em populações de milho expostas a forte variabilidade ambiental (Yan & Kang, 2002). O número relativamente pequeno de genótipos no Quadrante superior de maior interesse confirma a dificuldade de reunir em um mesmo material alto rendimento e estabilidade temporal sob condições semiáridas. Ainda assim, o conjunto selecionado no CEUFS fornece uma base objetiva para a próxima etapa do programa, que consiste em testar esses materiais em subambientes contrastantes da TPE (Cooper & Messina, 2021; Cruz *et al.*, 2025).

Cabe destacar, entretanto, que os resultados desta seção se referem ao desempenho dos genótipos em um único subambiente, ainda que avaliado ao longo de seis anos. Assim, a classificação obtida deve ser interpretada como ranking local no Ambiente 3 e não como evidência suficiente de adaptação ampla em toda a TPE. O valor principal dessa análise está em apoiar a priorização de materiais para validação multilocal, integrando informação fenotípica temporal com a estrutura ambiental previamente delimitada (Malosetti *et al.*, 2013).

6.3.3. Limitações metodológicas e necessidade de validação multiambiental

A principal limitação da abordagem adotada está na ausência de dados fenotípicos reais para os demais subambientes da TPE. Embora a delimitação ambiental tenha permitido descrever com precisão a heterogeneidade regional, a análise genotípica permaneceu restrita ao CEUFS, o que impede a estimação direta da interação genótipo $\times$ ambiente em escala regional. Em consequência, não foi possível verificar se o ranking dos genótipos permanece estável quando os materiais são expostos a condições contrastantes em outros subambientes (Gauch & Zobel, 1997; Atlin *et al.*, 2000; Yan *et al.*, 2023).

Esse ponto é central para a interpretação do estudo. O desempenho observado no CEUFS oferece suporte confiável para o Ambiente 3, mas sua extrapolação para os Ambientes 1, 2, 4, 5 e 6 deve ser tratada como hipótese de trabalho a ser testada experimentalmente. Em outras palavras, a TPE delimitada fornece a estrutura ambiental para orientar novos ensaios, mas ainda não substitui a evidência empírica necessária para validar padrões de adaptação ampla ou específica em toda a região.

Nessa perspectiva, a lista dos 30 genótipos superiores (Figura 8) obtida no CEUFS deve ser entendida como ponto de partida para a fase de validação e não como recomendação final para a TPE. A contribuição do presente estudo está justamente em integrar uma base geoespacial robusta de estratificação ambiental a uma triagem genotípica temporal consistente, criando um desenho racional para a implantação da próxima etapa experimental. Esse encadeamento entre TPE, triagem local e validação multilocal torna a estratégia

metodologicamente coerente e agronomicamente útil para o melhoramento de milho no semiárido sergipano.

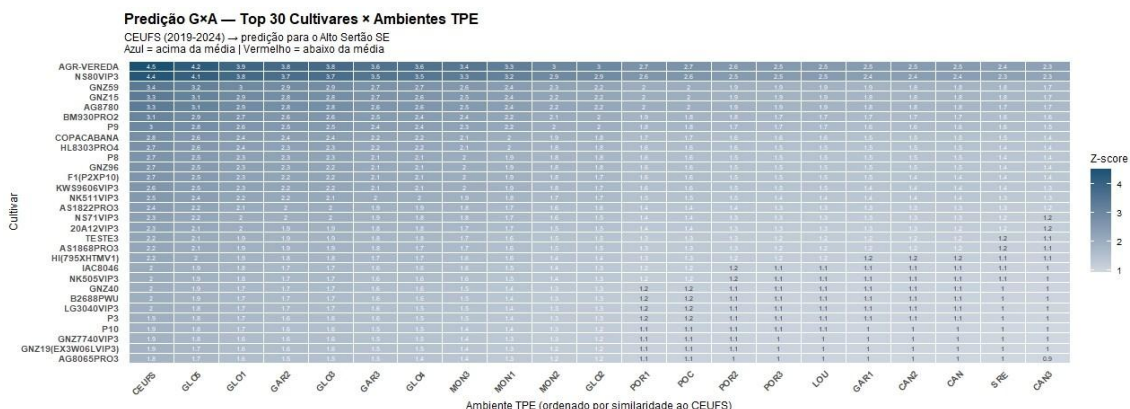


Figura 8. Genótipos de milho priorizados para futura validação multilocal com base na produtividade média predita e na variabilidade temporal observadas no CEUFS entre 2019 e 2024. Os 30 materiais correspondem a uma intensidade de seleção de aproximadamente 8,5% do conjunto de 352 genótipos. A classificação representa uma triagem local no CEUFS e não constitui recomendação para as demais localidades do Grupo 3 ou da TPE proposta.

6.4. CONCLUSÕES

A análise das covariáveis edafoclimáticas das 21 localidades permitiu organizá-las em seis grupos de similaridade segundo o método e o critério de corte adotados, evidenciando diferenças edafoclimáticas que podem ser consideradas no planejamento de futuros ensaios multilocais, incluindo localidades com diferentes perfis edafoclimáticos, além do critério de proximidade geográfica.

A análise permitiu priorizar genótipos com maior produtividade média predita no CEUFS, considerando os critérios adotados no estudo com maior produtividade média predita e menor variabilidade temporal entre as safras avaliadas no CEUFS. Contudo, esse ranking deve ser interpretado como válido prioritariamente para o subambiente representado pelo Ambiente 3.

A articulação entre a delimitação geoespacial da TPE proposta, a caracterização edafoclimática das localidades e a triagem genotípica no CEUFS constitui uma base quantitativa preliminar para o planejamento inicial de uma futura rede experimental multilocal de milho no Alto Sertão Sergipano.

A próxima etapa consiste na implementação sistemática de ensaios multilocais em localidades selecionadas com base na estratificação ambiental, na distância aos centroides dos grupos, na importância agrícola e na viabilidade operacional orientados pelo mapa da TPE, de modo a avaliar a produtividade, a estabilidade do ordenamento e os padrões de adaptação ampla

ou específica dos genótipos priorizados e subsidiar futuras recomendações para o Alto Sertão Sergipano.

6.5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABAKEMAL, D.; SHIMELIS, H.; DERERA, J. Genotype-by-environment interaction and yield stability of quality protein maize hybrids developed from tropical-highland adapted inbred lines. **Euphytica**, v. 209, p. 757-769, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1673-7>.
- ALLEN, F. L.; COMSTOCK, R. E.; RASMUSSEN, D. C. Optimal environments for yield testing. **Crop Science**, v. 18, n. 5, p. 747-751, 1978. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1978.0011183X001800050013x>
- ALLEN, R. G.; PEREIRA, L. S.; RAES, D.; SMITH, M. **Crop evapotranspiration: guidelines for computing crop water requirements**. Rome: FAO, 1998. (FAO Irrigation and Drainage Paper, 56).
- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; DE MORAES GONÇALVES, J. L.; SPAROVEK, G. Mapa de classificação climática de Köppen para o Brasil. - **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22 n. 6, p. 711-728, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>.
- ATLIN, G. N.; COOPER, M.; BJØRNSTAD, Å. A comparison of formal and participatory breeding approaches using selection theory. **Euphytica**, Wageningen, v. 122, n. 3, p. 463-475, 2000.
- BÄNZIGER, M.; SETIMELA, P. S.; HODSON, D.; VIVEK, B. Breeding for improved abiotic stress tolerance in maize adapted to southern Africa. **Agricultural Water Management**, v. 80, n. 1-3, p. 212-224, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2005.07.014>
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015. DOI: <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>.
- BLUM, A. **Plant breeding for water-limited environments**. New York: Springer, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-1-4419-7491-4>
- BORCARD, D.; GILLET, F.; LEGENDRE, P. **Numerical Ecology with R**. 2. ed. New York: Springer, 2018. 435 p.
- BOUMA, J. Engaging Soil Science in Transdisciplinary Research Facing “Wicked” Problems in the Information Society. **Soil Science Society of America Journal**, v. 79, n. 2, p. 454-458, 2015. DOI: <https://doi.org/10.2136/sssaj2014.11.0470>.
- BRITO, S. S. B.; CUNHA, A. P. M. A.; CUNNINGHAM, C. C.; ALVALÁ, R. C.; MARENGO, J. A.; CARVALHO, M. A. Frequency, duration and severity of drought in the Semiarid Northeast Brazil region. **International Journal of Climatology**, v. 38, n. 2, p. 517-529, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1002/joc.5225>
- CALLISTER, A. N.; COSTA-NETO, G.; BRADSHAW, B. P.; ELMS, S.; CROSSA, J.; BRAUNER, J. T. Enviromic prediction enables the characterization and mapping of

Eucalyptus globulus Labill breeding zones. **Tree Genetics & Genomes**, v. 20, n. 1, art. 3, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11295-023-01636-4>.

CARVALHO, H. W. L. de; CARDOSO, M. J.; LIRA, M. A.; GUIMARÃES, P. E. O.; CAVALCANTE, M. H. B.; RIBEIRO, S. S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho no Nordeste brasileiro no triênio 2006–2008. **Agrotrópica**, v. 25, n. 1, p. 19-26, 2013.

CHAPMAN, S. C.; CHAKRABORTY, S.; DRECCER, M. F.; HOWDEN, S. M. Plant adaptation to climate change: opportunities and priorities in breeding. **Crop and Pasture Science**, v. 63, n. 3, p. 251-268, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1071/CP11303>.

CHENU, K.; COOPER, M.; HAMMER, G. L.; MATHEWS, K.; DRECCER, M. F.; CHAPMAN, S. C. Environment characterization as an aid to wheat improvement: interpreting genotype-environment interactions by modelling water-deficit patterns in North-Eastern Australia. **Journal of Experimental Botany**, v. 62, n. 6, p. 1743-1755, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/erq459>.

COMSTOCK, R. E. Quantitative genetics and the design of breeding programs. In: POLLAK, E.; KEMPTHORNE, O.; BAILEY, T. B. (ed.). **Proceedings of the International Conference on Quantitative Genetics**. Ames: Iowa State University Press, 1977. p. 705-718.

COOPER, M.; MESSINA, C. D. Can we harness “enviromics” to accelerate crop improvement by integrating breeding and agronomy? **Frontiers in Plant Science**, v. 12, art. 735143, p. 1-19, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.735143>.

COSTA-NETO, G.; FRITSCHÉ-NETO, R. Enviromics: bridging different sources of data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. S, e389521S25, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21Sa25>.

COSTA-NETO, G.; FRITSCHÉ-NETO, R.; CROSSA, J. Nonlinear kernels, dominance, and envirotyping data increase the accuracy of genome-based prediction in multi-environment trials. **Heredity**, v. 126, n. 1, p. 92-106, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41437-020-00353-1>.

COSTA-NETO, G.; GALLI, G.; CARVALHO, H. F.; CROSSA, J.; FRITSCHÉ-NETO, R. EnvRtype: a software to interplay enviromics and quantitative genomics in agriculture. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 11, n. 4, jkab040, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab040>.

CRUZ, D. D. M.; HEINEMANN, A. B.; MARCATTI, G. E.; RESENDE, R. T. Defining the target population of environments (TPE) for enviromics studies using R-based GIS tools. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 25, n. 1, e48952519, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332024v25n1s09>.

DE LOS CAMPOS, G.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; BOGARD, M.; GOUACHE, D.; CROSSA, J. Uma plataforma de simulação baseada em dados para prever o desempenho de cultivares sob condições climáticas incertas. **Nature Communications**, v. 11, n. 1, p. 4876, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-020-18480-y>.

EVERITT, B. S.; LANDAU, S.; LEESE, M.; STAHL, D. **Cluster Analysis**. 5. ed. Chichester: Wiley, 2011. 330 p.

FAO; IFAD; UNICEF; WFP; WHO. **The State of Food Security and Nutrition in the World 2018**: building climate resilience for food security and nutrition. Roma: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2018. Disponível em: <http://www.fao.org/3/I9553EN/i9553en.pdf>.

Farré, I.; FACI, J. M. Comparative response of maize (*Zea mays* L.) and sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) to deficit irrigation in a Mediterranean environment. **Agricultural Water Management**, v. 83, n. 1-2, p. 135-143, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2005.11.001>.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. **Crop Science**, v. 37, n. 2, p. 311-326, 1997. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700020002x>.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials**: AMMI analysis of factorial designs. Amsterdam: Elsevier, 1992.

HATFIELD, J. L.; PRUEGER, J. H. Temperature extremes: Effect on plant growth and development. **Weather and Climate Extremes**, v. 10, p. 4-10, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.wace.2015.08.001>

HEINEMANN, A. B.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; SOUZA, T. L. P. O.; DIDONET, A. D.; FRANCA, J. G. E. Drought impact on rainfed common bean production areas in Brazil. **Agricultural and Forest Meteorology**, Amsterdam, v. 225, p. 59-74, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2016.05.010>

JOLLIFFE, I. T. **Principal Component Analysis**. 2. ed. New York: Springer, 2002. 487 p.

KIEM, A. S.; JOHNSON, F.; WESTRA, S.; VAN DIJK, A.; EVANS, J.P.; O'DONNELL, A.; ROUILLARD, A.; BARR, C.; TYLER, J.; THYER, M.; JAKOB, D.; WOLDEMESKEL, F.; SIVAKUMAR, B.; MEHROTRA, R. Natural hazards in Australia: droughts. **Climatic Change**, [s. l.], v. 139, n. 1, p. 37-54, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10584-016-1798-7>

LOBELL, D. B.; ROBERTS, M. J.; SCHLENKER, W.; BRAUN, N.; LITTLE, B. B.; REJESUS, R. M.; HAMMER, G. L. Greater sensitivity to drought accompanies maize yield increase in the U.S. Midwest. **Science**, v. 344, n. 6183, p. 516-519, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1251423>

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J.-M.; VAN EEUWIJK, F. A. The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology**, v. 4, art. 44, p. 1-17, 2013. DOI: <https://doi.org/10.3389/fphys.2013.00044>.

MARENGO, J. A.; ALVES, L. M.; ALVALA, R. C. S.; CUNHA, A. P.; BRITO, S.; MORAES, O. L. L. Climatic characteristics of the 2010–2016 drought in the semiarid Northeast Brazil region. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 89, n. 3, p. 1973-1998, 2017. <https://doi.org/10.1590/0001-3765201720170206>

MARENGO, J. A.; CUNHA, A. P.; ALVES, L. M. A seca de 2012-15 no semiárido do Nordeste do Brasil no contexto histórico. **Climanálise**, Cachoeira Paulista, v. 1, p. 1-6, 2017.

NIMER, E. **Climatologia Do Brasil**. 2. Ed. Rio De Janeiro: Ibge, 1989. 422 p.

PEBESMA, E.; BIVAND, R. **Spatial Data Science**: with applications in R. 1. ed. Boca Raton: CRC Press, 2023.

PIEPHO, H.-P.; MÖHRING, J. Best linear unbiased prediction of cultivar effects for subdivided target regions. **Crop Science**, v. 45, n. 3, p. 1151-1159, 2005. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0398>.

POGGIO, L.; DE SOUSA, L. M.; BATJES, N. H.; HEUVELINK, G. B. M.; KEMPEN, B.; RIBEIRO, E.; ROSSITER, D. SoilGrids 2.0: producing soil information for the globe with quantified spatial uncertainty. **SOIL**, v. 7, p. 217-240, 2021.

RESENDE, M. D. V. *et al.* Genotype $\times$ environment interaction in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. esp., e389121S, 2021.

RESENDE, R. T.; PIEPHO, H.-P.; ROSA, G. J. M.; SILVA-JUNIOR, O. B.; SILVA, F. F.; RESENDE, M. D. V. de; GRATTAPAGLIA, D. Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 134, n. 1, p. 95-112, 2021.

RESENDE, R. T.; HICKEY, L.; AMARAL, C. H.; PEIXOTO, L. L.; MARCATTI, G. E.; XU, Y. Satellite-enabled enviromics to enhance crop improvement. **Molecular Plant**, v. 17, n. 6, p. 848-866, 2024.

RESENDE, R. T.; XAVIER, A.; SILVA, P. I. T.; RESENDE, M. P. M.; JARQUIN, D.; MARCATTI, G. E. GIS-based G $\times$ E modeling of maize hybrids through enviromic markers engineering. **New Phytologist**, v. 245, n. 1, p. 102-116, 2025.

ROUSSEEUW, P. J. Silhouettes: a graphical aid to the interpretation and validation of cluster analysis. **Journal of Computational and Applied Mathematics**, v. 20, p. 53-65, 1987.

SPARKS, A. H. nasapower: A NASA POWER Global Meteorology, Surface Solar Energy and Climatology Data Client for R. **Journal of Open Source Software**, v. 3, n. 30, p. 1035, 2018.

WARD, J. H. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American Statistical Association**, v. 58, p. 236-244, 1963.

WILKS, D. S. **Statistical Methods in the Atmospheric Sciences**. 3. ed. Oxford: Academic Press, 2011. 676 p.

XU, Y.; ZHANG, X.; LI, H.; ZHENG, H.; ZHANG, J.; OLSEN, M. S.; VARSHNEY, R. K.; PRASANNA, B. M.; QIAN, Q. Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-enviromic prediction. **Molecular Plant**, v. 15, n. 11, p. 1664-1695, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.09.001>.

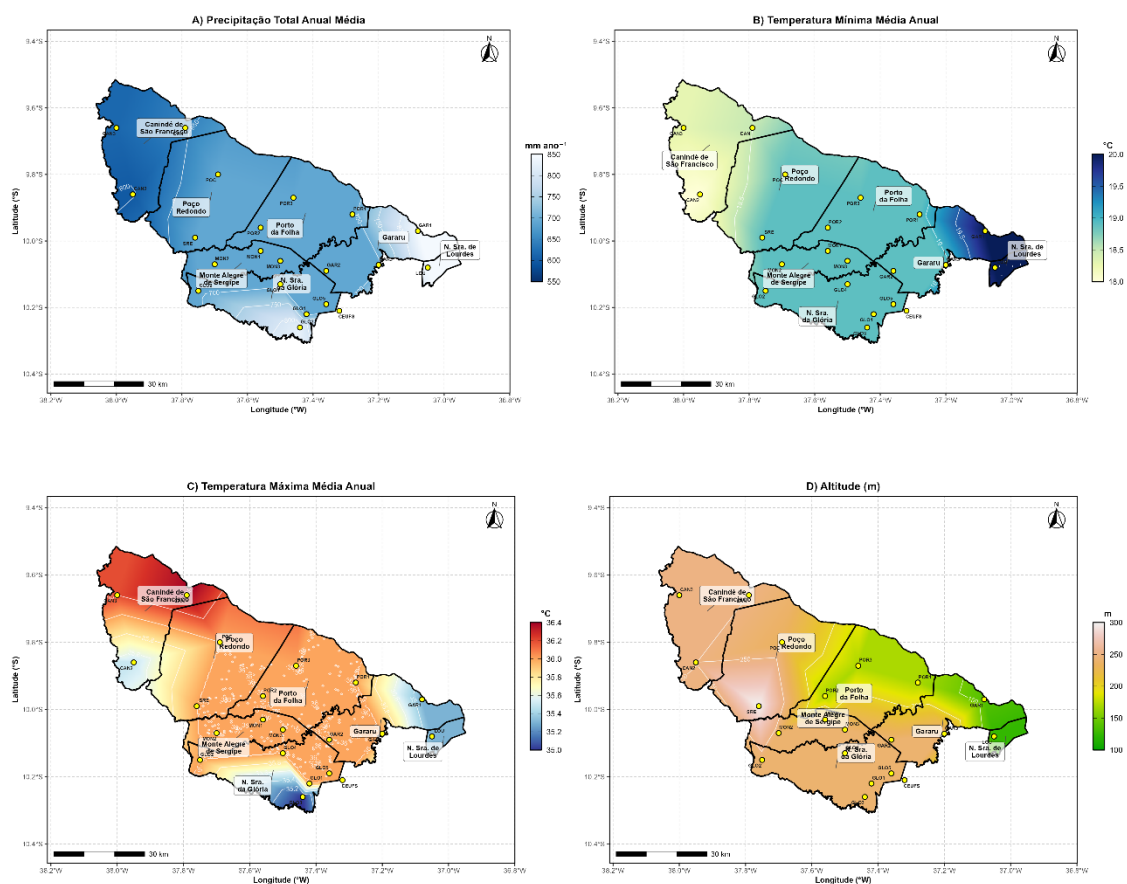
YAN, W.; NILSEN, K. T.; BEATTIE, A. Mega-environment analysis and breeding for specific adaptation. **Crop Science**, v. 63, n. 2, p. 480-494, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20895>.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot Analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. 1. ed. Boca Raton: CRC Press, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1201/9781420040371>.

YAN, W. *et al.* Genotype-by-environment interaction and mega-environment investigation of spring wheat in multi-environment trials. **Crop Science**, v. 62, n. 1, p. 267-284, 2022.

ANEXO 1 – Figuras Suplementares

Caracterização Climática e Altimétrica da População-Alvo de Ambientes (TPE)
Alto Sertão de Sergipe, Brasil



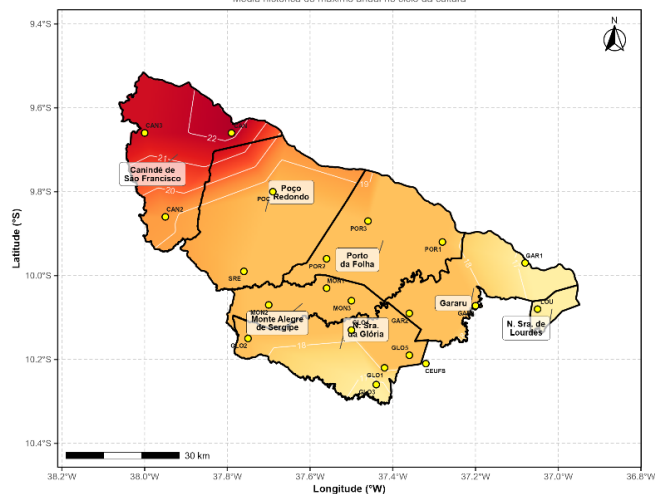
Fonte: INSA POWER/Elaborado por: Gabriel O. Martins

Figura suplementar 1. Mapas das isoietas de precipitação total (A), temperatura mínima (B), temperatura máxima (C) e altitude (D) do Alto Sertão Sergipano, baseado na média nos dados históricos.

Indicadores de Risco Climático no Ciclo do Milho
População-Alvo de Ambientes (TPE) — Alto Sertão de Sergipe, Brasil

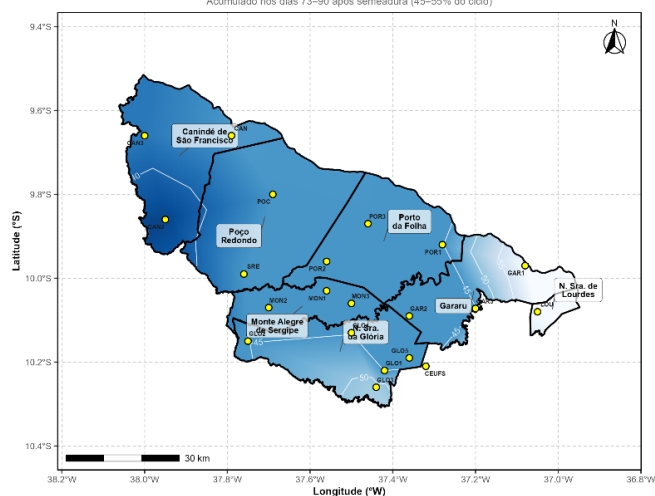
A) Dias Secos Consecutivos Máximos (DSC)

Média histórica do máximo anual no ciclo da cultura



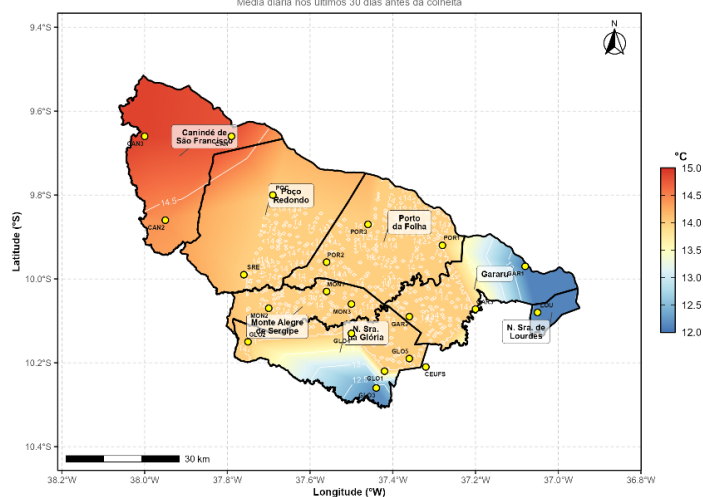
B) Precipitação no Florescimento

Acumulada nos dias 73-90 após semeadura (45-55% do ciclo)



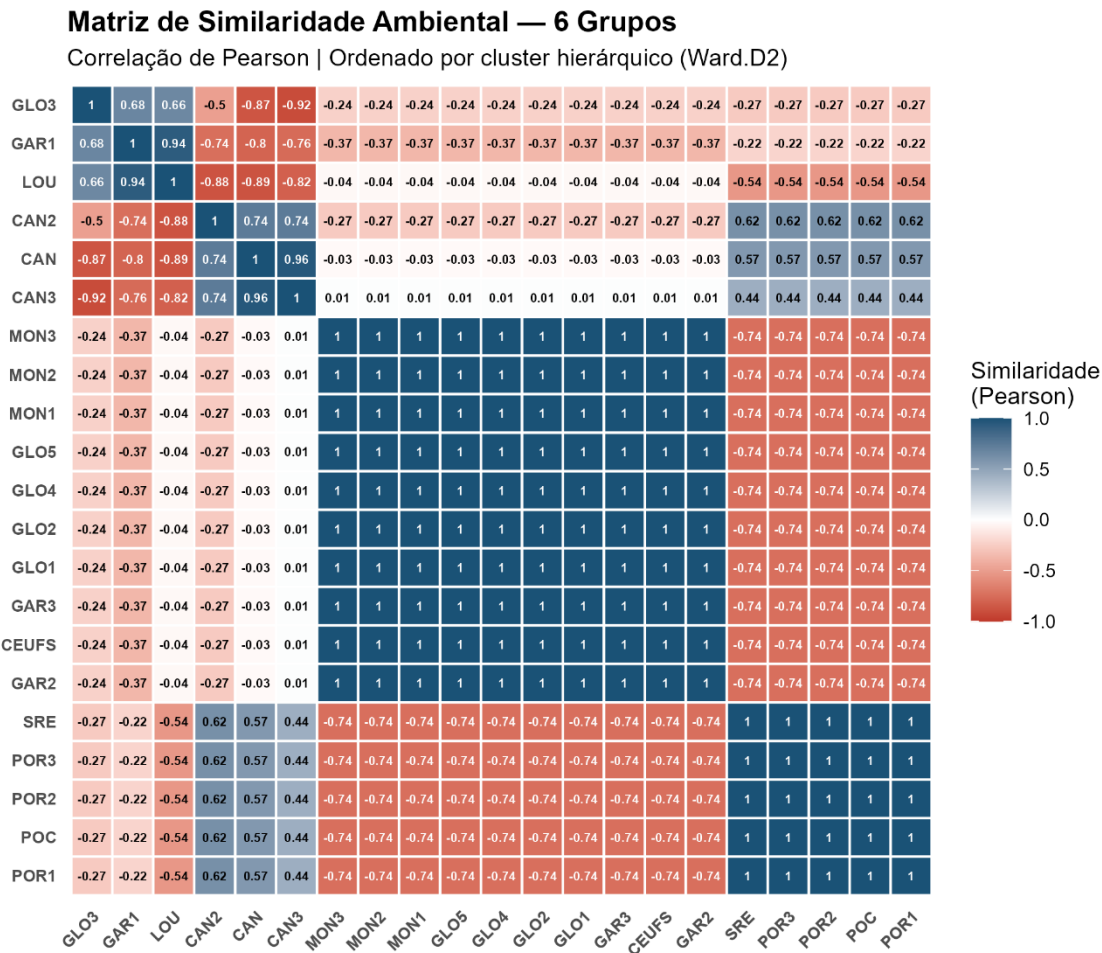
C) Amplitude Térmica na Fase Reprodutiva

Média diária nos últimos 30 dias antes da colheita



Fonte: NASA POWER (National Aeronautics and Space Administration) — Elaborado por: Gabriel O. Martins.

Figura suplementar 2. Indicadores de Risco Climático no ciclo do milho: Dias secos consecutivos máximos (DSC) (A), precipitação pluviométrica no florescimento (B), Amplitude térmica na fase reprodutiva (C).



Alto Sertão Sergipano | 2001-2023 | k = 6

Figura suplementar 3. Matriz de similaridade ambiental entre as 21 localidades, calculada pela correlação de Pearson entre os perfis climáticos padronizados e ordenada pelo agrupamento hierárquico Ward.D2

7. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Esta tese propôs e aplicou um arcabouço metodológico que articula *envirotyping*, estratificação ambiental, delimitação geoespacial da TPE e seleção multicaracterística pelo índice MTMPS para subsidiar o planejamento de programas de melhoramento e a futura validação de cultivares de milho em regiões semiáridas. Aplicado em escala regional ao Nordeste brasileiro, com dez campos experimentais, 19 covariáveis ambientais e série climatológica de 23 anos, o *envirotyping* organizou os ambientes avaliados em quatro grupos de similaridade ambiental, nos quais o MTMPS identificou híbridos superiores em produtividade, estabilidade e características agrônômicas simultâneas, superando amplamente a abordagem univariada tradicional baseada exclusivamente em produtividade de grãos.

No Alto Sertão Sergipano, a delimitação geoespacial da TPE, construída a partir das coordenadas das 21 localidades georreferenciadas utilizadas na caracterização ambiental, distribuídas nos sete municípios, permitiu propor a organização das 21 localidades em seis grupos de similaridade edafoclimática, associados principalmente a diferenças de precipitação, regime térmico, textura do solo, CTC e carbono orgânico, que variam desde os perfis de maiores temperaturas, maior amplitude térmica e menor disponibilidade hídrica relativa observados nas localidades de Canindé de São Francisco até os perfis de maior precipitação e maiores valores estimados de CTC e carbono orgânico, observados nas localidades do setor leste. Assim, demonstrou-se que ensaios conduzidos exclusivamente no Campo Experimental da UFS (CEUFS), válidos para o Ambiente 3, o grupo que reuniu o maior número de localidades e incluiu o CEUFS, não permitem avaliar o desempenho dos genótipos nem a interação genótipo $\times$ localidade nos demais grupos ambientais da TPE proposta.

A avaliação de 352 genótipos no CEUFS, analisada por modelos mistos via REML/BLUP, priorizou os cultivares AGR Vereda, NS80VIP3, GNZ59, GNZ15 e AG8780 entre os materiais com maior desempenho médio predito no CEUFS, segundo os critérios adotados com alto desempenho predito e menor variabilidade temporal nas safras em que foram avaliados no CEUFS. Em conjunto com o mapa geoespacial da TPE e as covariáveis ambientais mapeadas, esses resultados fornecem critérios ambientais preliminares para o planejamento de uma futura rede experimental multilocal do Alto Sertão Sergipano, considerando localidades pertencentes aos diferentes grupos ambientais e a estabilidade da classificação obtida, permitindo formular a hipótese de que uma seleção criteriosa de localidades poderá tornar a futura rede mais eficiente, hipótese que deverá ser avaliada por simulação ou validação empírica.

A manutenção da cobertura ambiental e da precisão seletiva deverá ser verificada por simulações e ensaios multilocais. Uma eventual redução de locais poderá diminuir custos, mas

esse benefício deverá ser avaliado por análise econômica que considere deslocamento, infraestrutura, repetições, anos e risco de perda de informação. A eficiência para detectar a interação genótipo $\times$ ambiente deverá ser comparada entre diferentes configurações da rede antes de qualquer redução do número de locais e subsidiar futuras recomendações de cultivares para o Alto Sertão Sergipano.