

**ESTRATÉGIAS DE FENOTIPAGEM NO MELHORAMENTO
GENÉTICO DO MILHO (*Zea mays* L.): DESENVOLVIMENTO DE
SUPERCARÁTER E RECOMENDAÇÃO DE HÍBRIDOS**

VIVANE MIRIAN LANHELLAS GONÇALVES

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2025**

**ESTRATÉGIAS DE FENOTIPAGEM NO MELHORAMENTO
GENÉTICO DO MILHO (*Zea mays* L.): DESENVOLVIMENTO DE
SUPERCARÁTER E RECOMENDAÇÃO DE HÍBRIDOS**

VIVANE MIRIAN LANHELLAS GONÇALVES

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2025

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

G635

Gonçalves, Vivane Mirian Lanhellas.

Estratégias de fenotipagem no melhoramento genético do milho (*Zea mays* L.) :
Desenvolvimento de supercaráter e recomendação de híbridos / Vivane Mirian Lanhellas
Gonçalves. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

151 f.

Bibliografia: 120 - 137.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do
Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2025.
Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. híbridos de milho. 2. fenotipagem digital. 3. rendimento de grãos. 4. adaptabilidade e
estabilidade. 5. supercaráter. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II.
Título.

CDD - 631.5233

ESTRATÉGIAS DE FENOTIPAGEM NO MELHORAMENTO
GENÉTICO DO MILHO (*Zea mays* L.): DESENVOLVIMENTO DE
SUPERCARATER E RECOMENDAÇÃO DE HÍBRIDOS

VIVANE MIRIAN LANHELLAS GONÇALVES

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

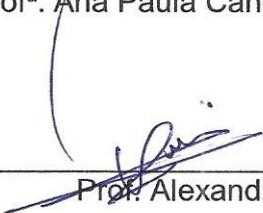
Aprovada em 25 de fevereiro de 2025.

Comissão Examinadora:



Documento assinado digitalmente
ANA PAULA CANDIDO GABRIEL BERILLI
Data: 14/03/2025 22:02:29-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a. Ana Paula Candido Gabriel Berilli (D.Sc., Genética e Melhoramento de
Plantas) - IFES/Campus Alegre



Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF



Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph. D., Plant Breeding) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

À minha mãe e à minha irmã,
por estarem sempre ao meu lado,
oferecendo amor, força e apoio em
cada etapa da minha jornada.

E ao meu pai, que, embora não esteja mais
entre nós, permanece sempre
presente em meu coração.

Dedico esta conquista

AGRADECIMENTOS

À minha fé e a Deus, que, mesmo escrevendo a vida por linhas tortas, conduziram ao final certo e feliz, sempre me fazendo acreditar no futuro.

À minha mãe, Aldineia e à minha irmã, Frances, por estarem sempre ao meu lado e, mesmo diante de tantas dificuldades e momentos difíceis, nunca deixaram de me apoiar, amar, fortalecer e acreditar em mim.

Ao meu pai, Pedro, que perdi no início do meu mestrado, dedico todo o meu esforço. Sei que ele estará sempre comigo em todos os momentos da minha vida.

Ao meu namorado, Franklim, por seu amor, companheirismo, amizade e por todo apoio e ajuda neste trabalho. Obrigada por me incentivar, encorajar e fazer com que eu acreditasse em mim mesma.

À UENF, por tornar realidade o sonho de cursar a faculdade, o mestrado e continuar nessa caminhada agora no doutorado.

À CAPES, pelo apoio financeiro através da bolsa de doutorado, e à FAPERJ/UENF, pelo financiamento deste projeto. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Ao meu orientador, Prof. Messias Gonzaga Pereira, pela confiança depositada em mim, permitindo-me realizar este trabalho, e por sua excelente orientação.

Aos meus amigos de laboratório, Jocarla, Juliana e Renato, por toda amizade, parceria, ajuda e apoio, tanto no campo quanto nas análises.

Ao técnico agrícola, senhor José Manoel, por sua ajuda, apoio e pelos ensinamentos de campo. Ao Dr. Leandro Espanhol, pelo apoio em Itaocara, e ao Dr. Wanderson Rabelo por todo suporte em Cambuci.

Aos meus colegas Geferson, Hércules e Yure do Laboratório de Engenharia Agrícola (LEAG), e aos amigos Thalita, Carlos Henrique, Durval e Marcelo, por toda amizade, ajuda e apoio.

Aos funcionários de apoio no campo e aos seguranças do Colégio Agrícola Antônio Sarlo, em Itaocara e Cambuci.

Ao Daniel, secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por sua paciência e disposição em me auxiliar sempre que necessário.

Aos professores que contribuíram para minha formação durante o doutorado.

**A todos que me ajudaram de forma direta e indireta, meu MUITO
OBRIGADA!**

“Ninguém vê suas lutas, mas todos veem sua vitória”

SUMÁRIO

RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo Geral	4
2.2. Objetivo Específico	4
3. CAPÍTULOS	6
3.1. UENF 506 16: UMA NOVA ALTERNATIVA DE CULTIVAR DE MILHO COMUM PARA O ESTADO DO RIO DE JANEIRO	6
3.1.1. INTRODUÇÃO	6
3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA	7
3.1.2.1. Classificação botânica e origem do milho	7
3.1.2.2. Importância econômica	8
3.1.2.3. Melhoramento genético do milho na UENF	9
3.1.2.4. Valor de Cultivo e Uso (VCU)	11
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS	12
3.1.3.1. Processo de obtenção	12
3.1.3.2. Material genético e ensaios de avaliação	14
3.1.3.3. Características avaliadas	16
3.1.3.4. Análise Estatística	18
3.2.3.4.1. Análise de Variância	18
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	19

3.1.5. CONCLUSÃO.....	24
3.2. ANÁLISE DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE VIA GGE BILOT EM HÍBRIDOS DE MILHO SIMPLES, DUPLOS E INTERPOPULACIONAIS.....	25
3.2.1. INTRODUÇÃO.....	25
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	27
3.2.2.1. Adaptabilidade e Estabilidade na cultura do milho.....	27
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	28
3.2.3.1. Material Genético Vegetal.....	28
3.2.3.2. Ensaio de avaliação.....	29
3.2.3.3. Características avaliadas.....	30
3.2.3.4. Análise Estatística.....	31
3.2.3.4.1 Análise de Variância.....	31
3.2.3.4.2. Estimção dos Parâmetros Genéticos e componentes de variância.....	31
3.2.3.4.3. Análises de Adaptabilidade e Estabilidade.....	32
3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	32
3.2.4.1. Análise de variância e estimção dos parâmetros genéticos e componentes de variância.....	32
3.2.4.2. Análises de Adaptabilidade e Estabilidade.....	35
3.2.5. CONCLUSÕES.....	46
3.3. DESENVOLVIMENTO, VALIDAÇÃO E APLICAÇÃO DE METODOLOGIAS DE FENOTIPAGEM DIGITAL PARA AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS.....	47
3.3.1. INTRODUÇÃO.....	47
3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	49
3.3.2.1. Fenotipagem digital e suas aplicações no melhoramento de plantas.....	49
3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	51
3.3.3.1. Material genético.....	51
3.3.3.2. Local e instalação do experimento.....	51
3.3.3.3. Características avaliadas.....	52
3.3.3.4. Fenotipagem das características morfoagronômicas.....	52
3.3.3.5. Análise estatística.....	55
3.3.3.5.1. Análise estatística para validação da fenotipagem digital.....	55

3.3.3.5.2. Análise estatística para a aplicação da fenotipagem manual e digital.....	55
3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	57
3.3.4.1. Validação da fenotipagem digital.....	57
3.3.4.2. Aplicação da fenotipagem manual e digital	62
3.3.5. CONCLUSÕES	66
3.4. PROPOSTA E VALIDAÇÃO DE UM SUPERCARÁTER BASEADO EM IMAGENS DIGITAIS DE ESPIGAS PARA PREDIÇÃO DO RENDIMENTO DE GRÃOS.....	67
3.4.1. INTRODUÇÃO	67
3.4.2. REVISÃO DE LITERATURA	68
3.4.2.1. Supercaracteres na fenotipagem digital e sua relevância no melhoramento genético.....	68
3.4.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	70
3.4.3.1. Análise para estimativas e validação de volume de espiga via imagem digital	70
3.4.3.2. Análise para a estimação e validação do peso de grãos/espiga via imagem digital e desenvolvimento de supercaráter para estimativa de rendimento	70
3.4.3.3. Análise estatística para aplicação do supercaráter	71
3.4.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	73
3.4.4.1. Validação do volume de espiga, peso de grão e supercaráter para estimação de rendimento	73
3.4.4.2. Aplicação do supercaráter.....	76
3.4.5. CONCLUSÕES	80
3.5. CORRELAÇÃO ENTRE DIFERENTES VARIÁVEIS OBTIDAS POR DIFERENTES MÉTODOS DE FENOTIPAGEM NA AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO	82
3.5.1. INTRODUÇÃO	82
3.5.2. REVISÃO DE LITERATURA	84
3.5.2.1. Comparação entre métodos	84
3.5.2.2. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais	85
3.5.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	86
3.5.3.1. Material genético	86

3.5.3.2. Local e instalação do experimento	87
3.5.3.3. Características agronômicas avaliadas e avaliação com drone	87
3.5.3.4. Análise estatística	89
3.5.4. RESULTADO E DISCUSSÃO	89
3.5.4.1. Análise das correlações entre características agronômicas	90
3.5.4.2. Análise das correlações entre características agronômicas e índices de drone	95
3.5.5. CONCLUSÕES	119
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	120

RESUMO

Lanhellas Gonçalves, Vivane Mirian; D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, fevereiro de 2025. Estratégias de fenotipagem no melhoramento genético do milho (*Zea mays* L.), desenvolvimento de supercaráter e recomendação de híbridos. Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira. Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

O melhoramento genético do milho tem se beneficiado dos avanços da fenotipagem digital, consolidada como uma ferramenta promissora na agricultura, permitindo medições mais rápidas e precisas de características morfoagronômicas e fisiológicas. Este estudo teve como objetivo a realização do ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) do híbrido UENF 506 16, promover estratégias de fenotipagem digital na seleção de híbridos de milho, desenvolver e validar metodologias baseadas na análise de imagens para a estimativa de características morfoagronômicas e do rendimento de grãos. Os experimentos foram conduzidos em duas épocas de cultivo, em três locais do Rio de Janeiro, totalizando seis ambientes. Foram avaliados híbridos desenvolvidos pelo programa de melhoramento da UENF e híbridos comerciais. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições, e a unidade experimental consistiu em quatro fileiras de 4m, totalizando 80 plantas. As avaliações foram realizadas por fenotipagem manual, fenotipagem digital (câmera e scanner de proximidade) e fenotipagem digital com drone (VANT). Os dados foram analisados estatisticamente por análise de variância individual e conjunta, GGE biplot, predição de rendimento via supercaráter e correlações genéticas das características

morfoagronômicas. No primeiro capítulo, o objetivo foi a condução do VCU do híbrido UENF 506 16, garantindo sua recomendação para a região. Os resultados confirmaram seu potencial agrônomo e produtividade, levando ao registro do híbrido como uma opção viável para produtores das regiões Norte e Noroeste Fluminense. O segundo capítulo teve como objetivo avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos híbridos de milho por meio do GGE biplot. Os resultados indicaram que os híbridos da UENF apresentaram estabilidade produtiva, confirmando uma alternativa promissora para os produtores das regiões Norte e Noroeste Fluminense. No terceiro capítulo, o objetivo foi desenvolver e validar uma metodologia de fenotipagem digital para estimar as características morfoagronômicas, como altura de planta e espiga, comprimento e diâmetro de espiga. A fenotipagem digital demonstrou alta precisão e confiabilidade quando comparada à manual, reduzindo significativamente o tempo e o esforço para a coleta de dados. No quarto capítulo foi avaliada a predição do rendimento de grãos por meio da fenotipagem digital (câmera e scanner). Foi proposto um supercaráter com características morfoagronômicas digitais e os resultados indicaram que essa abordagem permitiu estimativas precisas do peso de grãos por espiga, destacando a fenotipagem digital como uma ferramenta robusta para auxiliar no melhoramento genético, na predição da produtividade de grãos em milho. No quinto capítulo, avaliaram-se correlações genóticas, fenóticas e ambientais das características morfoagronômicas obtidas pelos métodos manual e digital (câmera, scanner e drone), em que se observou alta correlação entre as metodologias. Os resultados deste estudo demonstram que a fenotipagem digital é uma ferramenta promissora para a seleção de híbridos de milho, permitindo estimativas precisas das características agrônômicas e do rendimento de grãos. Sua integração a programas de melhoramento pode otimizar a seleção de genótipos superiores e contribuir para avanços na agricultura de precisão.

Palavras-chave: híbridos de milho; fenotipagem digital; rendimento de grãos; adaptabilidade e estabilidade; supercaráter

ABSTRACT

Lanhellas Gonçalves, Vivane Mirian; D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, fevereiro de 2025. Phenotyping strategies in maize (*Zea mays* L.) breeding, supertrait development, and hybrid recommendation. Advisor: Prof. Messias Gonzaga Pereira. Counsellors: Prof. Alexandre Pio Viana and Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior.

Maize breeding has significantly benefited from advances in digital phenotyping, which has emerged as a promising tool in agriculture, enabling faster and more accurate measurements of morphoagronomic and physiological traits. This study aimed to conduct a value for cultivation and use (VCU) trial for the UENF 506 16 hybrid, promote digital phenotyping strategies for maize hybrid selection, and develop and validate image analysis-based methodologies for estimating morphoagronomic traits and grain yield. The experiments were conducted in two cropping seasons across three locations in Rio de Janeiro, totaling six environments. Hybrids developed by the UENF breeding program and commercial hybrids were evaluated. A randomized block design with four replicates was used, and the experimental unit consisted of four rows of 4 m, totaling 80 plants. Evaluations were performed using manual phenotyping, digital phenotyping (camera and proximity scanner), and drone-based phenotyping (UAV). Data were statistically analyzed using individual and combined analysis of variance, GGE biplot, yield prediction using a supertrait, and genetic correlations of morphoagronomic traits. In the first chapter, the VCU trial for the UENF 506 16 hybrid aimed to ensure its recommendation for the region. Results confirmed its

agronomic potential and productivity, leading to the registration of the hybrid as a viable option for producers in the North and Northwest regions of Rio de Janeiro. The second chapter evaluated the adaptability and stability of maize hybrids using the GGE biplot, confirming the stability of UENF hybrids, making them a promising alternative for local producers. The third chapter focused on developing and validating a digital phenotyping methodology to estimate morphoagronomic traits such as plant and ear height, ear length, and diameter. Digital phenotyping showed high accuracy and reliability compared to manual methods, significantly reducing data collection time and effort. The fourth chapter evaluated grain yield prediction using digital phenotyping (camera and scanner). A supertrait was proposed, combining digital morphoagronomic characteristics, providing accurate estimates of grain weight per ear. The fifth chapter assessed genotypic, phenotypic, and environmental correlations of morphoagronomic traits obtained through manual and digital methods (camera, scanner, and drone), revealing high correlations between methodologies. The results of this study demonstrate that digital phenotyping is a promising tool for maize hybrid selection, providing accurate estimates of agronomic traits and grain yield. Its integration into breeding programs can optimize the selection of superior genotypes and contribute to advancements in precision agriculture.

Keywords: maize hybrids; digital phenotyping; grain yield; adaptability and stability; supertrait.

1.INTRODUÇÃO

O cultivo da cultura do milho (*Zea mays* L.) é de grande importância econômica e social. Por apresentar grande variabilidade genética e genótipos bem distintos, possibilita o seu cultivo nas mais distintas condições edafoclimáticas e tecnológicas, consolidando-se como uma das espécies agrícolas de maior importância mundial, sendo amplamente cultivada em praticamente todos os continentes. (Môro e Fritsche Neto, 2015).

Esse cereal está presente em diversas situações do cotidiano, sendo utilizado na alimentação humana e animal, além de desempenhar um papel importante como fonte de biocombustível. Atualmente, a produção mundial do milho está concentrada nos Estados Unidos, China e Brasil, respectivamente. No Brasil, a cultura do milho ocupa o segundo lugar, em área e produção de grãos, sendo superada apenas pela cultura da soja (Fiesp, 2024).

Com a modernização da agricultura ao longo dos anos e a importância do milho no cenário mundial, o melhoramento genético é uma das formas mais vantajosas para se conseguir incrementos na produtividade agrícola e na qualidade dos grãos (Hallauer et al., 2010). Nesse contexto, a realização de testes de Valor de Cultivo e Uso (VCU) é essencial para validar o desempenho agrônômico de novos genótipos. Esses ensaios avaliam características como produtividade, sanidade e estabilidade, fornecendo subsídios para o registro de novas cultivares junto ao Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA), garantindo a competitividade e adaptabilidade às condições edafoclimáticas locais (Cruz e Carneiro, 2012).

Além disso, os estudos de adaptabilidade e estabilidade têm papel fundamental para identificar genótipos superiores em diferentes ambientes. Técnicas como o método de Eberhart e Russell (1966) e a análise GGE Biplot (Yan et al., 2000) são amplamente utilizadas para avaliar a interação genótipo x ambiente (GxA), destacando materiais genéticos mais consistentes e responsivos, especialmente para pequenos produtores que demandam cultivares com menor custo e ampla adaptabilidade.

Apesar dos diversos estudos, as avaliações majoritariamente, são realizadas de forma manual e se baseiam em vastas operações de campo e/ou laboratório, resultando em maior demanda de tempo e custo nos programas de melhoramento (Fritsche-Neto e Borém, 2016; Tanger et al., 2017). Na última década, aumentou-se o interesse pela aplicação de técnicas de fenotipagem de alto rendimento, incluindo o uso de drones, para a coleta de dados fenotípicos de forma rápida, precisa e não destrutiva, para inferir sobre características agrônômicas em programas de melhoramento genético em algumas espécies (Makanza et al., 2018a; Araus et al., 2018; Maciel et al., 2019). Sua capacidade de gerar informações precisas e rápidas, com baixo custo e sem prejudicar o ciclo das culturas, permite análises em grandes volumes de dados e com um número elevado de indivíduos, otimizando os programas de seleção de genótipos (Fritsche-Neto e Borém, 2016).

A aplicação de tecnologias de fenotipagem digital tem sido uma alternativa promissora no estudo de culturas como o milho, devido à sua eficiência e à capacidade de fornecer informações detalhadas sobre características morfológicas e fisiológicas. A fenotipagem digital permite a obtenção de dados como volume e peso dos frutos (Cortes et al., 2017; Santa Catarina et al., 2018) e pode ser aplicada também para estimativas do rendimento de grãos por meio de variáveis como o volume e o peso das espigas. Esses dados, quando combinados, oferecem uma maneira inovadora de desenvolver supercaracteres para a predição do rendimento de grãos, otimizando o processo de seleção em programas de melhoramento genético. Além disso, a comparação entre metodologias digitais e tradicionais tem mostrado uma alta correlação, o que fortalece o potencial das imagens digitais como ferramentas de validação e predição de rendimento (Cortes et al., 2018; Abebe et al., 2020).

Os drones, equipados com câmeras RGB e sensores específicos, têm se mostrado ferramentas eficazes na identificação de genótipos superiores, permitindo a avaliação de características como altura de plantas, índice de área foliar e estimativas de rendimento com alta resolução temporal e espacial (Silva et al., 2020). A fenotipagem de alto desempenho tem se mostrado uma alternativa promissora, por apresentar rapidez, alta precisão e baixo custo na obtenção de informações fenotípicas no decorrer do ciclo da cultura, de modo não destrutivo e em uma grande quantidade de indivíduos (Fritsche-Neto e Borém, 2016).

Dessa forma, verifica-se a necessidade de desenvolver metodologias de fenotipagem de baixo custo que possam ser mais eficazes, executadas em menor tempo e com maior precisão na avaliação de características fenotípicas do milho. A validação da fenotipagem digital como uma metodologia eficiente para estimativas precisas do rendimento de grãos é, portanto, um passo fundamental no desenvolvimento de novos modelos e abordagens para a predição de produtividade nas culturas agrícolas.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Desenvolver e validar a eficiência da fenotipagem digital para análise e processamento de imagens aplicadas na avaliação e seleção de híbridos de milho, visando sua utilização nas regiões Norte e Noroeste Fluminense, incluindo o ensaio para o registro da cultivar UENF 506 16.

2.2. Objetivo Específico

- Realizar o ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) para o híbrido UENF 506 16, e obter seu registro;
- Avaliar o desempenho de híbridos de milho por meio da análise GGE biplot, bem como avaliar sua adaptabilidade e estabilidade em diferentes ambientes das regiões do Norte/Noroeste Fluminense;
- Desenvolver e validar uma metodologia de análise e processamento de imagem digital aplicada à estimação de características morfoagronômicas em milho utilizando câmera e scanner;
- Avaliar a eficiência da fenotipagem digital em híbridos de milho do programa de melhoramento genético da UENF por análise de imagem digital, utilizando câmeras e scanner;

- Propor um supercaráter baseado em imagens digitais para estimar o rendimento de grãos por hectare, considerando dados obtidos por câmeras e scanner;
- Analisar as correlações genéticas, fenotípicas e ambientais das características agronômicas, obtidas por fenotipagem convencional e fenotipagem digital, considerando os diferentes métodos de captura de imagens.

3. CAPÍTULOS

3.1. UENF 506 16: UMA NOVA ALTERNATIVA DE CULTIVAR DE MILHO COMUM PARA O ESTADO DO RIO DE JANEIRO

3.1.1. INTRODUÇÃO

A cultura do milho (*Zea mays* L.), possui grande importância econômica e social, sendo considerada uma das culturas mais importantes no cenário agrícola mundial. Além de ser o cereal mais cultivado no mundo, destaca-se pela sua diversidade de usos, que vão desde a alimentação humana, alimentação animal até a indústria de alta tecnologia, como produção de biocombustíveis.

Atualmente a produção mundial do milho está concentrada nos Estados Unidos, China e Brasil, com produção estimada para a safra 2023/2024 de 382,7, 288,8 e 122,0 milhões de toneladas respectivamente. No Brasil, a cultura ocupa o segundo lugar em área e produção de grãos, sendo superada apenas pela cultura da soja (Fiesp, 2024; Conab 2024).

O potencial de rendimento do milho deve-se, em grande parte, ao melhoramento genético, uma das formas mais vantajosas para se promover incrementos na produtividade agrícola e na qualidade dos grãos (Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2012). Com o intuito de obter cultivares com potencial genético

para rendimento de grãos, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) mantém um programa de melhoramento genético de milho, tendo atuado nesse sentido com grande eficiência em estratégias e métodos de seleção de materiais e desde 1996, já desenvolveu e disponibilizou híbridos para as regiões Norte e Noroeste Fluminense do estado do Rio de Janeiro.

A cultivar mais recente obtida pelo programa foi denominada de UENF 506 16. Este híbrido foi submetido ao teste de Valor para Cultivo e Uso (VCU). Os testes de VCU são essenciais para o registro de novas cultivares. Uma vez registrada pelo Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA 2024), a cultivar está disponível no sistema do Cadastro Nacional de Cultivares (RNC) e, assim, disponível para os produtores das regiões do Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro, contribuindo para o desenvolvimento econômico da cultura nessas regiões.

3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.1.2.1. Classificação botânica e origem do milho

O milho (*Zea mays* L.) é considerado uma das plantas cultivadas mais antigas do continente americano, com origem estimada entre sete e dez mil anos atrás, no México e na América Central, sendo também um dos vegetais superiores mais estudados (Galinat, 1995; Paterniani et al., 2000). Há inúmeras hipóteses sobre a origem do milho, sendo a mais consistente e aceita é a que demonstra que o milho descende do teosinte, uma gramínea com várias espigas sem sabugo, capaz de cruzar naturalmente com o milho e gerar descendentes férteis (Galinat, 1974 e 1977; Goodman e Smith, 1987; Paterniani e Campos, 2005; Kistler et al., 2018).

O milho é uma gramínea, pertencente à família Poaceae, da tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L.. Trata-se de uma espécie alógama, que apresenta fecundação cruzada, metabolismo C4, ciclo anual, robusta, ereta e diplóide, com $2n=2x=20$ cromossomos (Paterniani, 1980 e 2000).

A planta de milho apresenta porte ereto, com altura variando entre 1,0 e 3,5 metros, de acordo com as variedades. Possui caule do tipo colmo, de calibre

robusto, folhas largas, planas e pontiagudas, sendo eficientes em fotossíntese (Bull, 1993). É considerada uma das espécies mais eficientes na conversão de energia radiante, na acumulação de fotoassimilados e consequentemente, na produção de biomassa (Fancelli e Dourado, 2000; Baldo, 2007).

3.1.2.2. Importância econômica

O milho é uma das culturas de maior importância na economia mundial e é caracterizado pelas diferentes formas de utilização, como a alimentação humana, animal, produção de combustíveis e usos industriais, com uso de tecnologias modernas. Os principais países produtores são os Estados Unidos, China, Brasil, Argentina e Ucrânia (Cruz et al., 2011; Contini et al., 2019 e Fiesp, 2024).

Dos grandes produtores, somente a China não é exportadora do grão. Os maiores exportadores são os Estados Unidos, Brasil, Argentina e Ucrânia. O Brasil, apesar de estar posicionado como o terceiro maior produtor, segue como segundo maior exportador (Fiesp, 2024).

De acordo com o 7º levantamento do USDA, a Federação das Indústrias do Estado de São Paulo (Fiesp, 2024) publicou os dados para a safra 2023/2024, onde teve uma produção mundial de milho de 1.129,1 milhões de toneladas, e para a safra de 2024/25, com previsão de produção mundial de milho de 1.219,4 milhões de toneladas. O Brasil ocupa a terceira colocação, tendo produzido 116 milhões de toneladas na safra de 2023/24, com produtividade de 5.496 kg ha⁻¹. Para a safra de 2024/25, é previsto um crescimento de 3,6% na produção de 120 milhões de toneladas e um crescimento de 3,8% na produtividade, alcançando 5.702 kg ha⁻¹ (Fiesp, 2024; Conab 2024).

A nível regional, a produtividade da região Sudeste para a safra de 2023/24 foi de 5.124 kg ha⁻¹, e para a safra de 2024/25, tem estimativa de 5.662 kg ha⁻¹. Já para o estado do Rio de Janeiro, para a safra de 2023/24, a produtividade foi de 4.544 kg ha⁻¹, e para a safra de 2024/25, tem estimativa de 4.534 kg ha⁻¹, de acordo com a estimativa até o último levantamento de novembro de 2024, feito pela Conab (2024).

No ramo de consumo animal, existem três grandes derivações no processo produtivo do milho: a produção de silagem, a industrialização do grão de milho em ração e o emprego do grão em mistura com concentrados proteicos para a

alimentação de suínos e aves (Duarte, 2019). Sendo que o maior percentual do milho que é produzido no país é direcionado para a fabricação de ração principalmente para aves e suínos, que demandam cerca de 70 a 80% da produção nacional (Favro et al., 2015).

No consumo humano, o milho pode ser utilizado na produção de alimentos básicos, na forma de grão, como fubás, farinhas, canjicas e óleos. Também pode ser consumido *in natura* em diversas receitas caseiras, como espigas assadas e/ou cozidas, pamonhas, curau, pães, bolos, broas, cuscuz, polentas, angus, sopas, farofas, entre outras, além do milho verde. Adicionalmente, esse cereal é amplamente utilizado na indústria alimentícia como matéria-prima para fabricação de aditivos, tais como corantes, caramelo, maltodextrinas e amidos alimentícios (Sologuren, 2015).

Com todas essas atribuições ao milho, é possível afirmar que há espaço para o aumento da produção e da produtividade dessa cultura no Brasil. O melhoramento genético exerce um papel estratégico, pois, a partir do potencial estabelecido geneticamente, as plantas de uma lavoura podem aproveitar os avanços tecnológicos proporcionados pela melhoria das condições de cultivo, sendo, portanto, o desenvolvimento de genótipos uma condição indispensável (Ferreira Júnior, 2019).

Na região Norte e Noroeste Fluminense, a cultura do milho vem sendo utilizada como alternativa de diversificação. Embora não seja uma região tradicional de cultivo o cereal, é fundamental a disponibilidade de cultivares geneticamente melhoradas para a região (Crevelari, 2016).

3.1.2.3. Melhoramento genético do milho na UENF

No melhoramento genético, existem diversas estratégias a serem adotadas pelos programas de melhoramento genético do milho, dependendo dos objetivos almejados. Tais estratégias visam, principalmente, à obtenção de populações, linhagens e híbridos (Ferreira Júnior, 2019).

No Brasil, os primeiros trabalhos com variedades híbridas de milho tiveram início no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e na Universidade Federal de Viçosa (UFV). O programa da UFV foi iniciado em 1937 pelos professores Gladstone de Almeida Orunund e Antônio Secundino de São José Araújo. Ao

tomarem conhecimento da tecnologia do milho híbrido desenvolvida nos Estados Unidos, os pesquisadores deram início a um programa de melhoramento para o desenvolvimento desta tecnologia, a partir do qual foram obtidas linhagens das variedades cateto e de milho dentado, originando o primeiro híbrido de milho nacional (Bahia Filho et al., 2000). A partir deste marco histórico, diversas instituições no Brasil passaram a se dedicar à obtenção de cultivares híbridas de milho nas mais diversas regiões do país (Paterniani, 1993, Galvão et al., 2014).

Em meados da década de 70, a Universidade Federal de Viçosa iniciou um programa de seleção recorrente recíproca utilizando as populações CIMMYT e Piranão. Nesse programa, as populações citadas foram trabalhadas e compreenderam cinco ciclos (1º ao 5º ciclo) (Ribeiro Junior et al., 2000). As populações que correspondiam ao quinto ciclo foram transferidas, em 1996, para Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro, em uma iniciativa de permuta de material genético entre as instituições, ano em que se iniciou o presente programa de melhoramento, dando sequência aos ciclos seguintes de seleção recorrente recíproca. A estratégia de Seleção Recorrente Recíproca foi implementada conforme proposta por Hallauer e Miranda Filho (1988), com algumas modificações, e, a partir do nono ciclo, foi implementado o uso dos marcadores moleculares.

Nas condições regionais do Norte e Noroeste Fluminense, foram realizados dez ciclos de Seleção Recorrente Recíproca de Famílias de Irmãos Completos, com cerca de dois anos para a finalização de cada ciclo. Assim, em 2015 completaram-se vinte anos de atividades, como descrito por Ferreira Júnior (2019), resultando em vinte populações *per se* e dez híbridos interpopulacionais.

Posteriormente, o programa avançou até o 16º ciclo, finalizado em 2016, abrangendo os ciclos do 6º ao 16º, o que resultou em uma contínua evolução no melhoramento das populações. O 16º ciclo foi conduzido entre 2016 e 2018 (Gonçalves, 2018), consolidando as práticas desenvolvidas ao longo do programa.

Dentre os híbridos obtidos, destacam-se os graneleiros UENF 506-6, UENF 506-11 e UENF 506 16, além dos híbridos para silagem UENF MS 2208 e UENF MSV 2210, que foram registrados e disponibilizados aos agricultores. Esse fato evidencia a relevância do programa, o único de melhoramento genético de milho comum em atividade no estado do Rio de Janeiro (Ferreira Júnior, 2019; Pereira et al., 2020, 2024).

Os híbridos UENF 506-11 e UENF 506 16, originários dos ciclos 11^o e 16^o, respectivamente, foram desenvolvidos pelo método de Seleção Recorrente Recíproca de Família de Irmãos Completos, conforme os fundamentos estabelecidos por Hallauer e Eberhart (1970), com adaptações de Berilli (2013) e Gonçalves (2018). Nesse método, as populações CIMMYT e Piranão, pertencentes aos grupos heteróticos 'Flint' e 'Dent', foram cruzadas em ciclos sucessivos de seleção recorrente.

Já os híbridos UENF MSV 2210 e UENF MS 2208 foram obtidos pelo método *topcross*, envolvendo genótipos do grupo heterótico 'Dentado' da coleção da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Esses genótipos foram cruzados com um único testador, o Piranão 12, uma ampla base genética também originada do programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UENF (Crevelari, 2016).

3.1.2.4. Valor de Cultivo e Uso (VCU)

Para que uma cultivar seja inscrita no Registro Nacional de Cultivares, ela deve ser previamente avaliada e, em alguns casos, como no milho, deve ser submetida a ensaios para determinação do Valor de Cultivo e Uso (VCU), conforme exigências do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). De acordo com o MAPA (2021), "VCU é entendido como o valor intrínseco de combinação das características agronômicas da cultivar com as suas propriedades de uso em atividades agrícolas, industriais, comerciais e/ou de consumo *in natura*".

Os ensaios de VCU são realizados com base em requisitos específicos para cada cultura. No caso do milho, a avaliação inclui a análise da adaptabilidade da cultivar em determinadas regiões e sua comparação com cultivares testemunhas já registradas no RNC, as quais demonstraram comprovada adaptabilidade aos locais dos testes (MAPA, 2021). Esses ensaios são fundamentais para garantir que a nova cultivar tenha desempenho competitivo e seja adequada às condições edafoclimáticas onde será cultivada.

No presente trabalho, o planejamento e a execução dos ensaios de VCU para o híbrido UENF 506 16 (Gonçalves, 2018) foram determinantes tanto para o registro da cultivar quanto para a coleta de dados utilizados na tese. A escolha das

regiões Norte e Noroeste Fluminense, bem como das épocas de semeadura e arranjos espaciais, foi cuidadosamente planejada para atender aos requisitos do VCU e maximizar a coleta de informações relevantes para o estudo. Além disso, foram utilizados delineamentos experimentais com quantidade de linhas e repetições adequadas, de forma a garantir precisão estatística e confiabilidade nos resultados obtidos.

A integração entre os ensaios de VCU e as avaliações de fenotipagem digital foi uma estratégia que permitiu ampliar o escopo da pesquisa, validando novas metodologias e contribuindo para o avanço do melhoramento genético do milho na região. Com o registro no MAPA, o híbrido UENF 506 16 tornou-se uma opção viável para produtores, atendendo às demandas regionais, apresentando características agronômicas superiores.

3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1. Processo de obtenção

O processo de obtenção da cultivar UENF 506 16 teve início em 1996, quando foi criado o Programa de Melhoramento Genético de Milho da UENF. Em meados da década de 70, a Universidade Federal de Viçosa (UFV) iniciou um programa de seleção recorrente recíproca em irmãos completos em milho, utilizando as populações CIMMYT e Piranão. Nesta instituição, as populações citadas foram trabalhadas no programa de melhoramento, que compreendeu cinco ciclos (1^o ao 5^o ciclo).

Essas populações que se encontravam no quinto ciclo foram então transferidas para a Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro, em uma iniciativa de permuta de material genético entre as instituições, no ano que se iniciou o presente programa de melhoramento, dando sequência aos ciclos seguintes de seleção recorrente recíproca, quando, a partir do nono ciclo, foi implementado o uso de marcadores moleculares (Figura 1).

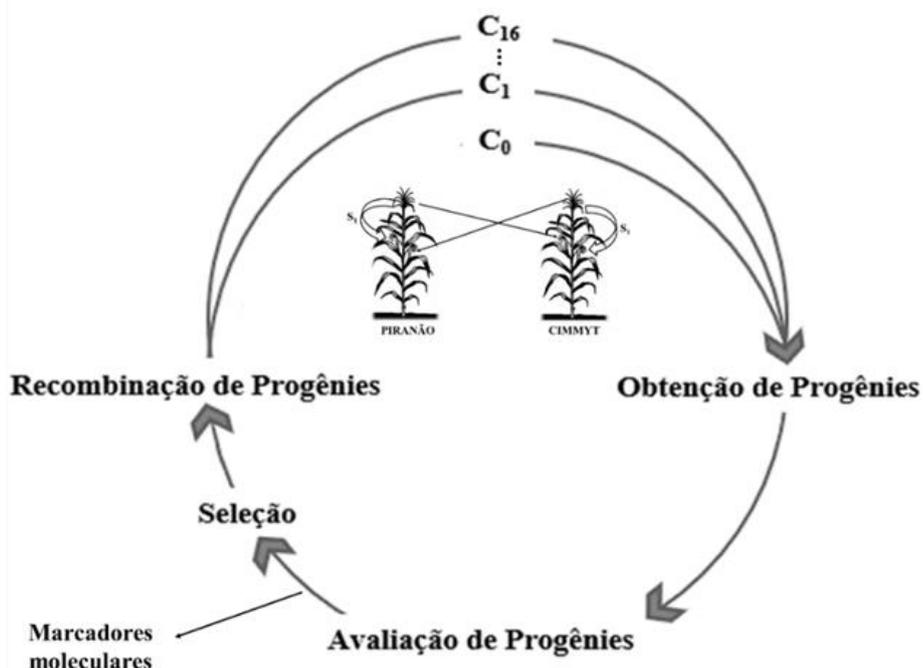


Figura 1. Esquema do método de melhoramento de Seleção Recorrente Recíproca em Irmãos Completos, utilizado para condução dos ciclos e obtenção da cultivar UENF 506 16.

Os genótipos utilizados para obtenção do UENF 506 16 (16º ciclo de seleção recorrente recíproca) foram as populações base CIMMYT15 e Piranão15, pertencentes aos grupos heteróticos 'FLINT' e 'DENT', respectivamente, do 15º ciclo de seleção recorrente recíproca, oriundos do Programa de Melhoramento Genético de Milho da UENF. Os cruzamentos e autofecundações para a obtenção das famílias de irmãos completos e S_1 foram realizados no ano de 2016, quando as populações CIMMYT e Piranão foram semeadas no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, região Norte do estado do Rio de Janeiro – RJ (Gonçalves, 2018). A metodologia utilizada na seleção recorrente foi semelhante à descrita por Pereira et al. (2019) no desenvolvimento da cultivar UENF 506-11, com algumas adaptações conforme as necessidades do programa.

As famílias de irmãos completos obtidas foram submetidas a ensaios de avaliação agronômica, nos quais foram identificadas e selecionadas 40 famílias S_1 superiores com as quais foram realizadas a genotipagem molecular. A partir das análises moleculares, foram selecionadas 25 famílias superiores, e assim, as mesmas foram cultivadas na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em

Campos dos Goytacazes – RJ, no ano agrícola 2018, e recombinadas, concluindo o 16º ciclo e dando base para um novo ciclo de seleção recorrente recíproca (Gonçalves, 2018).

O híbrido interpopulacional UENF 506 16 foi submetido, em 2019, a novos ensaios de avaliação agrônômica utilizando diferentes densidades populacionais. Os resultados indicaram que a densidade de 66.667 plantas por hectare foi a mais eficiente para garantir o maior potencial de rendimento de grãos (Gonçalves, 2021). Em 2021, deu-se início aos ensaios de avaliação para fins de determinação do VCU da cultivar de milho UENF 506 16, visando à produção de grãos e atendendo os requisitos mínimos estabelecidos pelo MAPA para a inscrição no Registro Nacional de Cultivares – RNC.

Os ensaios de avaliação dos híbridos foram conduzidos em três locais simultaneamente: na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, situado a 13 metros de altitude, de coordenadas geográficas: Latitude: 21° 45' 16" Sul, Longitude: 41° 19' 28" Oeste, com precipitação média anual de 1.073 mm e temperatura média anual é de 23,6°C; no Instituto Federal Fluminense Campus Avançado Cambuci – RJ, situado a 35 metros de altitude, de latitude: 21° 34' 31" Sul e longitude: 41° 54' 40" Oeste, com precipitação média anual de 1.200 mm e temperatura média anual de 23°C; na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba em Itaocara – RJ, situado a 60 metros de altitude, de latitude: 21° 40' 09" Sul e longitude: 42° 04' 36" Oeste, precipitação anual média de 1.221 mm e temperatura média anual de 23°C, e em duas épocas de cultivo, a safra de inverno em 2021 e safra de verão 2021/2022 (INMET, 2021).

3.1.3.2. Material genético e ensaios de avaliação

Os materiais genéticos utilizados para o VCU foram os híbridos oriundos do programa de melhoramento genético de milho da Universidade Estadual do Norte, Fluminense Darcy Ribeiro — UENF MSV 2210, UENF MS 2208, UENF 506-11 e UENF 506 16 — além dos híbridos comerciais AG 1051, BM 207, LG 6036 e 30F35R, disponíveis no mercado e utilizados como testemunhas comerciais (Tabela 1).

Tabela 1: Descrição dos híbridos e das testemunhas que serão utilizados nos experimentos quanto ao tipo de grão e procedência.

Genótipos	Parentais	Tipo de Grão	Procedência
UENF 506-11	Piranão 11 x CIMMYT 11	Semi-dentado	Híbrido Interpopulacional, do 11º clico de SRR
UENF 506 16	Piranão 16 x CIMMYT 16	Semi-dentado	Híbrido Interpopulacional, do 16º clico de SRR
UENF MSV 2210	Fortaleza x Piranão 12	Dentado	Híbrido Interpopulacional
UENF MS 2208	Caiano de Alegre L 283 x Piranão12	Dentado	Híbrido de Linhagem x População
AG 1051*	Híbrido Duplo	Dentado	Comercial
BM 207*	Híbrido Duplo	Semi-duro	Comercial
LG 6036*	Híbrido Simples	Semi-dentado	Comercial
30F35R*	Híbrido Simples	Dentado	Comercial

*Testemunhas

O delineamento experimental utilizado no ensaio foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. A unidade experimental foi constituída por quatro fileiras com 4,0 m de comprimento, considerando espaçamento entre linhas de 0,7 metro e entre plantas na linha de 0,2 metro, resultando em um stand de 20 plantas em cada fileira e 80 plantas por parcela, correspondendo a uma densidade populacional de aproximadamente 71.429 plantas por hectare.

Os tratos culturais nos diferentes locais e em todos os ensaios foram realizados conforme o recomendado para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000). Durante o período experimental, as características foram avaliadas com base nos Requisitos Mínimos para Determinação do VCU do milho, para inclusão no Cadastro Nacional de Cultivares (MAPA 2021). As análises estatísticas dos dados foram realizadas no software Genes (Cruz, 2013).

3.1.3.3. Características avaliadas

As características avaliadas foram determinadas com base nos requisitos mínimos exigidos para registro no Cadastro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Brasil (MAPA, 2021).

As avaliações incluíram características agronômicas e descritores relacionados à resistência a doenças. Entre elas, o florescimento feminino (FF), considerado como o período para floração feminina, ou seja, o número de dias decorridos da semeadura ao dia em que 50% das plantas da área de cada fileira da parcela apresentaram estilo-estigma emergidos. O florescimento masculino (FM) foi determinado como o período para floração masculina, sendo o número de dias decorridos da semeadura ao dia em que 50% das plantas da área de cada fileira da parcela apresentaram pendões emergidos. A altura da planta (AP) foi obtida por meio da medição de seis plantas selecionadas ao acaso em cada fileira da unidade experimental, utilizando uma régua de PVC com fita métrica afixada. As medições realizadas em metros, consideraram o nível do solo até o nó de inserção da folha bandeira, sendo a média aritmética atribuída à parcela. A altura da espiga (AE) foi determinada pela altura média das mesmas seis plantas competitivas em cada fileira da unidade experimental, medidas do nível do solo até a inserção da primeira espiga no colmo, em metros. O stand foi obtido pela contagem do número total de plantas presentes em cada fileira da parcela no momento da colheita, enquanto o número de espigas (NE) foi determinado pela contagem do número total de espigas em todas as fileiras da parcela. O empalhamento (EMP) foi avaliado pelo número total de espigas mal empalhadas (as quais deixam grãos expostos) no momento da colheita, em cada fileira das unidades experimentais. O número de fileiras de grãos (NF) foi calculado pela média das contagens manuais realizadas nas mesmas seis espigas, comprimento médio das espigas sem palha (CESP), foi obtido pela medição, em milímetros, de seis espigas ao acaso de cada uma das fileiras da unidade experimental, utilizando um paquímetro digital. O diâmetro médio das espigas sem palha (DESP) foi determinado pela média dessas mesmas seis espigas, mensurado com paquímetro digital e expresso em milímetro. A coloração dos grãos (CG) foi determinada por observação visual, com a identificação de cores predominantes como branco, amarelo, púrpura, variegado, castanho, laranja, ponteados, capa branca ou vermelho. A textura dos grãos (TG) foi avaliada com

base na proporção de endosperma vítreo ou córneo. O peso hectolítrico (PH), que representa a densidade dos grãos, foi obtido utilizando uma balança hectolétrica, com os resultados expressos em quilos por hectolitro (kg hl^{-1}). O peso médio das espigas sem palha (PESP), obtido através da pesagem de todas as espigas das unidades experimentais sem palha e, após a pesagem, os resultados foram convertidos para kg ha^{-1} . O peso de 1000 grãos (P1000) foi obtido pela pesagem, em gramas, de uma amostra de 1000 grãos sadios de cada fileira das unidades experimentais, utilizando uma balança de precisão. O rendimento de grãos (REND) foi obtido pela pesagem dos grãos de cada fileira das unidades experimentais após a debulha, com os valores convertidos em kg ha^{-1} , sendo os pesos dos grãos corrigidos para 13% de umidade.

Os descritores foram avaliados em cada unidade experimental e incluíram: a forma da ponta da primeira folha, classificada como pontiaguda, pontiaguda/arredondada, arredondada, arredondada/espatalada ou espatalada; o ângulo entre a lâmina foliar e o caule, medido logo acima da espiga superior, classificada como pequeno, médio ou grande; o comportamento da lâmina foliar acima da espiga superior, descrito como reta, recurvada ou fortemente recurvada; o comprimento da haste principal do pendão, medido entre o ponto de origem e o ápice da haste central, classificada como curto, médio ou longo; o ângulo entre a haste principal do pendão e a ramificação lateral no terço inferior do pendão, descrito como pequeno, médio ou grande; a coloração do estigma pela antocianina, registrada como ausente ou presente; e o tipo de grão, avaliado no terço médio da espiga, sendo categorizado como duro, semi-duro, semi-dentado, dentado, doce, pipoca, farináceo, opaco ou ceroso.

Para a resistência a doenças, foram avaliadas as incidências e severidades das doenças Mancha foliar de *Helminthosporium* (*Exserohilum turcicum*), Ferrugem de *Puccinia polysora* e Mancha de *Bipolaris* (*Bipolaris maydis*). As avaliações foram realizadas nas duas fileiras centrais de cada unidade experimental das quatro repetições, nos seis ambientes, com a marcação das plantas utilizando tinta spray para facilitar a identificação durante as observações. Foram selecionadas 3 plantas por linha, dispostas em zigue-zague, garantindo uma amostragem representativa. Três avaliações escalonadas foram realizadas, com intervalos de 15 dias, utilizando a escala diagramática proposta pela Agrocerec (1996) para quantificação da incidência. A severidade foi avaliada a partir das folhas imediatamente abaixo da

primeira espiga (a mais alta da planta), utilizando uma escala específica para cada doença. Para *Bipolaris maydis*, foi utilizada a escala diagramática de James (1971), com valores percentuais de área foliar lesionada variando entre 1%, 5%, 25% e 50%. Para *Helminthosporium* (Helminthosporiose), aplicou-se a escala diagramática de Vieira et al. (2014), com valores percentuais: 0,5%, 1,6%, 5%, 15%, 37%, 66%, 87% e 96% de área foliar lesionada. Para *Puccinia polysora* (Ferrugem), a estimativa de severidade foi feita com a escala diagramática de Chester (1950), cujo valores percentuais oscilam entre 5% e 100% de área foliar lesionada. As notas das incidências e severidades, foram baseadas nas médias.

3.1.3.4. Análise Estatística

3.2.3.4.1. Análise de Variância

Os dados obtidos foram inicialmente submetidos a uma análise de variância individual para cada ambiente isoladamente e ao teste de Hartley (1950), para testar a homogeneidade das variâncias residuais. Posteriormente, foi realizada análise de variância conjunta, com os três ambientes nas duas épocas (totalizando seis ambientes), de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + G_{i+} E_{j+} A_{k+} (B/E)A_{jkl} + GE_{ij} + GA_{ik} + EA_{jk} + GEA_{ijk} + e_{ijkl}$$

No qual: Y_{ijkl} é a avaliação no i -ésimo genótipo, j -ésima época, k -ésimo ambiente e l -ésimo bloco; μ é a média geral (ou constante comum a todas as observações); G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo; E_j é o efeito aleatório do j -ésima época; A_k é o efeito aleatório do k -ésimo ambiente; $(B/E)A_{jkl}$ é o efeito l -ésimo bloco dentro j -ésima época; no k -ésimo ambiente; GE_{ij} é o efeito da interação entre i -ésimo genótipo e o j -ésima época; GA_{ik} é o efeito da interação entre i -ésimo genótipo e o k -ésimo ambiente; EA_{jk} é o efeito da interação entre a j -ésima época e o k -ésimo ambiente; GEA_{ijk} é o efeito da interação entre i -ésimo genótipo; j -ésima época e o k -ésimo ambiente; e e_{ijkl} é o erro aleatório associado à observação, sendo NID $(0, \sigma^2)$. sendo NID $(0, \sigma^2)$.

A Tabela 1 apresenta os quadrados médios das esperanças das variáveis consideradas no modelo estatístico descrito anteriormente.

Tabela 1. Esquema da análise de variância conjunta e a esperança de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

FV	GL	QM	E (QM)
(B/E)A	ae(b-1)		$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Época (E)	(e-1)	QME	$\sigma^2 + r\sigma_{gea}^2 + g\sigma_b^2 + rg\sigma_{ea}^2 + ra\sigma_{ge}^2 + rga\sigma_e^2$
Ambiente (A)	(a-1)	QMA	$\sigma^2 + r\sigma_{gea}^2 + g\sigma_b^2 + rg\sigma_{ea}^2 + ra\sigma_{ga}^2 + rge\sigma_a^2$
Genótipos (G)	(g-1)	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_{gea}^2 + re\sigma_{ga}^2 + ra\sigma_{ga}^2 + rge\sigma_a^2$
G x E	(g-1)(e-1)	QME	$\sigma^2 + r\sigma_{gea}^2 + ra\sigma_{ge}^2$
G x A	(g-1)(a-1)	QMGA	$\sigma^2 + r\sigma_{gea}^2 + ra\sigma_{ga}^2$
E x A	(e-1)(a-1)	QMEA	$\sigma^2 + r\sigma_{gea}^2 + g\sigma_b^2 + rg\sigma_{ea}^2$
G x E x A	(g-1)(e-1)(a-1)	QMGEA	$\sigma^2 + r\sigma_{gea}^2$
Erro	a(g-1)(b-1)	-	σ^2
Total	(gab)-1	-	

A análise de variância e o teste de média de Tukey foram realizados com auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando a precisão experimental do ensaio, observou-se que os coeficientes de variação experimental (CVe%), oscilaram de 4,20% para altura de planta a 15,99% para o rendimento demonstrando uma boa precisão experimental, estando de acordo com as classificações propostas por Scapim et al. (1995) e Fritsche-Neto et al. (2012). Na análise de variância, verificou-se a existência de efeito significativo ($P < 0,01$) e ($P < 0,05$) de probabilidade para todas as variáveis avaliadas (Tabela 2).

Tabela 2 - Resumo da análise de variância conjunta com os respectivos quadrados médios das fontes de variação e graus de liberdade (GL), estimativas dos coeficientes de variação experimental (CVe%) e das médias para quatro características avaliadas em genótipos de milho para grão em Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, RJ, em duas épocas.

FV	GL	Quadrados Médios			
		ALT PL	ALT ESP	PROL	REND
Bloco/A/E	18	0,100	0,019	0,023	797246,9358
Gen. (G)	7	1,833**	1,996**	0,158*	42599242,882**
Época (E)	1	3,922**	0,548*	0,003 ^{ns}	16073537,204 ^{ns}
Amb. (A)	2	0,998*	0,718*	0,412 ^{ns}	39880709,416 ^{ns}
G x E	7	0,044**	0,026 ^{ns}	0,014 ^{ns}	3922316,833 ^{ns}
G x A	14	0,011 ^{ns}	0,012 ^{ns}	0,037*	1608835,097 ^{ns}
E x A	2	0,036*	0,007 ^{ns}	0,172**	39086515,621**
G x E x A	14	0,009 ^{ns}	0,011 ^{ns}	0,012 ^{ns}	3971975,721**
Erro	126	0,013	0,010	0,011	1606940,612
Média		2,69	1,61	1,01	7926,90
CVe _(%)		4,20	6,12	10,29	15,99

FV: fonte de variação; ALT PL: altura da planta (m); ALT ESP: altura da espiga (m); PROL: prolificidade (espiga/planta) e REND: rendimento (kg ha⁻¹); ^{ns}: não significativo pelo teste F; **: significativo (P < 0,01) pelo teste F; *: significativo (P < 0,05) pelo teste F.

Comparando o UENF 506 16 com uma das testemunhas, o AG 1051, que é uma das cultivares comerciais mais utilizadas nas regiões Norte e Noroeste Fluminense do Rio de Janeiro, observa-se que ambos apresentaram resultados semelhantes em relação às características de altura de planta e altura de espiga. No entanto, o UENF 506 16 se destacou em prolificidade, enquanto o AG 1051 teve um rendimento médio superior ao do UENF 506 16. O CVe (%) por ambiente manteve-se abaixo do requisito mínimo do MAPA, com o maior valor de 18,35%, indicando boa precisão experimental nas duas épocas, na safra de inverno e verão (Tabela 3).

Tabela 3 – Desempenho agrônômico da cultivar UENF 506 16 e da testemunha AG1051, para as características altura de planta, altura de espiga, prolificidade e rendimento, com seus respectivos testes de média de Tukey, em Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, RJ, em duas épocas.

Características	Ambientes	Híbridos		
		UENF 506 16	AG1051	CVe (%)
Altura de planta (m)	Itaocara 1	2,63 a	2,74 a	3,95
	Itaocara 2	2,63 a	2,53 a	2,66
	Cambuci 1	2,74 a	2,83 a	2,14
	Cambuci 2	2,60 a	2,54 a	7,13
	Campos 1	2,55 a	2,64 a	3,86
	Campos 2	2,33 a	2,35 a	4,03
	Média	2,58	2,60	4,20
Altura de espiga (m)	Itaocara 1	1,60 a	1,68 a	5,65
	Itaocara 2	1,63 a	1,57 a	6,59
	Cambuci 1	1,62 a	1,65 a	3,41
	Cambuci 2	1,57 a	1,55 a	9,40
	Campos 1	1,39 a	1,55 a	5,28
	Campos 2	1,40 a	1,44 a	4,68
	Média	1,53	1,57	6,12
Prolificidade (espiga/planta)	Itaocara 1	1,11 a	0,92 b	7,48
	Itaocara 2	0,88 a	0,78 a	12,65
	Cambuci 1	1,25 a	0,84 b	10,04
	Cambuci 2	1,32 a	0,98 b	12,14
	Campos 1	1,18 a	0,91 b	10,93
	Campos 2	1,22 a	0,87 b	7,79
	Média	1,16	0,89	10,29
Rendimento (kg ha ⁻¹)	Itaocara 1	7.033 a	9.701 a	18,35
	Itaocara 2	5.910 a	6.997 a	13,73
	Cambuci 1	7.477 a	8.392 a	16,21
	Cambuci 2	8.938 a	9.569 a	15,40
	Campos 1	5.169 b	9.144 a	18,00
	Campos 2	7.395 a	7.302 a	11,33
	Média	6.948	8.318	15,99

Médias seguidas pela mesma letra, na mesma linha, não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Tukey, ao nível de 5 % de probabilidade.

Comparando os dois híbridos, é importante considerar o método de melhoramento empregado na obtenção de cada um. O AG 1051 é um híbrido duplo, resultante do cruzamento entre dois híbridos simples. Esse tipo de híbrido é

caracterizado por um aumento na produtividade e por custos de produção mais elevados que os híbridos interpopulacionais, devido ao processo mais trabalhoso de sua produção.

Por outro lado, o UENF 506 16 é um híbrido interpopulacional, que apresenta médias de produtividade menores, mas é mais estável. Com os híbridos interpopulacionais, é possível oferecer tecnologias alternativas para a produção de sementes híbridas com bom potencial genético a custos mais acessíveis. Esses híbridos resultam do cruzamento entre duas populações de milho com uma ampla base genética, capitalizando parcialmente a heterose. Embora apresentem menor proporção de heterose, eles são mais estáveis ao longo dos anos e em diferentes áreas geográficas, demonstrando menor oscilação na produção. Esses híbridos respondem de forma previsível às melhorias ambientais (anos mais favoráveis) e mantêm uma produção estável mesmo em anos desfavoráveis.

Para as características agrônômicas, o UENF 506 16 apresenta florescimento feminino e masculino médios entre 66 e 64 dias respectivamente. A altura de planta foi de 2,58 m, e altura de espiga 1,53 m. O comprimento e diâmetro médios de espiga foram de 15,16 cm e 4,51 cm, respectivamente. A cultivar UENF 506 16 apresenta grãos com textura semi-dentada e empalhamento compacto, cobrindo totalmente a espiga.

Para a obtenção dos dados de doenças, foram realizadas três avaliações com intervalos de quinze dias, desde a floração até a proximidade da senescência das plantas, utilizando a escala de avaliação da Agrocères (1996). O desempenho agrônômico da cultivar UENF 506 16 foi muito satisfatório na maioria dos ambientes durante as épocas de avaliações, tornando-a recomendável para a produção de milho-grão nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

As avaliações da resistência a doenças foram realizadas com base nos requisitos mínimos exigidos para registro no Cadastro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Brasil (MAPA 2021).

A cultivar UENF 506 16 apresenta grãos com textura semi-dentada e empalhamento compacto, cobrindo totalmente a espiga. Para a obtenção dos dados de doenças, foram realizadas três avaliações com intervalos de quinze dias, desde a floração até a proximidade da senescência das plantas, utilizando a escala de avaliação da Agrocères (1996). Nessas avaliações, a UENF 506 16 foi considerada moderadamente suscetível à mancha foliar de *Helminthosporium*

(*Exserohilum turcicum*) e à mancha de Bipolaris (*Bipolaris maydis*). Para a Ferrugem Polysora (*Puccinia polysora*), a UENF 506 16 foi considerada moderadamente resistente (Tabela 4).

Tabela 4. Média das características agronômicas da cultivar de milho UENF 506 16 em teste de Valor de Cultivo e Uso (VCU), nos municípios de Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, RJ, em duas épocas de avaliação.

UENF 506 16	
CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS	
Florescimento masculino	64 dias
Florescimento feminino	66 dias
Altura de planta	2,58 m
Altura de espiga	1,53 m
Comprimento médio da espiga	15,16 cm
Diâmetro médio da espiga	4,51 cm
Número de fileira de grão	12
Cor do grão	Amarelo alaranjado
Textura do grão	Semi-dentado
Empalhamento	Compacta, cobrindo a espiga completamente
RESISTÊNCIA À DOENÇAS	
Mancha foliar de Helminthosporium (<i>Exserohilum turcicum</i>)	Moderadamente Suscetível
Ferrugem Polysora (<i>Puccinia polysora</i>)	Moderadamente Resistente
Mancha de Bipolaris (<i>Bipolaris maydis</i>)	Moderadamente Suscetível

Para as características dos descritores, o UENF 506 16 apresenta: a forma da ponta da primeira folha como pontiaguda; o ângulo entre a lâmina foliar e o caule, medido logo acima da espiga superior como pequeno; o comportamento da lâmina foliar acima da espiga superior, como reta; o comprimento da haste principal do pendão, medido entre o ponto de origem e o ápice da haste central, como médio; o ângulo entre a haste principal do pendão e a ramificação lateral no terço inferior do pendão, como médio; a coloração do estigma pela antocianina, como ausente; e o tipo de grão, medido no terço médio da espiga, como semi-dentado.

3.1.5. CONCLUSÃO

A cultivar UENF 506 16 se destacou pela sua maior estabilidade, possibilitando o plantio em diversos ambientes e épocas sem grandes variações na produtividade de grãos. Com o registro do UENF 506 16, ele estará mais acessível e com sementes de menor custo para os produtores do estado do Rio de Janeiro, especialmente para os produtores das regiões Norte e Noroeste Fluminense.

3.2. ANÁLISE DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE VIA GGE BILOT EM HÍBRIDOS DE MILHO SIMPLES, DUPLOS E INTERPOPULACIONAIS

3.2.1. INTRODUÇÃO

O cultivo da cultura do milho (*Zea mays* L.) é de grande importância econômica e social. Por apresentar grande variabilidade genética e genótipos bem distintos, essa espécie pode ser cultivada em uma ampla diversidade condições edafoclimáticas e tecnológicas, tendo se tornado uma das culturas agrícolas de maior importância mundial, amplamente cultivada em praticamente todos os continentes (Môro e Fritsche Neto, 2015).

Esse cereal está presente em diversas situações do cotidiano, sendo utilizado na alimentação humana e animal, além de desempenhar um papel importante no abastecimento energético, como fonte de biocombustível. Atualmente, a produção mundial do milho está concentrada nos Estados Unidos, China e Brasil, com produção estimada para a safra 2023/2024 de 389,7, 288,8 e 122,0 milhões de toneladas respectivamente. No Brasil, a cultura do milho ocupa o segundo lugar, em área cultivada e produção de grãos, sendo superada apenas pela cultura da soja (Fiesp, 2024).

Com a modernização da agricultura ao longo dos anos e considerando a importância do milho no cenário mundial, o melhoramento genético destaca-se como uma das estratégias mais vantajosas para se conseguir incrementos na produtividade agrícola e na qualidade dos grãos (Hallauer et al., 2010). Diante

dessa importância, os programas de melhoramento genético de milho utilizam a avaliação em multiambientes, considerada uma das principais etapas para a identificação dos híbridos de milho mais promissores, com altos rendimentos em regiões específicas, com base no grau de adaptação às condições edafoclimáticas das regiões de cultivo em diferentes ambientes, associado à ampla adaptabilidade e estabilidade (Yan et al., 2000; Carvalho et al., 2002; Zopollatto et al., 2009).

A avaliação multiambientes é fundamental, pois permite a identificação das interações genótipo \times ambiente (IGAs), uma vez que tais interações podem alterar a performance relativa dos genótipos, os quais podem apresentar diferentes respostas às mudanças ambientais em virtude dos divergentes ambientes, dificultando a seleção e a recomendação dos genótipos (Borém & Miranda, 2009; Crossa, 2012; Malosetti et al., 2013; Eeuwijk et al., 2016).

As interações GE podem ser classificadas como simples, quando a classificação dos genótipos é constante nos ambientes variáveis e a interação significativa se deve a diferença na magnitude da resposta; ou complexa, nas quais a classificação dos genótipos (ranking) varia conforme cada ambiente, apresentando, assim, maior relevância no melhoramento das plantas (Cruz & Regazzi, 1997; Mohammadi & Amri, 2013; Crevelari, 2023). O estudo das IGAs, apesar de ser de suma importância para o melhoramento, não fornece informações detalhadas sobre a resposta de cada genótipo às variações ambientais. Para isso, são realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade (Cruz et al., 2014).

A adaptabilidade pode ser definida como a capacidade de um genótipo responder aos estímulos ambientais. Já a estabilidade refere-se à constância de desempenho ao longo dos ambientes, podendo também expressa como a menor variação média nos ambientes considerados. A estabilidade é uma função da previsibilidade da resposta de um genótipo (Cruz et al., 2014). Diferentes metodologias, que variam em seus conceitos e procedimentos biométricos para sua estimação, podem ser utilizadas em suas análises (Silva & Benin, 2012). Essas metodologias possibilitam a identificação dos genótipos que se mostram mais adaptáveis, estáveis e responsivos aos ambientes nos quais foram testados.

Dentre as metodologias mais recentes, tem-se a análise através do modelo GGE biplot (*genotype main effects + genotype environment interaction*), proposto por Yan et al. (2000), que considera o efeito principal de genótipo mais a interação genótipos e ambientes. O método biplot foi desenvolvido por Gabriel (1971) para

representar graficamente resultados de análise dos componentes principais (ACP), conforme Silva & Benin (2012), reunindo as informações de diferentes variáveis em um único gráfico, permitindo uma visualização mais clara dessas relações.

Portanto, a identificação dos genótipos superiores é de extrema importância para possibilitar sua recomendação. O método GGE biplot tem sido amplamente utilizado em vários estudos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de diferentes cultivares de milho. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de híbridos de milho por meio da análise GGE biplot, bem como avaliar sua adaptabilidade e estabilidade em diferentes ambientes das regiões do Norte/Noroeste Fluminense.

3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.2.2.1. Adaptabilidade e Estabilidade na cultura do milho

A adaptabilidade e estabilidade de genótipos são características fundamentais no melhoramento genético, especialmente em culturas amplamente cultivadas como o milho (*Zea mays* L.). Esses conceitos avaliam a capacidade de um genótipo em responder favoravelmente a diferentes ambientes (adaptabilidade) e em apresentar um desempenho consistente (estabilidade), sendo essenciais para garantir altos rendimentos em cenários agrícolas variáveis (Cruz et al., 2012).

A adaptabilidade é definida como a habilidade de um genótipo de expressar seu potencial em ambientes específicos ou gerais. Por outro lado, a estabilidade está relacionada à consistência do desempenho de um genótipo em diferentes condições ambientais, mesmo na presença de fatores adversos (Eberhart & Russell, 1966).

A interação genótipo x ambiente (GxA) é o principal desafio no desenvolvimento de híbridos de milho com alta adaptabilidade e estabilidade, considerando que essa interação influencia diretamente o desempenho das cultivares e pode alterar o desempenho relativo dos genótipos, levando a respostas distintas às variações ambientais. Essa complexidade dificulta a seleção e recomendação de cultivares, especialmente quando as interações são

classificadas como complexas, alterando a classificação dos genótipos entre os ambientes (Cruz & Regazzi, 1997; Crossa, 1990; Crossa et al., 2012; Crevelari, 2023).

Para lidar com a complexidade das IGAs, são realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade, características fundamentais no melhoramento genético, especialmente em culturas amplamente cultivadas como o milho. Diversas metodologias têm sido propostas para avaliar adaptabilidade e estabilidade, variando em conceitos e procedimentos biométricos (Silva & Benin, 2012). Modelos baseados em regressão, como o de Eberhart & Russell (1966), oferecem uma abordagem robusta para identificar genótipos amplamente adaptados. Além disso, metodologias como as de Lin & Binns (1988) e AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) de Gauch (1992) são amplamente utilizadas. Mais recentemente, o modelo GGE biplot, proposto por Yan et al. (2000), tem ganhado destaque por considerar simultaneamente o efeito principal do genótipo e sua interação com o ambiente, permitindo uma visualização gráfica clara dessas relações. A escolha da metodologia depende de fatores como o tipo de experimento, a precisão desejada e a facilidade de interpretação dos resultados.

3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1. Material Genético Vegetal

Os materiais genéticos utilizados neste estudo foram híbridos oriundos do programa de melhoramento genético de milho da Universidade Estadual do Norte, Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) – UENF MSV 2210, UENF MS 2208, UENF 506-11 e UENF 506-16 (nº registro no MAPA 56523) – além de híbridos de milhos comerciais disponíveis no mercado, utilizados como testemunhas, AG 1051, BM 207, LG 6036 e 30F35R. Os híbridos da UENF são interpopulacionais, enquanto os híbridos AG 1051 e BM 207 são duplos, e os híbridos LG 6036 e 30F35R são simples (Tabela 1 do Capítulo 1).

Os híbridos UENF 506-11 e UENF 506 16 foram obtidos dos ciclos 11^o e 16^o, respectivamente, pelo método de Seleção Recorrente Recíproca de família de irmãos completos, conforme preconizado por Hallauer e Eberhart (1970) com algumas modificações, seguindo Berilli (2013) e Gonçalves (2018). Nesse método, esses híbridos foram obtidos pelo cruzamento entre as populações CIMMYT e Piranão nos respectivos ciclos de seleção recorrente, as quais pertencem a grupos heteróticos distintos: a população CIMMYT pertence ao grupo heterótico tipo 'Flint' e a população Piranão, ao grupo heterótico 'Dent' (Berilli, 2013 e Gonçalves, 2018).

Os híbridos UENF MSV 2210 e UENF MS 2208 foram obtidos pelo método *topcross*, a partir de genótipos pertencentes à coleção de milho da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Estes genótipos, todos do grupo heterótico 'dentado', foram cruzados com um único testador, o Piranão 12, que também foi originado do programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, com base genética ampla e pertencente ao mesmo grupo heterótico 'dentado' (Crevelari, 2016).

3.2.3.2. Ensaio de avaliação

Os ensaios de avaliação dos híbridos foram conduzidos em três locais simultaneamente: na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, situado a 13 metros de altitude, de coordenadas geográficas: Latitude: 21° 45' 16" Sul, Longitude: 41° 19' 28" Oeste, com precipitação média anual de 1.073 mm e temperatura média anual de 23,6°C; no Instituto Federal Fluminense Campus Avançado Cambuci – RJ, situado a 35 metros de altitude, de latitude: 21° 34' 31" Sul e longitude: 41° 54' 40" Oeste, com precipitação média anual de 1.200 mm e temperatura média anual de 23°C; na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba em Itaocara – RJ, situado a 60 metros de altitude, de latitude: 21° 40' 09" Sul e longitude: 42° 04' 36" Oeste, precipitação anual média de 1.221 mm e temperatura média anual de 23°C, e em duas épocas de cultivo, a safra de inverno em 2021 e a safra de verão 2021/2022.

A escolha dos ambientes, deste ensaio de avaliação teve como base para a realização do Valor de Cultivo e Uso (VCU) do híbrido UENF 506-16 (Gonçalves, 2018). As regiões de Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara no estado do Rio de Janeiro apresentam variações edafoclimáticas compondo as

regiões do Norte/Noroeste Fluminense. Essas áreas apresentam diferenças significativas em termos de solo, precipitação e temperatura, o que permitiu avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos híbridos em diversas condições ambientais. Além disso, essas regiões são importantes para a produção agrícola local, o que torna os resultados mais aplicáveis aos produtores. A escolha também foi facilitada pela infraestrutura das instituições onde os ensaios foram realizados, garantindo suporte técnico para a pesquisa.

O delineamento estatístico experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. A unidade experimental foi constituída por quatro fileiras com 4,0 m de comprimento, considerando espaçamento entre linhas de 0,70 metro e espaçamento entre plantas na linha de 0,20 metro, resultando em 20 plantas em cada fileira e 80 plantas por parcela.

A adubação de semeadura foi aplicada com o formulado NPK 04-14-08 (80 g/m). Posteriormente, foram realizadas duas adubações de cobertura: aos 30 dias após o plantio, com o formulado NPK 20-00-20 (30 g/m), e aos 45 dias, com ureia (20 g/m). Os tratos culturais seguiram as recomendações para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000), e a colheita foi realizada aos 120 dias após a semeadura.

3.2.3.3. Características avaliadas

Foram avaliadas as características como: comprimento médio das espigas sem palha (CESP), obtido por meio da medição, em milímetros, de seis espigas ao acaso de cada uma das fileiras da unidade experimental, utilizando um paquímetro digital; diâmetro médio das espigas sem palha (DESP), obtido pela média das mesmas seis espigas, mensurado com paquímetro digital e expresso em milímetros; peso médio das espigas sem palha (PESP), obtido por meio da pesagem de todas as espigas das unidades experimentais sem palha, sendo os resultados transformados para kg ha^{-1} ; peso de 1000 grãos (P1000), obtido pela pesagem, em gramas, de uma amostra de 1000 grãos sadios de cada fileira das unidades experimentais, utilizando uma balança de precisão; e rendimento de grãos (REND), obtido a partir da pesagem dos grãos de cada fileira das unidades experimentais após a debulha e convertidos em kg ha^{-1} , sendo os pesos dos grãos corrigidos para 13% de umidade.

3.2.3.4. Análise Estatística

3.2.3.4.1 Análise de Variância

Os dados obtidos foram inicialmente submetidos a uma análise de variância individual para cada ambiente isoladamente e ao teste de Hartley (1950), para se testar a homogeneidade das variâncias residuais. Posteriormente, foi realizada análise de variância conjunta, com os três ambientes nas duas épocas (totalizando seis ambientes), de acordo com o seguinte modelo estatístico:

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

No qual: Y_{ijk} é a avaliação no i -ésimo genótipo, no j -ésimo ambiente e no k -ésimo bloco; μ é a constante geral; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo; B/A_{jk} é o efeito aleatório k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente; A_j é o efeito aleatório do j -ésimo ambiente; GA_{ij} é o efeito da interação entre o i -ésimo genótipo e o j -ésimo ambiente; e e_{ijk} é o erro aleatório residual associado a cada observação, sendo NID $(0, \sigma^2)$.

A Tabela 1 apresenta os quadrados médios das esperanças das variáveis consideradas no modelo estatístico descrito anteriormente.

Tabela 1. Esquema da análise de variância conjunta e a esperança de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

FV	GL	QM	E (QM)
Bloco/Amb	$a(b-1)$		$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
Genótipos (G)	$(g-1)$	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2 + ra\theta_g$
Ambiente (A)	$(a-1)$	QMA	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + rg\sigma_a^2$
G x A	$(g-1)(a-1)$	QMGA	$\sigma^2 + r\sigma_{ga}^2$
Erro	$a(g-1)(b-1)$	-	σ^2
Total	$(gab)-1$	-	

3.2.3.4.2. Estimação dos Parâmetros Genéticos e componentes de variância

De posse das esperanças dos quadrados médios (Tabela 1), foram obtidas as estimativas dos componentes de variância, e os parâmetros genéticos foram calculadas por meio das seguintes expressões:

Variabilidade Genotípica:

$$\theta_g^2 = \frac{(QMG - QMGA)}{ra}$$

Variância Fenotípica:

$$\sigma_f^2 = \frac{QMG}{ra}$$

Coefficiente de Determinação Genotípica:

$$H^2 = \left(\frac{\theta_g^2}{\sigma_f^2} \right)$$

Em que:

QMG: Quadrado médio dos genótipos;

QMGA: Quadrado médio da interação genótipos x ambiente;

r: número de repetições;

a: ambiente.

A análise de variância, a estimação dos parâmetros genéticos e o teste de médias de Tukey foram realizadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

3.2.3.4.3. Análises de Adaptabilidade e Estabilidade

Os estudos da adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos genótipos, utilizando a metodologia GGE biplot, foram realizados por meio do programa R, utilizando o pacote METAN (R Core Team, 2023; Olivoto, 2020).

3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1. Análise de variância e estimação dos parâmetros genéticos e componentes de variância

Para a realização da análise de variância, verificou-se, primeiramente, que a razão entre os quadrados médios residuais ($QMR_{>}/QMR_{<}$) de todas as variáveis foi inferior a sete, valor que, de acordo com Pimentel Gomes (2000), é recomendado para considerar a homogeneidade das variâncias residuais, permitindo, assim, a realização da análise conjunta (Tabela 2).

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta com os respectivos quadrados médios das fontes de variação (FV) e graus de liberdade (GL), estimativas dos componentes de variâncias, dos parâmetros genéticos e das médias para seis características avaliadas em genótipos de milho para grão em Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios					
		CESP	DESP	PROL	PE	P1000	REND
Bloco/A	18	17,80	1,01	0,023	17707518,44	379,98	1410255,10
Gen. (G)	7	775,48**	218,86**	0,156**	886155108,99**	4992,45**	40746255,51**
Amb. (A)	5	1583,80**	51,18**	0,236**	727959780,3**	13745,86**	40106492,48**
G x A	35	72,12**	2,59**	0,022**	66417052,87**	723,16**	3102812,24*
Erro	126	27,88	1,24	0,011	36592835,56	272,66	1746280,29
Média		160,86	47,70	1,01	38832,27	335,64	7885,59
$CVe_{(%)}$		3,28	2,34	10,37	15,58	4,92	16,76
θ_g^2		29,31	9,01	0,01	34155752,34	177,89	1568476,80
σ_f^2		32,31	9,12	0,01	36923129,54	208,02	1697760,65
H^2		0,91	0,99	0,86	0,93	0,86	0,92

CESP: comprimento de espiga sem palha (mm); DESP: diâmetro de espiga sem palha (mm); PROL: prolificidade (espiga/planta), PE: peso de espiga (kg ha⁻¹); P1000: peso de 1000 grãos (g) e REND: rendimento (kg ha⁻¹); ns: Não significativo pelo teste F; **: significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F. Coeficiente de variação experimental (CVe (%)), variabilidade genotípica (θ_g^2), variância fenotípica (σ_f^2), coeficiente de determinação genotípica (H^2).

De acordo com a análise de variância conjunta (Tabela 2), foram observados coeficientes de variação experimental (CVe%), oscilando de 2,34% para diâmetro de espiga sem palha a 16,76% para o rendimento, demonstrando boa precisão experimental, conforme as classificações propostas por Scapim et al. (1995) e Fritsche-Neto et al. (2012).

Em relação ao coeficiente de determinação genotípico (H^2), as características peso de 1000 grãos e prolificidade apresentaram valores de 86%, enquanto as demais características apresentaram valores superiores a 80%, variando de 91% para o comprimento da espiga a 99% para o diâmetro da espiga. Estimativas elevadas de H^2 permitem inferir que a maior parte da variação dos dados fenotípicos se deve a causas genéticas. Ainda segundo a análise de

variância conjunta, constatou-se a existência de efeito significativo a 1% ($P < 0,01$) e a 5% ($P < 0,05$) de probabilidade para todas as variáveis avaliadas.

Na análise conjunta de variância (Tabela 2), foram observados efeitos significativos ($P < 0,01$) para todas as variáveis, exceto o rendimento, que apresentou significância no nível de 5%. As fontes de variação para genótipos e ambiente foram significativas no nível de 1% para todas as características avaliadas. As interações genótipo \times ambiente também foram significativas no nível de 1% para todas as características, exceto o rendimento, que foi significativo no nível de 5%. Essas interações significativas entre genótipos e ambientes nas respectivas safras ressaltam a importância das avaliações multiambientais. A análise de variância revelou que as condições ambientais desempenham um papel relevante na expressão das características avaliadas, reforçando a necessidade de avaliações em múltiplos ambientes para proporcionar recomendações de genótipos mais confiáveis.

Esses resultados sugerem que os genótipos exibiram comportamentos diferentes nos ambientes estudados, reforçando a necessidade de um estudo mais aprofundado do seu desempenho, a fim de compreender a magnitude das interações com os ambientes.

Avaliações em múltiplos ambientes são essenciais para compreender o desempenho dos genótipos sob diferentes condições ecológicas, considerando que as características podem variar com o clima, solo e outros fatores. Neste estudo, as avaliações em regiões com características ambientais distintas, como Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, evidenciaram como essas condições afetam as características dos híbridos. Essa abordagem multiambiental permite a identificação de híbridos que combinam alta produtividade com estabilidade sob condições variadas. Tal análise é particularmente valiosa para o Norte e Noroeste do Rio de Janeiro, onde a variabilidade climática e do solo influencia significativamente o desempenho das culturas, contribuindo para o desenvolvimento de estratégias de cultivo adaptadas.

Dessa forma, reforça-se a importância de se estudar a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos, visando orientar recomendações, especialmente para os produtores das regiões Norte/Noroeste do estado do Rio de Janeiro.

3.2.4.2. Análises de Adaptabilidade e Estabilidade

O método do GGE biplot, foi utilizado para estudar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, sendo que os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) estão relacionados ao efeito principal do genótipo e a fração do rendimento que se associa aos efeitos da interação (G) + (GE). O primeiro componente principal (PC1) indica a adaptabilidade do genótipo, ou seja, está altamente correlacionada com o rendimento. O segundo componente principal (PC2) representa a estabilidade fenotípica, correlacionado com os ambientes. Genótipos com valores de PC2 mais próximos de zero são considerados os mais estáveis (Yan et al., 2000).

Segundo Yan (2000), ambos os componentes principais devem explicar uma variação total (G + GE) superior a 60% para que se considere adequada a aplicação correta da metodologia do GGE biplot. Seguindo essa abordagem, na Figura 1, que representa todas as variáveis, foram encontrados os seguintes valores de PC1+PC2: 86,01% para comprimento de espiga sem palha, 97,7% para diâmetro de espiga sem palha, 86,21% para prolificidade, 92,09% para peso de espiga sem palha, 80,85% para peso de 1000 grãos e 91,04% para rendimento, conferindo-lhes assim uma alta confiabilidade nos resultados obtidos. Estudos anteriores, como os de Crevelari et al. (2023), Lima et al. (2023) e Oliveira et al. (2019), que avaliaram híbridos de milho para silagem e grãos, obtiveram valores de 83,68%, 62,74% e 60,01%, respectivamente, para a variável de rendimento.

O GGE biplot fornece diversas ferramentas, através de plotagem gráfica para visualizar a resposta dos genótipos em épocas e ambientes distintos. Uma dessas visualizações é o polígono denominado “qual-ganhou-onde” (Figura 1), que divide o gráfico em setores com as linhas azuis pontilhadas partindo do centro da biplot, agrupando os ambientes e representando aqueles mais semelhantes (Yan & Rajcan, 2002). No polígono formado, representado pela linha contínua azul, observar -se a presença de genótipos que se localizam dentro do polígono e nos seus vértices.

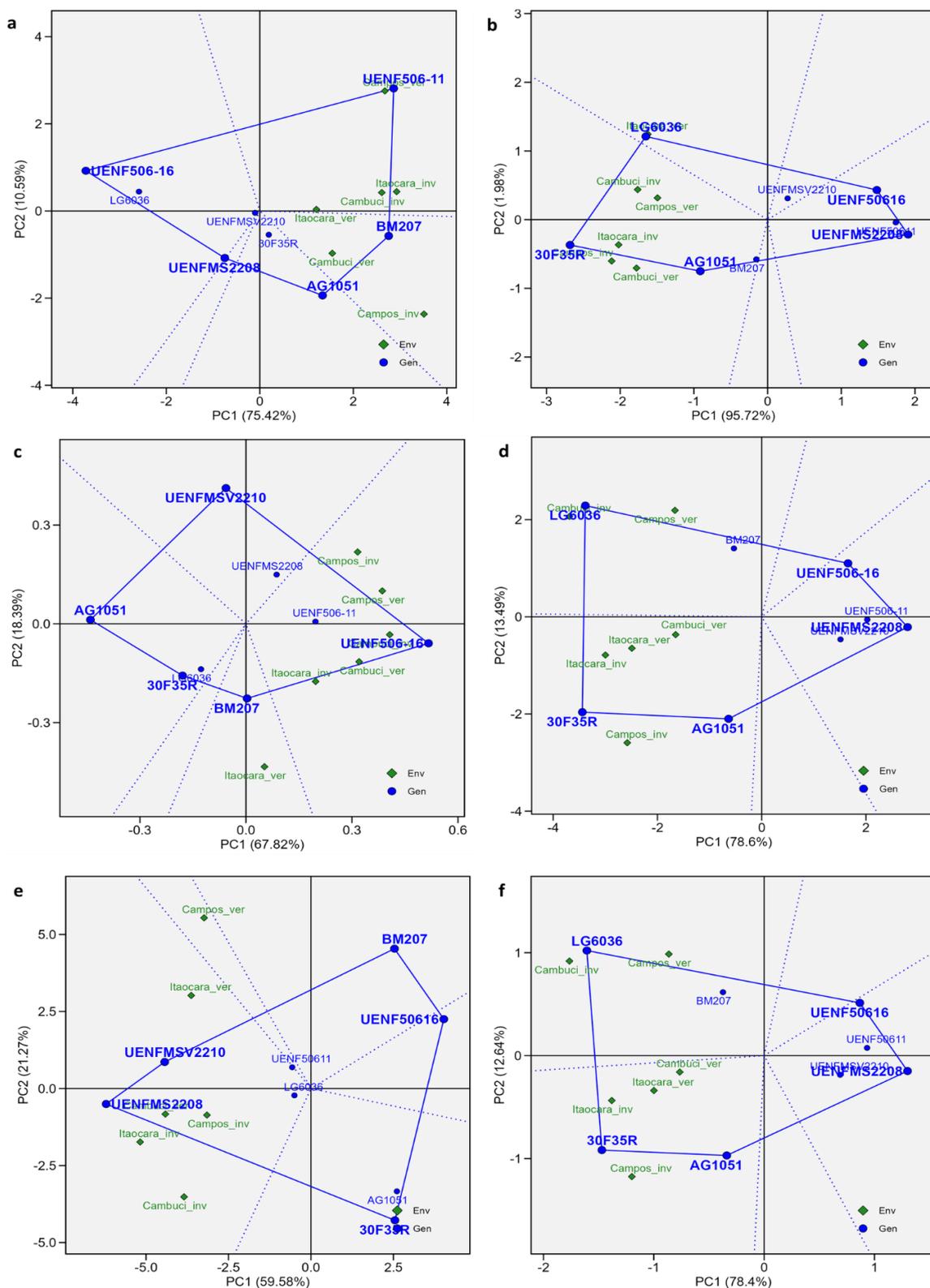


Figura 1. GGE biplot representando “qual-ganhou-onde” dos principais efeitos genótipo e da interação genótipos x ambientes dos 8 híbridos de milho para: **a)** Comprimento de espiga sem palha (mm); **b)** Diâmetro de espiga sem palha (mm); **c)** Prolifricidade (espiga/planta); **d)** Peso de espiga (kg ha⁻¹); **e)** Peso de 1000 grãos (g); **f)** Rendimento de grãos (kg ha⁻¹), em seis ambientes. ver: safra de verão (21/22), inv: safra de inverno (21/21).

Os genótipos que estão alocados dentro do polígono são os que apresentam o menor desempenho médio para as características avaliadas (Figura 1). Aqueles que se encontram nos vértices, porém não estão alocados a nenhum setor que possua um ambiente, são considerados desfavoráveis aos ambientes testados, apresentando baixa responsividade e rendimento. Por outro lado, os genótipos posicionados nos vértices, que estão mais afastados do centro de origem e contidos em um setor que tenha ambientes, são aqueles que apresentaram maior responsividade aos estímulos dentro desse grupo de ambientes (Karimizadeh et al., 2013; Yihunie & Gesesse, 2018; Yan & Rajcan, 2002).

Desse modo para a variável comprimento de espiga sem palha, o genótipo UENF 506-11 apresentou o maior comprimento, seguido pelo genótipo BM 207. O genótipo UENF 506-11 está posicionado no vértice do polígono do setor que contém os ambientes Campos dos Goytacazes - verão, considerado o melhor ambiente para esse genótipo, bem como os ambientes de Itaocara - inverno e verão, e Cambuci - inverno. Por outro lado, o genótipo BM 207 está localizado no outro vértice, que abrange os demais ambientes (Figura 1a). Para a variável diâmetro de espiga sem palha (Figura 1b), o genótipo 30F35R obteve o maior diâmetro e está localizado no vértice do polígono, dentro do setor que inclui os ambientes de Campos e Cambuci, nas duas épocas, e Itaocara – inverno. Nesse mesmo setor, com a terceira maior média, encontra-se o genótipo AG 1051. Já no outro vértice, em outro setor, se encontra o ambiente de Itaocara inverno, onde está o genótipo LG 6036 com segunda maior média.

Na prolificidade, a maior média foi observada para o genótipo UENF 506 16, que se encontra no vértice do polígono, no setor que engloba todos os ambientes, exceto Itaocara – verão (Figura 1c). Para peso de espiga, os genótipos 30F35R e LG 6036 obtiveram as maiores médias, mas estão localizados em vértices e setores opostos. No setor que contém a maioria dos ambientes, encontra-se o genótipo 30F35R, juntamente com o AG 1051, que apresentou a terceira maior média. O genótipo LG 6036, com a segunda maior média, está posicionado no setor que inclui os ambientes de Cambuci – inverno, considerado o melhor ambiente para esse genótipo, e Campos – verão (Figura 1d).

Para a variável peso de 1000 grãos (Figura 1e), os genótipos UENF MS 2208 e UENF MSV 2210, localizados nos vértices do polígono, apresentaram as maiores médias para essa variável. Esses genótipos estão no setor que engloba

todos os ambientes, exceto Campos – verão. Para a variável rendimento (Figura 1f), o genótipo LG 6036 demonstrou o melhor rendimento e se encontra no vértice do polígono, no qual estão contidos os ambientes de Cambuci – inverno e Campos dos Goytacazes – verão, apresentando uma maior resposta aos estímulos desse conjunto. O genótipo 30F35R e o AG 1051 posicionaram-se em vértices pertencentes ao setor que contém os demais ambientes: Campos dos Goytacazes – inverno, Cambuci – verão e Itaocara nas duas épocas, inverno e verão. Esses genótipos foram os melhores dentro desse vértice, onde se concentra a maioria dos ambientes. No entanto, para todas as variáveis aqueles genótipos que se encontram nos vértices do polígono, mas não se agrupam a nenhum dos ambientes estudados, não foram considerados responsivos a nenhum desses ambientes.

A visualização do desempenho médio e da estabilidade dos genótipos é obtida pela disposição do gráfico bidimensional, que traça uma coordenada média de ambiente (AEC) no biplot (Figura 2). Primeiramente, um ambiente médio, representado pelo pequeno círculo, é definido pelas médias dos componentes PC1 e PC2 dos ambientes. A seta que se encontra na linha que passa pela origem do biplot indica a direção de maior desempenho médio dos genótipos.

A ordenada de AEC é representada pela linha vertical que passa pela origem do biplot e é perpendicular à abscissa, que corresponde à linha horizontal do AEC (representada por linhas contínuas verdes). Portanto, se a abscissa AEC representa o (G), a ordenada AEC expressa a instabilidade genotípica associada à interação genótipo x ambiente (IGA), sendo uma medida da variabilidade dos genótipos (Yan et al., 2007). Desse modo, as projeções em relação à abscissa AEC são representadas pelas linhas azuis pontilhadas no gráfico. Uma projeção maior, independentemente da direção, indica maior instabilidade dos genótipos, e àqueles que possuem uma projeção menor em relação à abscissa AEC, são os mais estáveis (Yan & Tinker, 2006), sugerindo que os genótipos foram mais ou menos afetados pela interação genótipos x ambientes, respectivamente.

Ao observar o gráfico, pode-se analisar o desempenho médio com base na ponta da seta e na localização do círculo do ambiente médio, posicionados sobre a abscissa que passa pela origem do biplot. Esses elementos indicam os genótipos com melhor desempenho médio. Portanto, é importante observar o sentido da seta, a fim de determinar se os genótipos apresentam desempenho superior ou inferior à média geral, conforme indicado pela ordenada da AEC.

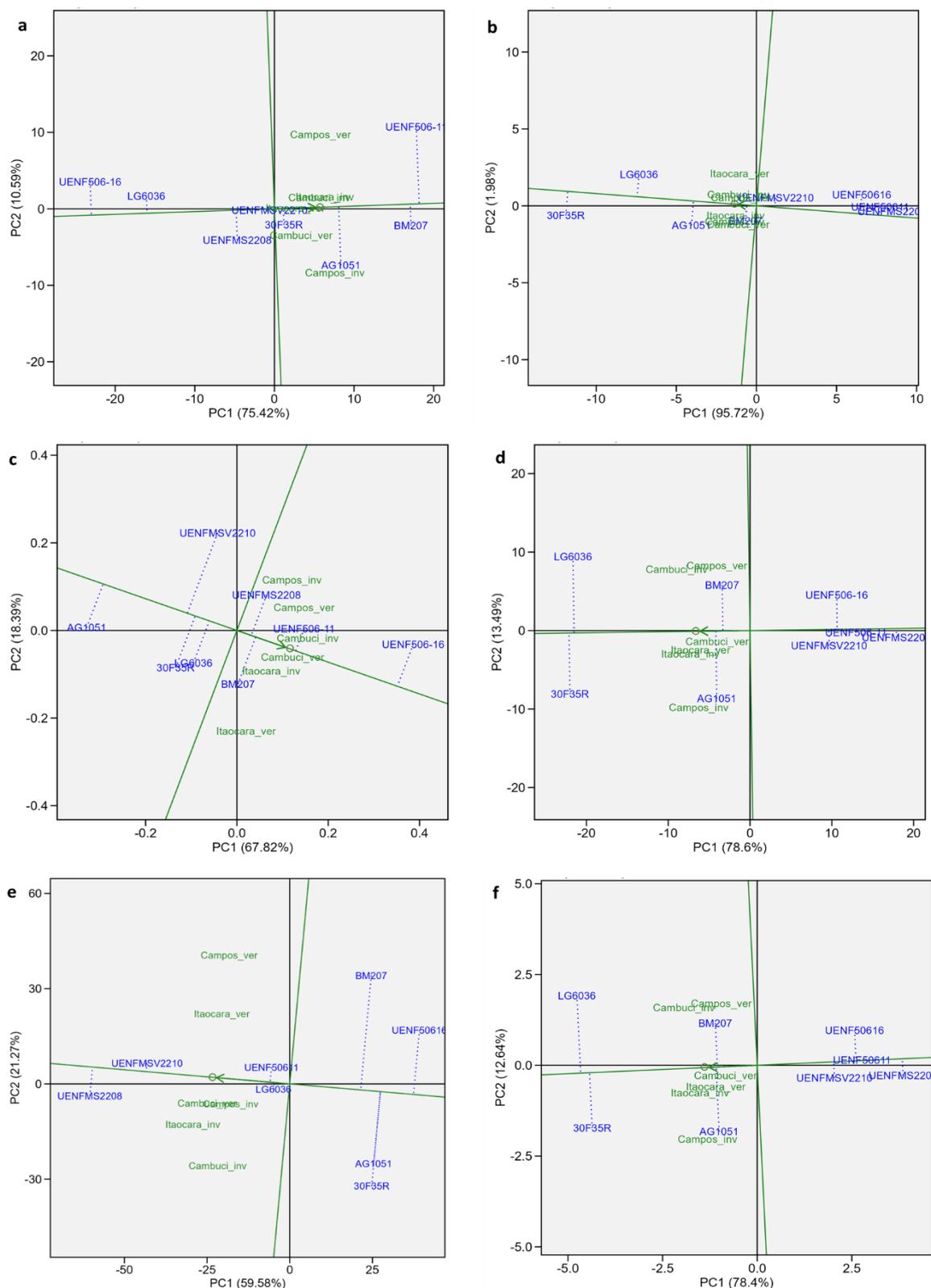


Figura 2: GGE biplot representando “média x estabilidade” dos principais efeitos genótipo e da interação genótipos x ambientes dos 8 híbridos de milho para: **a)** Comprimento de espiga sem palha (mm); **b)** Diâmetro de espiga sem palha (mm); **c)** Prolifricidade (espiga/planta); **d)** Peso de espiga (kg ha⁻¹); **e)** Peso de 1000 grãos (g); **f)** Rendimento de grãos (kg ha⁻¹), em seis ambientes. ver: safra de verão (21/22), inv: safra de inverno (21/21).

Com base nas descrições anteriores, na Figura 2a, observa-se que, para o comprimento de espiga sem palha, os genótipos UENF 506-11 e BM 207 obtiveram as maiores médias, com 167,98 mm e 167,29 mm, respectivamente. O genótipo AG 1051 apresentou a terceira maior média, com 164,06 mm. No entanto, tanto o UENF 506-11 quanto o AG 1051, apesar de estarem acima da média, foram considerados os menos estáveis devido às maiores projeções em relação à linha horizontal. Por outro lado, os híbridos UENF MSV 22010 e o 30F35R também apresentaram médias acima da média geral e maior estabilidade, por suas projeções serem menores e estarem mais próximos a linha horizontal.

No diâmetro de espiga sem palha (Figura 2b), os híbridos 30F35R, LG 6036, AG 1051 e BM 207 apresentaram valores acima da média geral. No entanto, são considerados os menos estáveis nessa característica. Os híbridos da UENF, embora com valores abaixo da média geral, foram os mais estáveis para essa variável. Na prolificidade, observa-se que os genótipos UENF 506 16, UENF 506-11, BM 207 e UENF MS 2208 ficaram acima da média geral, sendo o UENF 506-11 o mais estável, seguido pelo UENF 506 16 (Figura 2c).

No peso de espiga, observa-se novamente a disposição dos híbridos, com destaque para o 30F35R e o LG 6036, seguidos pelo BM 207 e AG 1051. Esses híbridos estão acima da média, porém são considerados os menos estáveis em termos dessa característica (Figura 2d). Por outro lado, um grupo final de híbridos, embora apresentem médias abaixo da média geral, demonstrou boa estabilidade para o peso de espiga. Para peso de 1000 grãos, os híbridos UENF MS 2208, MSV 2210, UENF 506-11 e LG 6036 apresentaram as maiores médias, situando-se acima da média geral, além de mostrarem boa permanência nessa característica (Figura 2e).

Para a característica de rendimento, os genótipos LG6036 e 30F35R, ambos híbridos simples, apresentaram as maiores médias, com 9.743 Kg ha⁻¹ e 9.644 Kg ha⁻¹, respectivamente. No entanto, também foram os menos estáveis, devido à maior distância da projeção em relação a linha horizontal. Os genótipos AG 1051 e BM 207, híbridos duplos, com médias 8.318 Kg ha⁻¹ e 8.221 Kg ha⁻¹ respectivamente, também foram considerados menos estáveis, embora apresentem médias superiores à média geral.

Por fim, os genótipos da UENF – UENF MSV 2210, UENF 506-16, UENF 506-11 e UENF MS 2208 – todos híbridos interpopulacionais, apresentaram

médias de 7.047, 6.948, 6.956 e 6.408 Kg ha⁻¹, respectivamente, sendo os mais estáveis, por apresentarem as menores projeções em relação à abscissa AEC (Figura 2f).

O genótipo considerado “ideal” é definido como aquele que apresenta o maior vetor nos componentes principais PC1 e PC2, sem projeção, sendo representado pela seta no centro dos círculos concêntricos. Dessa forma, esse genótipo demonstra o melhor desempenho médio e a maior estabilidade em todos os ambientes testados (Kendal et al., 2019; Yan & Rajcan, 2002; Yan & Kang, 2003). Os círculos concêntricos restantes, presentes na figura, auxiliam na visualização da distância entre os genótipos. Com base nessa definição, o ideótipo é aquele que apresenta um desempenho elevado e alta estabilidade. No entanto, vale ressaltar que esse ideótipo em questão é considerado apenas hipotético, servindo apenas como referência para a comparação entre os demais genótipos. Portanto, ao analisar a Figura 3, é possível identificar o ideótipo como sendo aquele que contém um vetor longo e baixa interação G × E, representado pela seta dentro do menor círculo concêntrico na área do gráfico.

Assim, ao interpretar o gráfico para a variável comprimento de espiga sem palha, o híbrido BM 207, localizado no primeiro círculo concêntrico, é considerado o mais próximo do ideal, apresentando maior estabilidade produtiva (Figura 3a). Da mesma forma, o híbrido 30F35R é o mais próximo do ideótipo em relação ao diâmetro de espiga sem palha, localizado no primeiro círculo concêntrico e demonstrando boa estabilidade (Figura 3b).

Em prolificidade (Figura 3c), o genótipo que se destaca como ideal é o UENF 506 16, posicionado no segundo círculo concêntrico, o que lhe confere a melhor estabilidade produtiva. No peso de espiga, os híbridos 30F35R e LG6036 estão localizados no segundo círculo concêntrico, ficando mais próximos do genótipo ideal (Figura 3d). Para peso de 1000 grãos, os genótipos que podem ser considerados ideais, são os UENF MS2208 e o UENF MSV2210, localizados no primeiro e segundo círculos concêntricos, respectivamente (Figura 3e).

Para a variável de rendimento, os híbridos 30F35R e LG6036, localizados no segundo círculo concêntrico, são os que se aproximam mais do genótipo ideal. Embora o LG6036 apresente um rendimento mais elevado, não sendo tão estável, conferindo assim ao 30F35R o genótipo que seria o ideal em termos de média e estabilidade (Figura 3f).

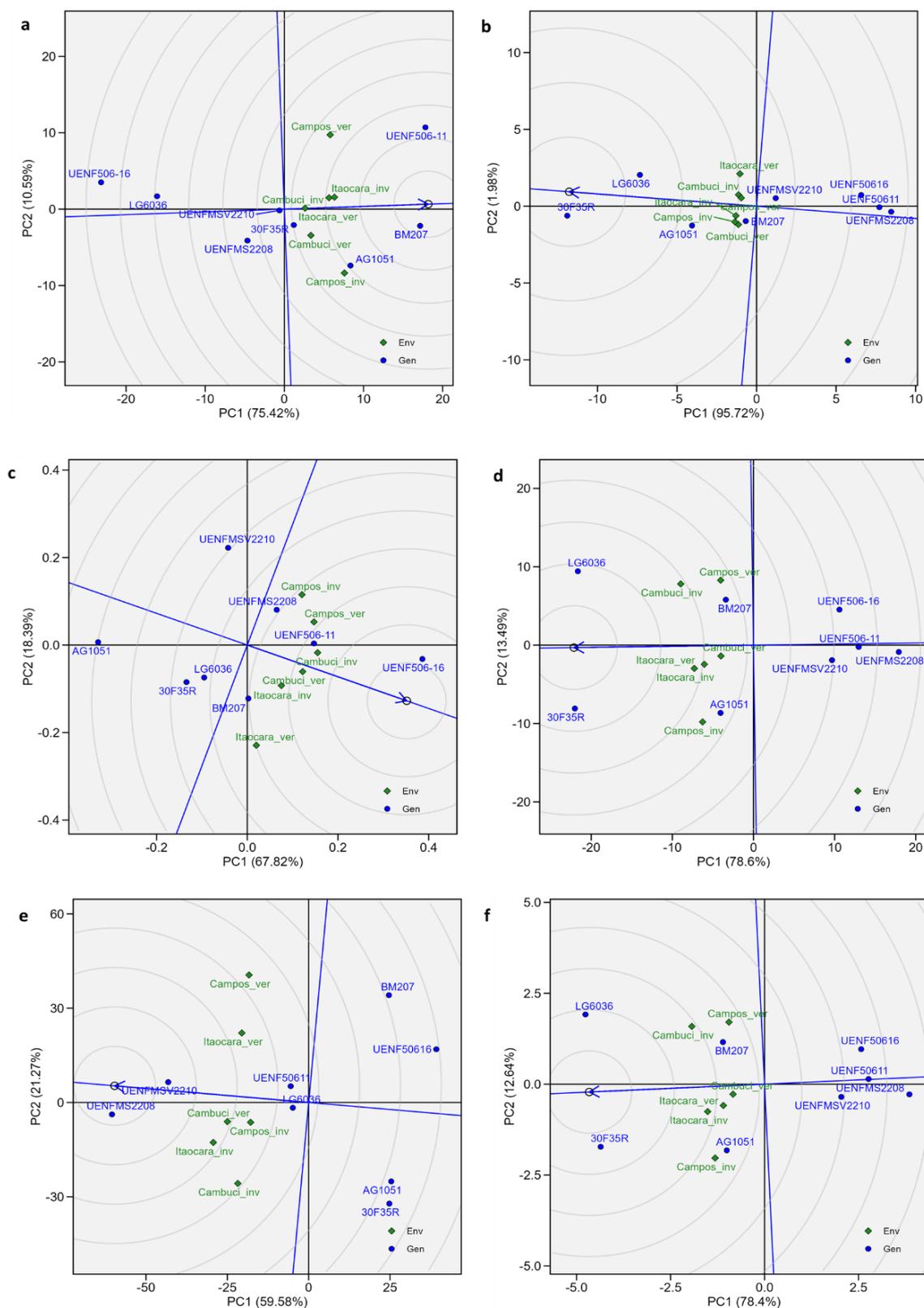


Figura 3. GGE biplot representando “genótipo ideal” dos principais efeitos genótipo e da interação genótipos \times ambientes dos 8 híbridos de milho para: **a)** Comprimento de espiga sem palha (mm); **b)** Diâmetro de espiga sem palha (mm); **c)** Prolifricidade (espiga/planta); **d)** Peso de espiga (kg ha⁻¹); **e)** Peso de 1000 grãos (g); **f)** Rendimento de grãos (kg ha⁻¹), em seis ambientes. ver: safra de verão (21/22), inv: safra de inverno (21/21).

Todos os resultados até aqui discutidos foram confirmados pelo teste da média (Tabela 3).

Tabela 3. Média geral dos oito genótipos para todas as características avaliadas com seus respectivos testes de média de Tukey nos três ambientes nas duas épocas.

GENÓTIPOS	VARIÁVEIS					
	CESP	DESP	PROL	PE	P1000	REND
LG 6036	154,89 de	50,74 b	0,98 bcd	47399,0 a	338,67 bc	9743,0 a
30F35R	160,89 bc	52,51 a	0,98 bcd	47489,0 a	324,64 cd	9644,0 a
AG 1051	164,06 ab	49,28 c	0,89 d	40586,0 b	324,46 cd	8318,0 b
BM 207	167,29 a	47,97 d	1,03 bc	39846,0 bc	327,48 cd	8221,0 b
UENF MSV2210	160,99 bc	47,18 d	0,97 cd	34916,0 cd	352,97 ab	7047,0 c
UENF 506-16	151,62 e	45,09 e	1,16 a	34884,0 cd	320,06 d	6948,0 c
UENF 506-11	167,98 a	44,54 e	1,07 ab	33648,0 d	336,95 c	6756,0 c
UENF MS2208	159,16 cd	44,26 e	1,02 bc	31889,0 d	359,93 a	6408,0 c

CESP: comprimento de espiga sem palha (mm); DESP: diâmetro de espiga sem palha (mm); PROL: prolificidade (espiga/planta), PE: peso de espiga (kg ha^{-1}); P1000: peso de 1000 grãos (g) e REND: rendimento (kg ha^{-1}). Médias seguidas pela mesma letra, na mesma coluna, não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Tukey, ao nível de 5 % de probabilidade.

Ao observar o comportamento dos genótipos nos gráficos em relação ao rendimento de grão, que é considerado a característica principal na cultura do milho, identifica-se a existência de três grupos distintos, de acordo com o teste de média apresentado na Tabela 3. O primeiro grupo é composto por dois genótipos comerciais, caracterizados por médias mais elevadas, sendo híbridos simples e também os menos estáveis. O segundo grupo é formado pelos outros dois genótipos comerciais, que apresentam médias e estabilidade intermediárias, sendo híbridos duplos. Por fim, temos o terceiro grupo, representado pelos híbridos da UENF, que são híbridos interpopulacionais, com menores médias, porém mais estáveis. Esse comportamento pode ser observado também nas variáveis que são altamente correlacionadas com o rendimento, como o diâmetro de espiga e peso de espiga.

Os híbridos simples são provenientes de cruzamento entre duas linhagens puras e são indicados para sistemas de produção que utilizam alta tecnologia, devido ao seu maior potencial produtivo e maior uniformidade de plantas e espigas (Fritsche-Neto et al., 2015). No entanto, é importante destacar que esses híbridos tendem a ter um custo mais elevado, devido à sua origem a partir do cruzamento de linhagens puras.

As linhagens puras são desenvolvidas por meio de sucessivas autofecundações e selecionadas durante várias gerações. Assim, são compostas por indivíduos descendentes da mesma planta e são caracterizadas pela homozigose, ou seja, apresentam basicamente as mesmas características genéticas. Essa uniformidade genética pode levar à depressão por endogamia. No entanto, ao realizar o cruzamento entre duas linhagens puras distintas, recupera-se o vigor híbrido, maximizando a heterose e conferindo-lhes elevada produtividade, resistência a doenças e pragas, adaptabilidade a diferentes condições climáticas, entre outras características desejáveis.

É válido ressaltar que a uniformidade genética favorável dos híbridos simples em um determinado ambiente pode se tornar desvantajosa quando cultivados em uma série de ambientes contrastantes ou sob condições de estresses bióticos ou abióticos.

Os híbridos duplos são provenientes do resultado do cruzamento entre dois híbridos simples e são caracterizados por combinar aumento de produtividade com custos de produção reduzido. Além disso, esses híbridos apresentam maior heterogeneidade (variabilidade genética), o que resulta em maior estabilidade produtiva. Os híbridos duplos capitalizam parcialmente a heterose, resultando em um rendimento médio, sendo recomendados para produtores com média tecnologia agrícola, buscando um equilíbrio entre aumento de produtividade e custos de produção mais baixos.

Com os híbridos interpopulacionais, foi possível oferecer tecnologias alternativas para produção de sementes híbridas com bom potencial genético, porém a custos mais acessíveis. Esses híbridos resultam do cruzamento entre duas populações de milho que possuem uma base genética ampla e capitalizam parcialmente a heterose. Por serem populações, possuem variabilidade genética, e os híbridos tendem a capitalizar uma menor proporção da heterose.

Esses híbridos tendem a apresentar maior estabilidade, pois ao longo dos anos e dentro de determinada área geográfica, demonstram uma menor oscilação na produção, respondendo de forma previsível às melhorias do ambiente (anos mais favoráveis) e não apresentando grandes quedas de produção nos anos desfavoráveis. Essa estabilidade produtiva é um atributo valioso para os agricultores, pois lhes permite planejar e prever de maneira mais confiável os resultados de suas colheitas.

Os resultados obtidos corroboram os achados de Crevelari et al. (2023), que demonstraram que os híbridos da UENF testados apresentam maior estabilidade. Essa consistência no desempenho reforça a confiabilidade dos híbridos da UENF em diferentes condições de cultivo.

Os híbridos desenvolvidos pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) têm se mostrado uma alternativa promissora para o cultivo de milho, promovendo maior produtividade entre os produtores locais. De acordo com Gonçalves (2021), esses híbridos não apenas contribuem para a economia da região, mas também apresentam características competitivas no mercado nacional. Desde 1996, a UENF tem desenvolvido, por meio de seu programa de melhoramento genético, híbridos específicos para as regiões Norte e Noroeste Fluminense, atendendo às necessidades locais de produção.

A avaliação de adaptabilidade e estabilidade dos híbridos é um passo essencial na seleção de cultivares superiores no contexto do melhoramento genético de plantas. Entre as inovações introduzidas, os híbridos interpopulacionais apresentam-se como uma alternativa tecnológica para a produção de sementes com bom potencial genético, a custos reduzidos. O método de melhoramento aplicado demanda menos recursos financeiros e tempo, representando uma opção viável para os produtores da região.

Diante desse cenário, este manuscrito apresenta uma pesquisa para avaliar o desempenho de cultivares de milho e recomendar novos híbridos para serem utilizados em programas de melhoramento genético, buscando combinar, simultaneamente, alto rendimento e estabilidade em diferentes ambientes no estado do Rio de Janeiro. As descobertas desta pesquisa vão além do progresso científico, impactando diretamente a agricultura local e influenciando futuras direções de investigação. Essas inovações potencialmente abrem novos caminhos

para o desenvolvimento de tecnologias agrícolas, beneficiando tanto os produtores quanto a comunidade em geral.

3.2.5. CONCLUSÕES

A utilização do método GGE biplot possibilitou a análise e a identificação dos híbridos de milho com melhor desempenho para o estado do Rio de Janeiro. Os híbridos desenvolvidos pela UENF destacaram-se por sua maior estabilidade, permitindo o cultivo em diversas condições ambientais sem grandes oscilações de produtividade, o que os torna uma alternativa acessível e promissora para os produtores nas regiões Norte e Noroeste Fluminense.

3.3. DESENVOLVIMENTO, VALIDAÇÃO E APLICAÇÃO DE METODOLOGIAS DE FENOTIPAGEM DIGITAL PARA AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS

3.3.1. INTRODUÇÃO

O milho se consolidou como uma das espécies agrícolas mais importantes do mundo, sendo amplamente cultivado em praticamente todos os continentes (Môro & Fritsche-Neto, 2015). Este cereal possui ampla aplicação, incluindo alimentação humana e animal, além de ser uma fonte significativa para a produção de biocombustíveis. O Brasil, sendo um dos maiores produtores de milho no mundo, ocupa uma posição de destaque na produção global, atrás apenas da soja (FIESP, 2024).

O constante avanço na produtividade da cultura do milho tem sido impulsionado pelo melhoramento genético, que busca melhorar características agronômicas importantes, como a resistência a doenças, rendimento e qualidade dos grãos (Hallauer et al., 2010; Cruz et al., 2012). No entanto, os métodos tradicionais de avaliação fenotípica, muitas vezes baseados em medições manuais, apresentam limitações significativas, como alto custo, tempo excessivo e grande demanda de mão de obra (Fritsche-Neto & Borém, 2016; Tanger et al., 2017).

Nesse contexto, a fenotipagem digital surge como uma solução inovadora, permitindo a coleta e análise de dados fenotípicos de maneira mais rápida, precisa e em larga escala. O uso de técnicas como a análise de imagens digitais tem sido

amplamente explorado para extrair informações fenotípicas relevantes, contribuindo para a seleção de genótipos com maior potencial produtivo (Makanza et al., 2018a; Maciel et al., 2019). Métodos baseados em imagens RGB, por exemplo, têm sido amplamente utilizados para monitorar características como o tamanho e o número de grãos, floração, densidade de plantas e outras características morfoagronômicas de interesse (Li et al., 2014; Roscher et al., 2014).

A aplicação dessas técnicas possibilita a avaliação de características morfoagronômicas e fisiológicas em grandes populações de plantas de forma simultânea, ágil e com excelente relação custo-benefício (Araus et al., 2018). Além disso, esses métodos se destacam por sua precisão e eficiência na captação de informações fenotípicas em larga escala, de forma não destrutiva e ao longo de todo o ciclo da cultura, otimizando o processo de seleção em programas de melhoramento genético (Fritsche-Neto & Borém, 2016). Estudos recentes também demonstram que essa abordagem pode aumentar a eficiência na estimativa de parâmetros genéticos e na seleção de genótipos superiores (Cortes et al., 2018; Santa Catarina et al., 2018). Nesse cenário, abordagens integrativas têm sido exploradas, combinando dados genômicos e fenotípicos para aumentar a precisão da seleção em programas de melhoramento (Xu & Yang, 2021).

Nesse contexto, a fenotipagem digital se destaca por sua precisão, rapidez e redução de custos, minimizando a necessidade de mão de obra e tornando-se uma ferramenta essencial para o avanço do melhoramento do milho. Sua validação não apenas otimiza a seleção de genótipos, mas também impulsiona a agricultura sustentável e fortalece a segurança alimentar global. Além disso, a adoção dessas tecnologias permite um uso mais eficiente de tempo e recursos, atendendo à crescente demanda por inovação e precisão nos programas de melhoramento.

Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo desenvolver, validar e aplicar uma metodologia de fenotipagem digital baseada em análise de imagens para a avaliação de características morfoagronômicas em milho. O foco foi avaliar a eficiência dessa tecnologia na estimativa de parâmetros genéticos e na seleção de híbridos. A implementação dessas metodologias contribui não apenas para o avanço da agricultura de precisão, mas também promove práticas mais sustentáveis, otimizando recursos e impulsionando a segurança alimentar global.

3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.3.2.1. Fenotipagem digital e suas aplicações no melhoramento de plantas

O aumento da população mundial, projetado para atingir 9,7 bilhões de pessoas até 2050, está diretamente relacionado à crescente demanda por alimentos, fibras e energia (Tilman et al., 2011; FAO, 2018). Para atender a essas necessidades, os programas de melhoramento genético são essenciais, pois visam ao desenvolvimento de cultivares que sejam mais produtivas, tolerantes a estresses bióticos e abióticos, e que atendam a outras necessidades do setor agrícola (Machado Junior, 2017). No entanto, os métodos tradicionais de fenotipagem, embora ainda amplamente utilizados, apresentam desafios significativos, como a alta demanda por tempo e mão de obra, e a possibilidade de erros experimentais que afetam a precisão das medições.

Nos últimos anos, embora os avanços significativos no melhoramento genético tenham sido expressivos, as avaliações fenotípicas não avançaram no mesmo ritmo. Limitações na eficiência da fenotipagem são cada vez mais percebidas como uma restrição chave para a genética avançar em programas de melhoramento. O chamado "gargalo de fenotipagem" (*phenotyping bottleneck*) é apontado como um dos principais desafios dos programas de melhoramento. Essa lacuna entre a quantidade e qualidade de informações genômicas e fenotípicas limita a precisão dos modelos estatísticos e, conseqüentemente, o progresso do ganho genético (Abera Desta e Ortiz, 2014; Santos e Yassitepe, 2014; Araus et al., 2018).

A fenotipagem digital, impulsionada pelo processamento de imagens digitais, tem se destacado como uma solução eficiente. A tecnologia de sensoriamento remoto, utilizando sensores ópticos como câmeras digitais RGB, fluorômetros e câmeras multiespectrais ou hiperespectrais, permite a captura de dados fenotípicos com maior precisão e em larga escala. O uso de drones (Veículo Aéreo Não Tripulados - VANTs), acoplados a esses sensores, tem ampliado ainda mais as possibilidades de captura de imagens, proporcionando uma avaliação de características morfoagronômicas e fisiológicas em grandes populações de plantas, de forma simultânea, não destrutiva e com alta eficiência (Araus et al., 2018).

Diversos estudos têm demonstrado a aplicação da fenotipagem digital para estimar características fenotípicas em culturas de interesse econômico, como altura de plantas e rendimento em trigo (Swain et al., 2010), atributos biofísicos e bioquímicos, como teor de clorofila, nitrogênio e biomassa em trigo (Makanza et al., 2018a), milho e arroz (Buchailot et al., 2019), além da estimativa da data de maturação em soja e da altura de plantas de trigo por meio de imagens obtidas com VANTs (Volpato et al., 2021). Essa abordagem também tem sido utilizada para estimar o número de frutos e a produção em culturas como mamão (Cortes et al., 2017), abóbora (Junior, 2017) e maracujá (Jesus et al., 2022).

Entre as metodologias emergentes, destaca-se a fenotipagem baseada em imagens digitais, que emprega técnicas de visão computacional para extrair informações úteis a partir de imagens (Gunasekaran, 2000). Ferramentas como ImageJ, PlantCV e bibliotecas baseadas em inteligência artificial, como TensorFlow, têm sido amplamente utilizadas para o processamento e análise de imagens em fenotipagem digital. No caso do milho, a fenotipagem digital possibilita o desenvolvimento de supercaracteres, como a estimativa de volume e peso de espigas, com impacto direto na previsão do rendimento de grãos.

A fenotipagem baseada em imagens envolve o processamento de imagens e técnicas de análise, parte da visão computacional, que estuda as bases algorítmicas para extrair informações úteis a partir de imagens. Essa implementação científica utiliza imagens 2D ou 3D, sendo possível utilizar sistemas baseados em luz visível, infravermelho, laser, raio-X e sistemas magnéticos (Pandey et al., 2013).

No contexto agrícola, o processamento de imagens tem sido amplamente utilizado para automatizar a inspeção de produtos agrícolas, monitorando qualidade e identificando doenças, pragas e estresses abióticos, substituindo as operações manuais tradicionais (Gunasekaran, 2000; Rashidi et al., 2007; Pandey et al., 2013). Essas tecnologias oferecem maior precisão, praticidade e eficiência nos processos de avaliação, sendo essenciais para a agricultura de precisão.

Os programas de melhoramento buscam integrar a fenômica atue de forma simultânea a genômica, promovendo o desenvolvimento de plataformas de fenotipagem de alto rendimento (*High-Thoroughput Phenotyping Platforms*). Essas plataformas combinam acessibilidade com alta capacidade de coleta, processamento e armazenamento de dados, além de flexibilidade para avaliar

múltiplas espécies e condições experimentais (Cobb et al., 2013; Fiorani e Schurr, 2013; Araus et al., 2015).

Diante disso, a criação de soluções modulares, ou seja, sistemas adaptáveis e configuráveis de acordo com as necessidades específicas de cada situação, mostra-se essencial para superar o gargalo de fenotipagem. Essas soluções podem envolver a combinação de diferentes tecnologias, como sensores, drones, câmeras e softwares de análise, permitindo que as plataformas de fenotipagem atendam a múltiplas demandas, como a avaliação de diferentes espécies, características e condições experimentais. Essa flexibilidade otimiza o processo de seleção e impulsiona os avanços no melhoramento genético de espécies agrícolas. As plataformas modernas devem ser capazes de avaliar, de forma simultânea, múltiplas espécies e características fenotípicas, atendendo às demandas de um setor agrícola cada vez mais dinâmico e tecnológico (Volpato et al., 2021; Araus et al., 2023).

3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1. Material genético

Os materiais genéticos utilizados neste estudo foram híbridos oriundos do programa de melhoramento genético de milho da Universidade Estadual do Norte, Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) — UENF MSV 2210, UENF MS 2208, UENF 506-11 e UENF 506-16 — além de híbridos de milhos comerciais disponíveis no mercado, utilizados como testemunhas, AG 1051, BM 207, LG 6036 e 30F35R.

3.3.3.2. Local e instalação do experimento

A condução e a avaliação dos híbridos de milho foram realizadas simultaneamente em três locais: Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo (Campos dos Goytacazes – RJ), Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba (Itaocara – RJ) e Instituto Federal Fluminense – Campus Avançado Cambuci (Cambuci – RJ), em duas épocas de cultivo, totalizando seis ambientes.

Os experimentos seguiram o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas experimentais consistiam em quatro fileiras de 4,0 m de comprimento, espaçadas a 0,70 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, totalizando 80 plantas por parcela. A adubação inicial utilizou NPK 04-14-08 (80 g/m), seguida por duas coberturas: aos 30 dias com NPK 20-00-20 (30 g m⁻¹) e aos 45 dias com ureia (20 g m⁻¹). Os tratos culturais foram realizados conforme as recomendações para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000), e a colheita foi realizada aos 120 dias após a semeadura.

3.3.3.3. Características avaliadas

As características morfoagronômicas avaliadas neste estudo incluíram: altura da planta (AP, cm), altura da espiga (AE, cm), comprimento médio das espigas com palha (CECP, mm) e sem palha (CESP, mm), diâmetro médio das espigas com palha (DECP, mm) e sem palha (DESP, mm), e diâmetro do sabugo (DSB, mm). Essas características foram mensuradas por meio de duas metodologias distintas: avaliação manual (fenotipagem convencional) e avaliação digital (fenotipagem por imagens).

3.3.3.4. Fenotipagem das características morfoagronômicas

Para ambas as metodologias, as avaliações de altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) foram realizadas nas primeiras e últimas plantas das quatro fileiras da unidade experimental, totalizando a amostragem dentro da parcela. As plantas da parte frontal de cada fileira foram identificadas com placas fixadas no colmo, contendo informações de repetição, tratamento e fileira. Já as plantas localizadas na parte traseira foram marcadas com pedaços de linha de lã, facilitando sua identificação, para a realização das duas metodologias. Esse procedimento visou garantir a comparabilidade entre os métodos.

Na avaliação manual, a altura da planta (AP) foi obtida utilizando uma régua de PVC com fita métrica afixada. A medida foi realizada do nível do solo até a folha bandeira e expressa em metros. A altura da espiga (AE) foi medida com a mesma régua de PVC, considerando a distância do nível do solo até a inserção da primeira espiga no colmo, também expressa em metros. Ambas alturas foram transformadas

para centímetros. O comprimento médio das espigas com palha (CECP) e sem palha (CESP) foi obtido por meio da medição, em milímetros, de seis espigas selecionadas ao acaso em cada fileira da parcela experimental, utilizando um paquímetro digital, modelo Digimes 300mm. O diâmetro médio das espigas com palha (DECP) e sem palha (DESP) foi calculado pela média do diâmetro das mesmas seis espigas, mensuradas com paquímetro digital e expresso em milímetros. O diâmetro do sabugo (DSB) foi mensurado no centro das espigas partidas ao meio, utilizando paquímetro digital, e expresso em milímetros.

A avaliação digital das características foi realizada com o auxílio de tecnologias de captura e processamento de imagens. Para as avaliações em campo, utilizou-se uma câmera digital Sony DSCHX 300, com imagens capturadas das primeiras e últimas plantas das quatro fileiras que compunham cada unidade experimental. As fotos foram obtidas mantendo uma distância de 2,0 m da fileira.

Para calibrar as imagens, foram posicionados próximos ao colmo das plantas quatro cilindros contendo faixas alternadas de 10 cm, pintadas nas cores branca e preta. Esses cilindros serviram como referência de escala, permitindo a calibração do software de análise. Assim, os pixels das imagens foram convertidos em valores reais (10 cm), possibilitando medições precisas de diferentes partes das plantas (Figura 1a).

Para as avaliações pós-colheita, as espigas foram digitalizadas com um scanner Optic-Pro A320. Três imagens foram capturadas para cada fileira da parcela experimental: uma das espigas com palha, uma das espigas sem palha e outra das espigas partidas ao meio. Ambas as imagens foram obtidas com resolução de 100dpi. Essas imagens permitiram analisar o comprimento e o diâmetro das espigas com palha (Figura 1b), sem palha (Figura 1c) e o diâmetro do sabugo (Figura 1d). Todas as imagens foram processadas no *software ImageJ* v1.50c, utilizando metodologias baseadas nos trabalhos de Cortes et al. (2017) e Santa Catarina et al. (2018), com algumas adaptações para este experimento



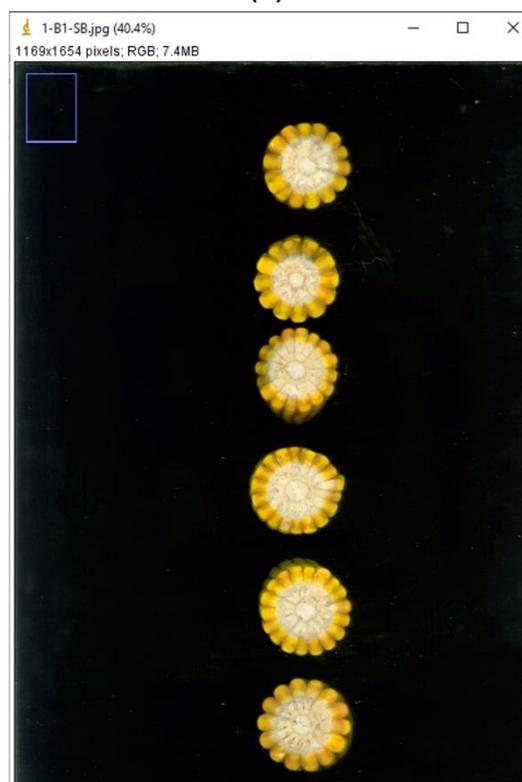
(a)



(b)



(c)



(d)

Figura 1. (a) Avaliação da altura de planta e altura de espiga no campo, com identificação das plantas e cilindros de calibração posicionados próximos ao colmo, contendo faixas alternadas de 10 cm em preto e branco para referência de escala; (b) Imagem digitalizada de espigas com palha; (c) Imagem digitalizada de espigas sem palha; (d) Imagem digitalizada do sabugo das espigas, utilizada para análise do diâmetro.

3.3.3.5. Análise estatística

3.3.3.5.1. Análise estatística para validação da fenotipagem digital

Os dados digitais obtidos a partir da imagem digital foram comparados com os dados coletados de forma convencional, a fim de verificar se a metodologia da análise digital das imagens difere estatisticamente da metodologia manual tradicionalmente utilizada. Para a validação dos dados, o estudo foi realizado em Cambuci, durante a segunda época de cultivo (safra de inverno), garantindo condições adequadas para a avaliação da metodologia.

Durante a validação, alguns pontos foram excluídos devido a diferenças discrepantes entre as metodologias avaliadas. Essas discrepâncias podem estar associadas a erros de anotação manual, dificuldade de visualização no campo ou limitações na análise das imagens digitais. Em alguns casos, fatores como a iluminação solar prejudicaram a visualização da folha bandeira, enquanto o porte elevado das plantas dificultou a captura completa de sua base nas fotografias.

Para verificar se as metodologias de fenotipagem de caracteres morfoagronômicos assistidas por imagens digitais diferem estatisticamente da metodologia manual, foi aplicado o teste *t* para médias pareadas, ao nível de 5% de probabilidade ($p > 0,05$), para avaliar as diferenças nas médias dos dados pareados (fenotipagem manual e fenotipagem via imagem digital).

Esse procedimento foi precedido pela análise descritiva dos dados, que forneceu informações sobre as médias, desvios padrão, valores mínimos e máximos das características avaliadas em ambos os métodos. Também foram realizados intervalos de confiança para a diferença média entre as metodologias que foram utilizadas.

Essas análises para a validação da fenotipagem por imagem digital foram realizadas com auxílio dos softwares *SigmaPlot* 11.0 para Windows e do Microsoft Office.

3.3.3.5.2. Análise estatística para a aplicação da fenotipagem manual e digital

Após validação da metodologia de fenotipagem digital, a próxima etapa foi avaliar sua aplicação em diferentes condições experimentais. Para isso, os dados

obtidos em seis ambientes distintos foram analisados, utilizando uma análise de variância (ANOVA) para comparar os métodos manual e digital. Essa abordagem teve como objetivo verificar a consistência do desempenho do método digital em diversas condições edafoclimáticas.

Inicialmente, os dados foram submetidos a análises de variância individuais para cada ambiente. Posteriormente, o teste de Hartley (1950) foi aplicado para verificar a homogeneidade das variâncias residuais. Após a confirmação da homogeneidade, realizou-se uma análise de variância conjunta, considerando os três locais avaliados em duas épocas de cultivo, totalizando seis ambientes, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

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

No qual:

Y_{ijk} : é a avaliação no i-ésimo genótipo, no j-ésimo ambiente, e no k-ésimo bloco; μ é a constante geral; G_i é o efeito fixo do i-ésimo genótipo; B/A_{jk} é o efeito aleatório k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente; A_j é o efeito aleatório do j-ésimo ambiente; GA_{ij} é o efeito da interação entre o i-ésimo genótipo j-ésimo ambiente; e_{ijk} : erro aleatório residual associado a cada observação, sendo NID $(0, \sigma^2)$.

Todas as análises de estimativa foram realizadas com auxílio do programa GENES (Cruz, 2013) e *SigmaPlot* 11.0 para *Windows*. Além disso, também foram obtidas as estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos, foram calculadas através das seguintes fórmulas:

Variabilidade Genotípica:

$$\theta_g^2 = \frac{(QMG - QMGA)}{ra}$$

Variância Fenotípica:

$$\sigma_f^2 = \frac{QMG}{ra}$$

Coefficiente de Determinação Genotípica:

$$H^2 = \left(\frac{\theta_g^2}{\sigma_f^2} \right)$$

Coefficiente de Variação Genético:

$$CV_g = 100 \left(\frac{\sqrt{\theta_g^2}}{\bar{X}} \right)$$

Índice de Variação:

$$I_V(\%) = 100 \left(\frac{CV_g}{CV_e} \right)$$

Coeficiente de Variação:

$$CV(\%) = 100 \left(\frac{\sigma}{\bar{X}} \right)$$

Coeficiente de Variação Experimental:

$$CV_e(\%) = 100 \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \right)$$

Em que:

QMG: Quadrado médio dos genótipos;

QMGA: Quadrado médio da interação genótipos x ambiente;

r : número de repetições;

a : número de ambientes.

3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.4.1. Validação da fenotipagem digital

A Tabela 1 apresenta os valores das médias, intervalos de confiança (IC), erro padrão (EP), coeficiente de variação (CV%) e coeficiente de determinação (r^2) das características avaliadas utilizando metodologias de fenotipagem digital e manual.

Os resultados demonstraram que, para todas as características avaliadas, as médias obtidas pelas metodologias digital e manual foram próximas, com sobreposição dos intervalos de confiança (Tabela 1). Esses resultados fornecem uma base confiável para a comparação entre as metodologias e reforçam a equivalência da fenotipagem digital como alternativa à manual.

Para a característica de altura de planta (AP), a média obtida pela metodologia digital foi de 245,18 cm, enquanto a média da metodologia manual foi de 246,19 cm. Para a altura de espiga (AE), a metodologia digital apresentou média de 140,58 cm, e a manual, 141,08 cm. Ambas as características apresentaram valores elevados de coeficiente de determinação, $r^2 = 0,93$ para AP e $r^2 = 0,97$ para

AE, indicando alta precisão na fenotipagem digital. O comprimento da espiga com palha (CECP) apresentou médias de 251,57 cm para a metodologia digital e 251,66 cm para a manual, com $r^2 = 0,95$. Já o diâmetro da espiga com palha (DECP) teve médias de 55,63 cm na metodologia digital e 55,61 cm no manual, também com coeficiente de determinação elevado ($r^2=0,95$), apresentando variações mínimas entre as metodologias e evidenciando concordância significativa entre os métodos.

Tabela 1. Estatística descritiva e teste *t* para médias pareadas, para as características morfoagronômicas mensuradas por fenotipagem manual e digital no ambiente Cambuci, na segunda época.

Características	Mensuração	Média	IC	Erro Padrão	CV%	r^2	p-valor
AP	Digital	245,18	4,14	2,10	0,86	0,93	0,099
AP	Manual	246,19	4,43	2,25	0,91		
AE	Digital	140,58	3,96	2,01	1,43	0,97	0,189
AE	Manual	141,08	4,09	2,07	1,47		
CECP	Digital	251,57	1,70	0,87	0,35	0,95	0,982
CECP	Manual	251,66	1,69	0,86	0,34		
DECP	Digital	55,63	0,37	0,19	0,34	0,95	0,437
DECP	Manual	55,61	0,39	0,20	0,36		
CESP	Digital	167,28	1,17	0,60	0,36	0,97	0,625
CESP	Manual	167,26	1,18	0,60	0,36		
DESP	Digital	45,98	0,28	0,14	0,31	0,82	0,053
DESP	Manual	45,96	0,29	0,15	0,33		
DSB	Digital	27,04	0,29	0,15	0,56	0,88	0,107
DSB	Manual	27,04	0,28	0,14	0,52		

AP: altura de plantas; AE: altura de espiga; CECP: comprimento de espiga com palha; DECP: diâmetro de espiga com palha; CESP: comprimento de espiga sem palha; DESP: diâmetro de espiga sem palha; DSB: diâmetro do sabugo; CV: coeficiente de variação; IC: intervalo de confiança; r^2 : coeficiente de determinação; p-valor: Valores de $p < 0,05$ são considerados estatisticamente significativos.

Para o comprimento de espiga sem palha (CESP), as médias foram próximas com 167,28 cm na metodologia digital e 167,26 cm e manual, com $r^2 = 0,97$. Já o diâmetro de espiga sem palha (DESP) teve um valor de $r^2 = 0,82$, com médias de 45,98 cm para a metodologia digital e média de 45,96 cm para a manual. O diâmetro de sabugo (DSB), apresentou médias para as metodologias digital e manual idênticas de 27,04 cm, com um $r^2 = 0,88$, mostrando que a fenotipagem digital é capaz de captar as variações dessa característica com precisão.

O coeficiente de variação (CV%) das características avaliadas foi consistentemente baixo, refletindo baixa variabilidade relativa dos dados e indicando confiabilidade nas medições realizadas. O menor valor foi observado para diâmetro da espiga sem palha (DESP) na metodologia digital, com CV (%) de 0,31%, enquanto o maior valor foi registrado para a altura de espiga manual, com 1,47%. Conforme Pimentel-Gomes (2009), valores baixos de CV% são desejáveis em experimentos agrônômicos, reforçando a confiabilidade das metodologias empregadas.

De maneira geral, os resultados confirmam que a fenotipagem digital é equivalente à metodologia manual, com variações mínimas entre os métodos e alta precisão nos dados obtidos. Essa equivalência foi validada pelo teste t de *Student* para médias pareadas, que não identificou diferenças significativas entre as médias ($p > 0,05$). Assim, a fenotipagem digital se mostra como uma alternativa confiável e eficiente, conforme também observado por Jannah et al. (2021) e Zhang et al. (2018).

Pesquisas anteriores, como as de Santa Catarina et al. (2018) e Cortes et al. (2017, 2018), que utilizaram fenotipagem digital para selecionar linhagens recombinantes de mamoeiro, reforçam a aplicabilidade das tecnologias digitais em culturas tropicais, mostrando grande potencial para melhorar a eficiência e a precisão das avaliações fenotípicas. Abebe et al. (2020), em estudos com a fenotipagem digital, destacam a eficácia dessa metodologia para a avaliação de características agrônômicas, com resultados que corroboram a versatilidade e aplicabilidade das imagens digitais em diversas culturas.

A análise estatística descritiva apresenta que as médias das características avaliadas pelas metodologias manual e digital apresentaram valores muito próximos, com intervalos de confiança sobrepostos. Essa semelhança indica uma variação baixa entre os métodos, reforçando a semelhança observada nos dados

e sugerindo a consistência entre as duas abordagens. Esses resultados preliminares justificam a aplicação do teste *t* de Student para amostras pareadas, que confirmou a ausência de diferenças significativas entre as médias ($p > 0,05$). Essa etapa é essencial para validar a metodologia digital antes de sua utilização em análises posteriores.

Para garantir a qualidade e a precisão das imagens capturadas, é essencial seguir alguns cuidados durante a coleta de dados. Recomenda-se realizar as capturas em horários do dia quando a iluminação for mais suave, como no início da manhã ou no final da tarde, evitando o brilho excessivo do sol que pode comprometer a visibilidade das características das plantas. Outro ponto importante é o posicionamento adequado da câmera, de forma que a planta ou o grupo de plantas a ser observado esteja bem visível e centralizado na imagem, minimizando obstruções ou distorções. Em condições de luz intensa, pode ser vantajoso realizar as imagens em dias nublados, para evitar o reflexo excessivo e melhorar a visualização das estruturas desejadas, como a folha bandeira ou o pendão. Esses cuidados contribuem para a consistência e acurácia das análises realizadas pela fenotipagem digital.

A correspondência entre as metodologias foi ainda mais confirmada pelos gráficos apresentados na Figura 2, que ilustram a relação entre a fenotipagem digital e tradicional. A equação da reta e o coeficiente de determinação (r^2) evidenciam uma forte correlação linear positiva, reforçando a equivalência entre as abordagens. Para todas as variáveis analisadas, os gráficos mostraram consistência entre os métodos, corroborando os resultados obtidos.

Esses resultados corroboram a eficiência da metodologia digital em relação à manual, com alta concordância observada para todas as variáveis. Estudos como os de Abebe et al. (2020) ressaltam a eficácia das imagens digitais e a validade dos coeficientes de determinação elevados nas comparações metodológicas. Além disso, os altos valores de r^2 e as equações lineares obtidas neste estudo reforçam que a fenotipagem digital gera dados consistentes e confiáveis, comparáveis à metodologia tradicional.

De modo geral, os altos valores de r^2 e as equações lineares obtidas reforçam que a fenotipagem digital gera dados consistentes e confiáveis, comparáveis à metodologia tradicional.

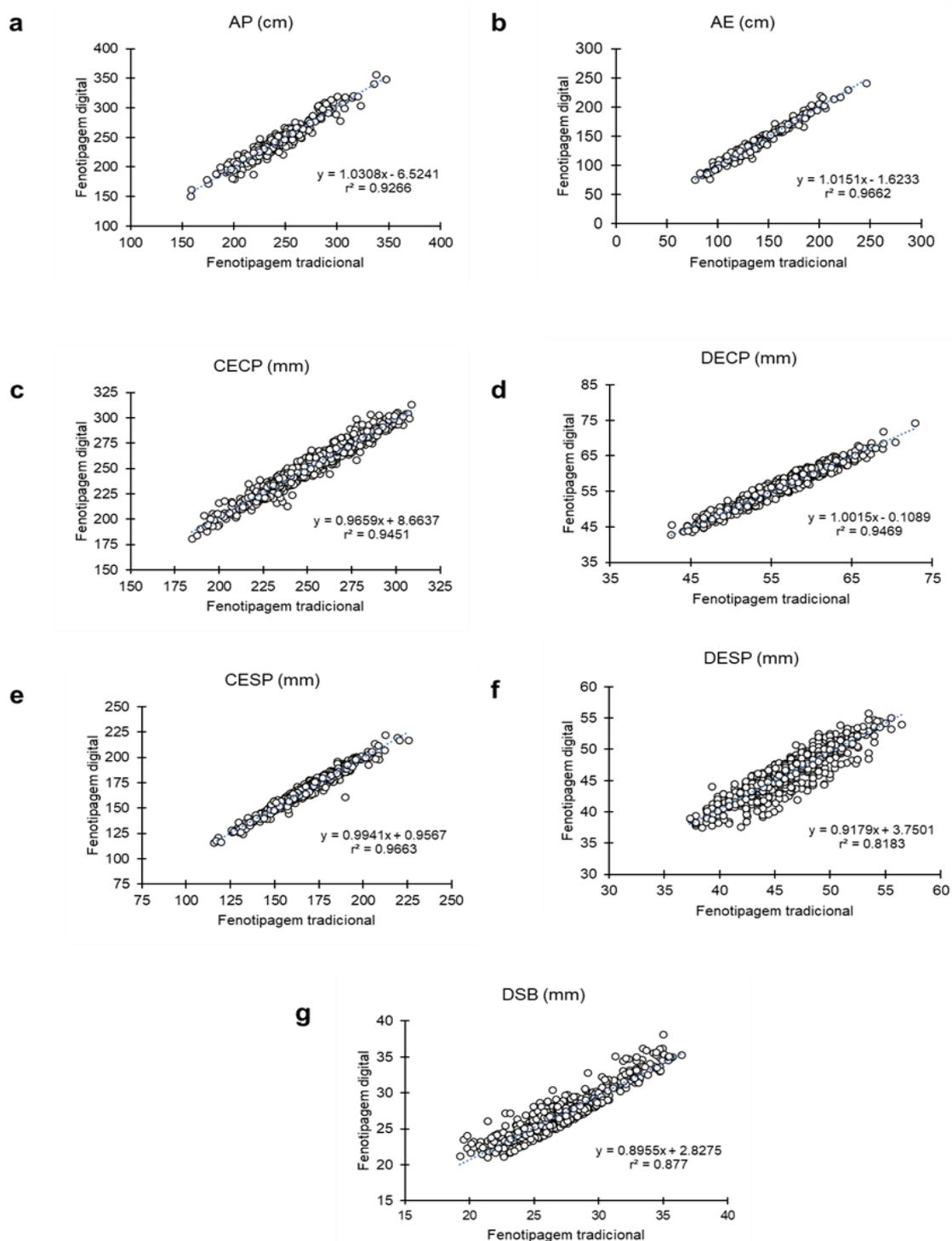


Figura 2. Relação entre os valores estimados e os valores observados das características avaliadas utilizando metodologias digital e manual. **a)** AP: altura de planta; **b)** AE: altura de espiga; **c)** CECP: comprimento de espiga com palha; **d)** DECP: diâmetro de espiga com palha; **e)** CESP: comprimento de espiga sem palha; **f)** DESP: diâmetro de espiga sem palha; **g)** DSB: diâmetro do sabugo.

Esses achados estão de acordo com as considerações de Pimentel-Gomes (2009), que reforça a importância de medidas estatísticas sólidas, como r^2 e

equações de regressão, para validação experimental. De acordo com Jannah et al. (2021), a precisão das equações lineares e a proximidade dos coeficientes angulares com 1, bem como dos interceptos com 0, são indicativos de alta consistência e precisão entre as metodologias avaliadas. Santa Catarina et al. (2018) também destacam a utilidade dos coeficientes de determinação elevados como um critério robusto para validar metodologias de fenotipagem digital em cultivos tropicais, alinhando-se com os resultados encontrados neste estudo.

Portanto, os resultados obtidos sugerem que a fenotipagem digital é uma alternativa confiável à metodologia manual para as características avaliadas, com boa precisão. Estudos adicionais podem ser realizados para explorar a aplicação dessa metodologia em outras culturas e condições experimentais, consolidando sua eficácia em avaliações agronômicas.

3.3.4.2. Aplicação da fenotipagem manual e digital

Para a realização da análise de variância, verificou-se primeiramente que a razão residual do quadrado médio ($QMR_{>}/QMR_{<}$) de todas as variáveis foi menor que sete, o que, de acordo com Pimentel Gomes (2000, 2009), é o recomendado para se considerar as homogeneidades das variâncias residuais. Portanto, foi possível, possível proceder com a avaliação em uma análise conjunta (Tabela 2).

A análise de variância revelou diferenças significativas para a maioria das características avaliadas entre os fatores genótipo, ambiente e sua interação (G x A). As médias gerais foram semelhantes entre os métodos manual e digital, com coeficientes de variação (CVe%) variando de 2,01% a 6,31%, indicando boa precisão experimental, conforme as classificações propostas por Scapim et al. (1995) e Fritsche-Neto et al. (2012).

Em relação ao coeficiente de determinação genotípico (H^2), todas as características apresentaram valores superiores a 90%, variando de 92% para o comprimento de espiga sem palha (manual) a 99% para as alturas de espiga (manual e digital). Estimativas altas de H^2 permitem inferir que a maior parte da variação dos dados fenotípicos é atribuída a fatores genéticos, o que corrobora o potencial da fenotipagem digital como ferramenta confiável para a análise de características morfoagronômicas. Na análise de variância conjunta, verificou-se a existência de efeito significativo a $p < 0,01$ de probabilidade para todas as variáveis.

As fontes de variação genótipo e ambiente apresentaram efeitos significativos ($p < 0,01$) para todas as características avaliadas. A interação G x A foi significativa para a maioria das características, exceto para altura de planta e espiga (manual e digital), e para diâmetro de espiga com palha (digital), sugerindo que o desempenho genético das populações de milho foi consistente em diferentes ambientes.

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta com os respectivos quadrados médios das fontes de variação (FV) e graus de liberdade (GL), estimativas dos componentes de variâncias, dos parâmetros genéticos e das médias para sete características avaliadas em genótipos de milho para grão nas metodologias manual e digital, em Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios													
		APM	APD	AEM	AED	CECPM	CECPD	DECPM	DECPD	CESPM	CESPD	DESPM	DESPD	DSBM	DSBD
Bloco/A	18	0,02	0,01	0,01	0,01	112,25	160,45	3,94	3,57	17,80	18,66	1,01	0,78	0,54	0,22
Gen. (G)	7	1,93**	1,34**	2,17**	1,92**	2683,93**	3061,94**	131,00**	125,15**	775,48**	798,31**	218,86**	208,88**	164,06**	147,19**
Amb. (A)	5	0,95**	0,83**	0,32**	0,24**	780,01**	4108,54**	96,21**	78,08**	1583,80**	2146,69**	51,18**	243,66**	37,93**	40,60**
G x A	35	0,02 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,01 ^{ns}	157,17**	172,83**	4,51**	3,46 ^{ns}	72,12**	65,96**	2,59**	2,27**	1,29**	1,23**
Erro	126	0,01	0,01	0,01	0,01	55,68	58,04	2,13	2,31	27,88	28,14	1,24	0,95	0,39	0,34
Média		2,58	2,54	1,49	1,44	247,67	239,18	58,51	58,71	160,86	157,19	47,70	48,41	28,33	27,13
$CVe_{(%)}$		4,46	4,54	6,26	6,31	3,01	3,19	2,49	2,59	3,28	3,37	2,34	2,01	2,21	2,16
θ_g^2		0,08	0,05	0,09	0,08	105,28	120,38	5,27	5,07	29,31	30,51	9,01	8,61	1,53	6,08
σ_f^2		0,08	0,06	0,09	0,08	111,83	127,58	5,46	5,21	32,31	33,26	9,12	8,70	1,58	6,13
H^2		0,99	0,99	0,99	0,99	0,94	0,94	0,97	0,97	0,91	0,92	0,99	0,99	0,97	0,99
CVg		10,95	9,25	20,15	19,53	4,14	4,59	3,92	3,84	3,37	3,51	6,29	6,06	9,19	9,09
Iv		2,45	2,04	3,22	3,10	1,38	1,44	1,57	1,48	1,03	1,04	2,69	3,02	4,17	4,20

APM: altura de planta manual; APD: altura de planta digital; AEM: altura de espiga manual; AED: altura de espiga digital; CECPM: comprimento de espiga com palha manual; CECPD: comprimento de espiga com palha digital; DECPM: diâmetro de espiga com palha manual; DECPD: diâmetro de espiga com palha digital; CESPM: comprimento de espiga sem palha manual; CESPD: comprimento de espiga sem palha digital; DESPM: diâmetro de espiga sem palha manual; ; DESPD: diâmetro de espiga sem palha digital; DSBM: diâmetro do sabugo manual; DSBD: diâmetro do sabugo digital. ^{ns}: não significativo pelo teste F; **: significativo (P<0,01) pelo teste F; *: significativo (P<0,05) pelo teste F; coeficiente de variação experimental $CVe_{(%)}$; variabilidade genotípica (θ_g^2); variância fenotípica (σ_f^2); coeficiente de determinação genotípica (H^2); coeficiente de variação genotípico (CVg); índices de variação (Iv).

Esses resultados estão de acordo com estudos anteriores que demonstraram a eficácia de métodos digitais na avaliação de características morfoagronômicas em plantas, com boa precisão na estimativa de parâmetros fenotípicos e genotípicos (Cortes et al., 2017, 2018; Santa Catarina et al., 2018)

Os resultados obtidos demonstraram que não houve diferenças significativas entre os dois métodos em todos os ambientes avaliados, reforçando a equivalência da fenotipagem digital em relação ao método tradicional. A consistência dos resultados entre as duas metodologias sugere que a fenotipagem assistida por imagem digital pode ser amplamente utilizada em estudos de avaliação morfoagronômica para ensaios com milho, sem comprometer a confiabilidade dos dados.

Essas análises também destacam a viabilidade do método digital para estudos que demandam coleta de dados, proporcionando redução no tempo e nos custos associados à fenotipagem manual. Além disso, a aplicação da fenotipagem digital nos seis ambientes proporcionou novas perspectivas, como a possibilidade de identificar padrões de adaptação dos híbridos de milho a diferentes condições ambientais, aprimorar a seleção genotípica com maior precisão por meio da análise de imagens e otimizar o uso dessa tecnologia na agricultura de precisão, contribuindo para o avanço das pesquisas na área.

A fenotipagem digital demonstrou grande eficiência na avaliação das características morfoagronômicas do milho, com vantagens adicionais em termos de custo e tempo. A utilização de ferramentas acessíveis, como câmeras e scanners, resultou em uma redução significativa de custos quando comparada ao método convencional, que demanda mais mão de obra e maior logística de deslocamento. Em comparação com tecnologias mais onerosas, como drones, a fenotipagem digital se apresenta como uma alternativa mais viável para estudos de grande escala, com impacto direto na redução de gastos. Além disso, essa metodologia digital contribui para a sustentabilidade dos processos de avaliação ao otimizar o uso de recursos, reduzir a necessidade de deslocamentos frequentes e minimizar o consumo de insumos e materiais, como os reagentes utilizados em métodos convencionais. A automação do processo também reduz o erro humano, aumentando a precisão e a reprodutibilidade dos resultados.

3.3.5. CONCLUSÕES

A fenotipagem digital demonstrou ser uma abordagem eficiente e precisa para a avaliação de características morfoagronômicas do milho. Apresenta grande potencial, uma vez que gera dados confiáveis e comparáveis aos obtidos por meio do método manual, com vantagens claras em termos de economia de tempo e redução de custos. Essa tecnologia se destaca como uma solução promissora para aplicações na agricultura de precisão e no melhoramento genético de plantas.

3.4. PROPOSTA E VALIDAÇÃO DE UM SUPERCARÁTER BASEADO EM IMAGENS DIGITAIS DE ESPIGAS PARA PREDIÇÃO DO RENDIMENTO DE GRÃOS

3.4.1. INTRODUÇÃO

Na última década, houve um aumento significativo no interesse por técnicas de fenotipagem de alto rendimento para avaliar características agronômicas em programas de melhoramento genético de diversas espécies, incluindo o milho (Makanza et al., 2018a; Maciel et al., 2019). Essas técnicas têm a capacidade de gerar informações precisas e rápidas, com baixo custo e sem prejudicar o ciclo das culturas, permitindo análises em grandes volumes de dados e com um número elevado de indivíduos, otimizando os programas de seleção de genótipos (Fritsche-Neto e Borém, 2016).

A aplicação de tecnologias de fenotipagem digital tem se mostrado uma alternativa promissora no estudo de culturas como o milho, devido à sua eficiência e à capacidade de fornecer informações detalhadas sobre características morfológicas e fisiológicas. A fenotipagem digital permite a obtenção de dados como volume e peso dos frutos (Cortes et al., 2017; Santa Catarina et al., 2018), podendo também ser aplicada para estimativas do rendimento de grãos por meio de variáveis como o volume e o peso das espigas. Esses dados, quando combinados, oferecem uma abordagem inovadora para o desenvolvimento de

super caracteres voltados à predição do rendimento de grãos, otimizando o processo de seleção em programas de melhoramento genético.

A fenotipagem digital pode aumentar a eficiência na seleção de genótipos e aprimorar a estimativa de parâmetros genéticos. Essas abordagens têm sido altamente eficientes no estudo de componentes fenotípicos em milho, facilitando a escolha de linhagens com características agronômicas desejáveis, sem a necessidade de medições invasivas e demoradas. Além disso, a comparação entre metodologias digitais e tradicionais tem mostrado uma alta correlação, o que fortalece o potencial das imagens digitais como ferramentas de validação e predição de rendimento (Cortes et al., 2018; Abebe et al., 2020).

Dessa forma, observa-se a necessidade de desenvolver metodologias de fenotipagem de baixo custo, que sejam mais eficazes, executáveis em menor tempo e com maior precisão na quantificação de áreas úteis para a avaliação do milho. A validação da fenotipagem digital como uma metodologia eficiente para estimativas precisas do rendimento de grãos é, portanto, um passo fundamental no desenvolvimento de novos modelos e abordagens para a predição de produtividade nas culturas agrícolas.

3.4.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.4.2.1. Super caracteres na fenotipagem digital e sua relevância no melhoramento genético

A fenotipagem digital tem se consolidado como uma ferramenta valiosa no contexto do melhoramento genético de culturas agrícolas, oferecendo uma alternativa eficaz e precisa para a medição de características agronômicas. Essa abordagem tem se mostrado particularmente promissora no milho, uma das culturas mais estudadas em programas de melhoramento genético devido à sua importância econômica e à necessidade de otimizar seu rendimento (Fritsche-Neto e Borém, 2016).

Utilizando tecnologias de imagem digital, a fenotipagem digital permite a estimativa de variáveis fenotípicas, como o volume e o peso das espigas, as quais estão diretamente relacionadas ao rendimento de grãos. Cortes et al. (2017) destacam o uso dessas imagens para calcular parâmetros de frutos de mamoeiro com alta precisão e baixo custo, sugerindo que a metodologia pode ser adaptada para outras culturas, como o milho, para a estimativa do rendimento de grãos.

Além disso, os resultados obtidos com fenotipagem digital em milho têm mostrado ser promissores, especialmente na estimativa de parâmetros genéticos e na seleção de genótipos. Cortes et al. (2018) enfatizam que o uso dessa abordagem pode resultar em ganhos significativos na eficiência da seleção, essencial para otimizar programas de melhoramento genético. Entre os benefícios, destacam-se a maior precisão nas medições e a redução de custos na análise de características agronômicas em larga escala.

Um dos aspectos mais relevantes proporcionados por essa tecnologia é o desenvolvimento de supercaracteres, como a predição de rendimento de grãos a partir de variáveis morfológicas. Estudos como o de Abebe et al. (2020), destacam a importância dessa abordagem, mostrando que o uso de imagens digitais pode ser decisivo para prever, com precisão, o rendimento em culturas de grande escala. A integração de múltiplas variáveis em um supercaráter pode acelerar o processo de seleção, uma vez que essas variáveis são correlacionadas com o rendimento.

A validação das metodologias digitais é uma etapa crucial para sua adoção generalizada. A comparação entre dados obtidos por métodos tradicionais e digitais tem mostrado alta correlação, reforçando a confiabilidade das metodologias digitais em estudos agronômicos. Cortes et al. (2018) e Santa Catarina et al. (2018) destacam a importância da validação das imagens digitais para garantir a precisão das estimativas de características fenotípicas. Esses conceitos metodológicos têm sido amplamente aplicados, inicialmente no estudo de frutas como o mamão, mas com potencial para adaptação em outras culturas, incluindo o milho.

O conhecimento da relação entre o rendimento de grãos e suas características componentes é essencial para a eficiência dos programas de melhoramento genético. Estudos como os de Filipovic et al. (2014), Maphumulo et al. (2015) e Cabral et al. (2016) ressaltam a importância de identificar supercaracteres que integrem múltiplas variáveis agronômicas, facilitando a seleção de genótipos com alto potencial produtivo.

3.4.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.4.3.1. Análise para estimativas e validação de volume de espiga via imagem digital

Para estimar o volume por meio da imagem digital, foram utilizadas as mensurações de comprimento e raio (calculado a partir do diâmetro das espigas), obtidas pela análise das imagens digitais de 20 espigas fotografadas em campo com câmera digital. A estimativa do volume digital das espigas foi realizada com base na fórmula geométrica desenvolvida e adaptada de Koc (2007):

$$V_e = \left(\frac{\frac{4}{3} \pi r^2 \frac{C}{2}}{1800} \right)$$

No qual:

V_e : volume estimado da espiga (cm³);

r : raio da espiga (mm);

C : comprimento da espiga (mm).

Para validar o volume estimado com a imagem digital, os valores obtidos foram comparados aos volumes estimados a partir do deslocamento de água. Para isso, cada uma das 20 espigas foi inserida individualmente em provetas com capacidade de 2500 mL contendo água, e o volume deslocado foi registrado como estimativa do volume real da espiga. A comparação entre os dois métodos de estimativa foi realizada por meio do teste *t* para médias pareadas, com o objetivo de verificar se havia diferença estatisticamente significativa entre os volumes obtidos pela análise digital e aqueles obtidos pelo deslocamento da coluna de água.

3.4.3.2. Análise para a estimativa e validação do peso de grãos/espiga via imagem digital e desenvolvimento de supercaráter para estimativa de rendimento

Posteriormente, foi realizada uma análise de regressão linear para modelar a relação entre o volume estimado por meio das imagens digitais e o peso dos grãos, corrigido para 13% de umidade. A equação de regressão obtida foi:

$$P_{g/e} = 1,1813x + 9,744$$

No qual:

$P_{g/e}$: peso de grãos/espiga estimado (g);

x : volume estimado das espigas (cm³).

Ajustando a equação e substituindo o x pela fórmula do volume estimado tem-se:

$$P_{g/e} = 1,1813 \left(\frac{\frac{4}{3} \pi r^2 \frac{C}{2}}{1800} \right) + 9,744$$

A partir dessa fórmula, foi possível estimar o peso dos grãos diretamente com base nas mensurações digitais das espigas.

Para converter os valores estimados em rendimento (kg ha⁻¹), utilizou-se essa mesma fórmula da estimativa do peso de grãos/espiga, na qual foi multiplicada pelo número de espigas da parcela e também por 10.000 (equivalente a 1 hectare, m²). O resultado foi dividido pela área da parcela (m²) e, em seguida, por 1.000 para a conversão de gramas para quilogramas, conforme a fórmula abaixo:

$$REND_{(kg\ ha^{-1})} = \frac{\left(Ne \times \left(1,1813 \left(\frac{\frac{4}{3} \pi r^2 \frac{C}{2}}{1800} \right) + 9,744 \right) \times 10.000 \right)}{\left(\frac{\text{área da parcela (m}^2\text{)}}{1000} \right)}$$

3.4.3.3. Análise estatística para aplicação do supercaráter

Após a validação da estimativa do rendimento via fenotipagem digital, a etapa seguinte consistiu na avaliação dessa metodologia em diferentes condições experimentais. Para isso, a fórmula foi aplicada nos seis ambientes distintos, e os resultados foram comparados por meio de uma análise de variância (ANOVA), considerando os métodos manual e digital (câmera e scanner). O objetivo dessa abordagem foi verificar a consistência do desempenho do método digital em diversas condições edafoclimáticas.

Inicialmente, os dados foram submetidos a análises de variância separadas para cada ambiente. O teste de Hartley (1950) foi utilizado para verificar a

homogeneidade das variâncias residuais. Confirmada a homogeneidade, foi realizada uma análise de variância conjunta, considerando os três locais avaliados em duas épocas de cultivo, totalizando seis ambientes, conforme o seguinte modelo estatístico:

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

No qual: Y_{ijk} : é a avaliação no i-ésimo genótipo, no j-ésimo ambiente, e no k-ésimo bloco; μ é a constante geral; G_i é o efeito fixo do i-ésimo genótipo; B/A_{jk} é o efeito aleatório k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente; A_j é o efeito aleatório do j-ésimo ambiente; GA_{ij} é o efeito da interação entre o i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente; e_{ijk} é o erro aleatório residual associado a cada observação, sendo NID $(0, \sigma^2)$.

A análise de variância, a estimação dos parâmetros genéticos e o teste de médias de Tukey foram realizadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

Variabilidade Genotípica:

$$\theta_g^2 = \frac{(QMG - QMGA)}{ra}$$

Variância Fenotípica:

$$\sigma_f^2 = \frac{QMG}{ra}$$

Coefficiente de Determinação Genotípica:

$$H^2 = \left(\frac{\theta_g^2}{\sigma_f^2} \right)$$

Coefficiente de Variação Genético:

$$CV_g = 100 \left(\frac{\sqrt{\theta_g^2}}{\bar{X}} \right)$$

No qual:

QMG: Quadrado médio dos genótipos;

QMGA: Quadrado médio da interação genótipos x ambiente;

\bar{X} : Média geral das observações;

r : Número de repetições;

a : Número de ambientes.

3.4.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.4.4.1. Validação do volume de espiga, peso de grão e supercaráter para estimação de rendimento

Como não houve diferença significativa entre as mensurações manuais e digitais, foi possível estimar o volume da espiga com as mensurações digitais de forma confiável. A análise comparativa entre os volumes estimados digitalmente e aqueles obtidos por deslocamento da coluna de água (considerado como volume real) revelou uma alta correlação, validando a fenotipagem digital como uma ferramenta precisa e eficiente. Essa abordagem apresenta vantagens relevantes para programas de melhoramento genético, especialmente pela rapidez, precisão e economia de recursos que proporciona.

A Figura 1 apresenta a relação entre os volumes estimados por imagem digital e os volumes medidos pelo deslocamento da coluna de água (DCA), evidenciando uma forte correlação linear, com coeficiente de determinação $r^2 = 0,82$, o que reforça a confiabilidade do método digital.

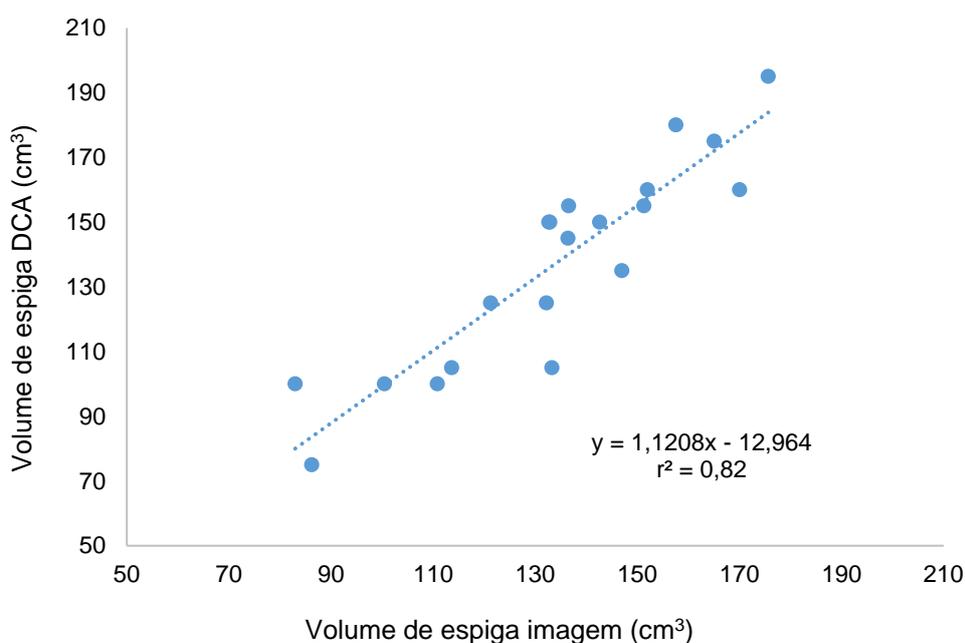


Figura 1. Relação entre o volume de espiga estimado pela imagem digital e o volume de espiga medido pelo deslocamento da coluna de água.

Na Tabela 1, estão apresentados os valores referentes ao volume de espiga estimado pelo deslocamento da coluna da água (VEDCA) e o volume estimado da espiga por imagem digital (VEID). O volume médio obtido pelo método de deslocamento da coluna de água foi de 137,25 cm³, enquanto o volume médio obtido pela fórmula com as mensurações digitais foi de 134,03 cm³. Ambos os métodos não apresentaram diferenças significativas ($P > 0,05$). Os intervalos de confiança (IC) e os desvios padrão (DP) calculados também foram próximos, sendo que tanto o IC e o DP do VEID apresentaram valores ligeiramente menores, indicando maior precisão.

Tabela 1. Comparação entre os volumes de espiga estimados pelo deslocamento da coluna de água (VEDCA) e por imagem digital (VEID) em uma amostra de 20 espigas.

Volume	Média (cm ³)	p valor	DP	IC	CV (%)
VEDCA	137,25 a	0,310	31,81	14,89	23,18
VEID	134,03 a		25,71	12,03	19,19

DP: desvio padrão; IC: intervalo de confiança; CV: coeficiente de variação; Valores de $p < 0,05$ são considerados estatisticamente significativos.

Os coeficientes de variação (CV%) foram baixos, sendo o menor valor observado para o volume estimado por imagem digital apresentando o menor CV, o que demonstra uma menor variação e maior precisão. O valor de p foi superior a 0,05, indicando ausência de diferença estatisticamente significativa entre os métodos avaliados.

A Figura 2 ilustra a relação entre o volume de espiga estimado pelas imagens digitais e o peso dos grãos/espiga, corrigido para 13% de umidade, representada pela equação de regressão linear $y = 1,1813x + 9,744$, com coeficiente de determinação $r^2 = 0,84$. Esses resultados indicam que as medidas digitais permitem estimar com precisão o peso de grãos/espiga. O elevado coeficiente de determinação demonstra a forte correlação entre as variáveis, validando a estimativa de peso com base no volume digital.

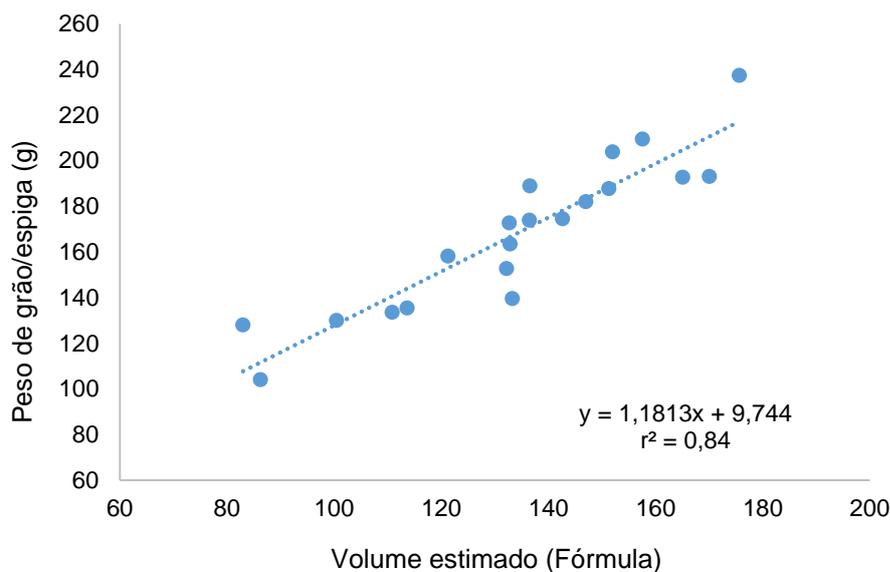


Figura 2. Relação entre o volume de espiga estimado pela fórmula digital e o peso dos grãos/espiga corrigido para 13% de umidade.

Com a validação dos volumes, foi possível estimar o peso de grãos/espiga,

através da fórmula $P_{g/e} = 1,1813 \left(\frac{\frac{4}{3}\pi r^2 \frac{C}{2}}{1800} \right) + 9,744$.

A Tabela 2 apresenta a comparação entre o peso dos grãos/espiga real (PGR) e o peso de grão/espiga estimado (PG/EE), utilizando uma amostra de 20 espigas. A média para ambos os métodos foi de 168,10 g, com desvios padrão de 33,04 para o PGR e 30,38 para o PG/EE. O intervalo de confiança (IC) foi de 15,46 para ambos os métodos. O Coeficiente de Variação (CV%) foi de 19,66% para o PGR e de 18,07% para o PG/EE, indicando uma variação relativamente baixa em ambos os casos, sugerindo boa precisão na estimativa do peso dos grãos. O valor de p foi superior a 0,05, indicando ausência de diferença estatisticamente significativa entre os dois métodos.

Tabela 2. Comparação entre peso de grão real (PGR) e peso de grão/espiga estimado (PG/EE) em uma amostra de 20 espigas.

Peso	Média (cm ³)	p valor	DP	IC	CV (%)
PGR	168,10a	0,999	33,04	15,46	19,66
PG/EE	168,10a		30,38	14,22	18,07

DP: desvio padrão; IC: intervalo de confiança; CV: coeficiente de variação; Valores de $p < 0,05$ são considerados estatisticamente significativos

A Figura 3 ilustra a relação entre o peso estimado pela fórmula digital e o peso real, com a equação de regressão $y = 0,8454x + 25,995$ e um coeficiente de determinação $r^2 = 0,84$. Os pontos de interseção estão uniformemente distribuídos ao longo da reta, evidenciando a alta precisão da estimativa. Esses resultados destacam a eficácia da fenotipagem digital em programas de melhoramento genético, fornecendo estimativas rápidas e confiáveis do peso das espigas e grãos.

A análise de regressão linear revelou que não houve diferença significativa entre os valores médios do peso real (corrigido para 13% de umidade) e o peso estimado digitalmente, ambos com média de 168,10 g. A distribuição dos pontos de interseção ao longo da reta, aliada ao elevado coeficiente de determinação ($r^2 = 0,84$), reforça a precisão da equação ajustada para estimar o peso dos grãos com base nos volumes digitais, conforme demonstrado na Figura 3.

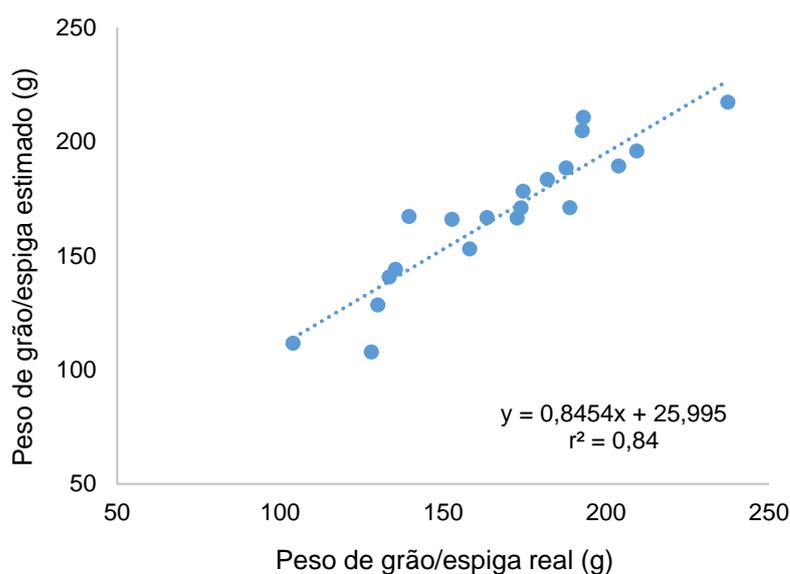


Figura 3: Comparação entre o peso de grão/espiga estimado pela fórmula digital e o peso de grão/espiga real.

3.4.4.2. Aplicação do supercaráter

Para realizar a análise de variância, verificou-se inicialmente que a razão entre os quadrados médios residuais ($QMR_{>}/QMR_{<}$) de todas as variáveis foi inferior a sete, conforme recomendado por Pimentel Gomes (2000; 2009), o que garante a homogeneidade das variâncias residuais. Dessa forma, foi possível realizar a avaliação por meio de uma análise conjunta (Tabela 3).

A análise de variância permitiu comparar a precisão do método em relação ao rendimento real. A média geral do rendimento estimado (RENDE) foi de 9.182,12 kg ha⁻¹, enquanto a média do rendimento real (RENDER) foi de 7.885,59 kg ha⁻¹, indicando uma superestimação de aproximadamente 1.296,52 kg ha⁻¹ no método digital. Essa diferença pode estar associada à amostragem das espigas. Para a avaliação de comprimento e diâmetro de espiga no scanner, foi tomada uma amostra de seis espigas, em que são selecionadas as melhores, resultando em uma projeção superior ao rendimento real. Estudos como os de Araus et al. (2018) mostram que métodos de fenotipagem digital podem superestimar o rendimento devido à seleção de amostras mais uniformes e de melhor qualidade, o que pode explicar essa diferença. Além disso, Grespan et al. (2023) destacam a importância da representatividade da amostragem na estimativa do rendimento de milho, o que reforça a necessidade de revisar o método de seleção das espigas.

Tabela 3. Resumo da análise de variância conjunta com os respectivos quadrados médios das fontes de variação (FV) e graus de liberdade (GL), estimativas dos componentes de variâncias, dos parâmetros genéticos e das médias para o rendimento de grão estimado e o rendimento de grão real em genótipos de milho para grão em Campos dos Goytacazes, Cambuci e Itaocara, RJ.

FV	GL	Quadrados Médios	
		RENDE	RENDER
Bloco/A	18	1812744,86	1410255,10
Gen. (G)	7	29332309,64**	40746255,51**
Amb. (A)	5	64141700,14**	40106492,48**
G x A	35	2797410,19*	3102812,24*
Erro	126	1669832,03	1746280,29
Média		9182,12	7885,59
$CVe_{(%)}$		14,07	16,76
θ_g^2		1105620,81	1568476,80
σ_f^2		1222179,57	1697760,65
H^2		0,90	0,92

RENDE: rendimento estimado por imagem digital via scanner (kg ha⁻¹) e RENDER: rendimento real (kg ha⁻¹); ns: Não Significativo pelo teste F; **: Significativo (P<0,01) pelo teste F; *: Significativo (P<0,05) pelo teste F. coeficiente de variação experimental CVe (%), variabilidade genotípica (θ_g^2), variância fenotípica (σ_f^2), coeficiente de determinação genotípica (H^2).

Quando se estima o rendimento com base no número de espiga por parcela, parte-se do princípio de que todas as espigas possuem tamanho semelhante. No entanto, o rendimento real, obtido de todas as espigas da parcela, reflete uma maior variação interna, ou seja, dentro da própria parcela, incluindo espigas de menor tamanho. Essa variação pode ser influenciada pelos genótipos, que apresentam características distintas, impactando diretamente a precisão das estimativas. Portanto, é necessário considerar ajustes na metodologia a fim de minimizar esse efeito.

Em relação à precisão experimental, o coeficiente de variação (CV%) para o rendimento estimado foi de 14,07%, inferior que o CV% do rendimento real, com valor de 16,76%. Com base nesses dados, o rendimento estimado tem maior precisão experimental, devido ao menor coeficiente de variação experimental (CVe). Esse resultado sugere que a fenotipagem digital apresenta menor variação experimental, tornando-se um método mais estável para a predição do rendimento. Segundo Fritsche-Neto et al. (2012), métodos digitais tendem a reduzir a variabilidade associada às medições manuais, contribuindo para uma maior precisão experimental. Cargnelutti Filho et al. (2010) também destacam que a variação experimental influencia diretamente a confiabilidade dos métodos de medição, sendo um fator relevante na avaliação da fenotipagem digital.

O coeficiente de determinação genotípico médio (H^2) foi de 90,46% para o rendimento estimado e de 92,39% para o rendimento real, indicando alta repetibilidade e confiabilidade dos dados, com ambos os métodos sendo eficientes na distinção entre genótipos. Esse alto grau de repetibilidade é coerente com os achados de White et al. (2012), que demonstraram que a fenotipagem digital apresenta alta capacidade de distinção entre genótipos, reforçando a robustez do método.

Para a comparação das médias dos híbridos, foi realizado o teste de Tukey, a fim de confirmar os resultados (Tabela 4).

Tabela 4. Média geral dos oito genótipos para o rendimento de grão estimado e o rendimento de grão real em genótipos de milho para grão com seus respectivos testes de média de Tukey nos três ambientes nas duas épocas.

GENÓTIPOS	RENDE	GENÓTIPOS	RENDR
30F35R	11364,31 a	LG 6036	9743,0 a
LG 6036	9907,45 b	30F35R	9644,0 a
AG 1051	9466,23 bc	AG 1051	8318,0 b
BM 207	9325,46 bcd	BM 207	8221,0 b
UENF 506 16	8822,31 bcde	UENF MSV2210	7047,0 c
UENF 506-11	8400,66 cde	UENF 506 16	6948,0 c
UENF MSV2210	8183,97 de	UENF 506-11	6756,0 c
UENF MS2208	7986,51 e	UENF MS2208	6408,0 c

RENDE: rendimento estimado por imagem digital via scanner (kg ha^{-1}) e RENDR: rendimento real (kg ha^{-1}); Médias seguidas pela mesma letra, na mesma coluna, não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey, ao nível de 5 % de probabilidade.

A comparação entre os tratamentos, pelo teste de Tukey, evidenciou diferenças na classificação dos genótipos entre os dois métodos. No rendimento estimado, o híbrido 30F35R apresentou o maior valor médio, seguido por LG 6036. No rendimento real, essa ordem se inverteu, com LG 6036 sendo ligeiramente superior ao 30F35R. Isso demonstra que, apesar dessa variação na ordem, ambos os híbridos se destacaram nos dois métodos, indicando que, mesmo com a tendência à superestimação, a fenotipagem digital demonstrou consistência na identificação dos genótipos de maior rendimento, reforçando seu potencial como ferramenta preditiva.

Ao considerar três grupos de híbridos avaliados, observou-se que os híbridos simples, por possuírem maior uniformidade genética, apresentaram menor variação entre os ambientes, sendo a influência ambiental o principal fator determinante das diferenças no rendimento. Os híbridos duplos, como esperado, mostraram um comportamento intermediário, enquanto os interpopulacionais apresentaram maior variação tanto genética quanto ambiental, refletindo maior

heterogeneidade entre os tratamentos. Estudos como os de Emygdio et al. (2007) reforçam que os híbridos simples apresentam maior uniformidade, enquanto os interpopulacionais possuem maior variabilidade genética e ambiental, o que impacta diretamente a precisão das estimativas de rendimento.

Esses resultados sugerem que, para aprimorar a metodologia digital, seria interessante considerar ajustes no processo de amostragem, como a seleção aleatória das espigas, a fim de minimizar a superestimação do rendimento. Além disso, a uniformidade dos híbridos influencia diretamente a confiabilidade das estimativas e pode determinar o tamanho adequado da amostragem, bem como também o tipo de população utilizada, como famílias de irmãos completos, meios-irmãos ou outras populações. Assim, os híbridos simples, por apresentarem mais homogeneidade, podem ser representados adequadamente com uma amostragem de 20 espigas. Já os híbridos duplos, que apresentam variabilidade intermediária, podem exigir um aumento moderado na amostragem para melhorar a precisão da estimativa. Para os híbridos interpopulacionais, que possuem maior variação genética e ambiental, uma amostragem ainda maior pode ser necessária para reduzir a superestimação e garantir maior confiabilidade na predição do rendimento.

Santos e Yassitepe (2014) discutem a importância de uma amostragem representativa na fenotipagem de larga escala, destacando que a escolha das espigas pode influenciar as estimativas de rendimento. Além disso, a seleção ao acaso das espigas dentro da parcela pode contribuir para uma estimativa mais representativa, evitando o erro sistemático da escolha das melhores espigas e garantindo maior consistência na predição do rendimento.

3.4.5. CONCLUSÕES

A precisão da metodologia digital (câmera e scanner), em comparação à metodologia manual, demonstra seu potencial como uma ferramenta eficiente para a estimativa do peso e do volume de grãos. Essa técnica, baseada na análise e no

processamento de imagens digitais, oferece rapidez, precisão e consistência, reduzindo a variabilidade associada aos métodos tradicionais. No entanto, a representatividade da amostragem influencia diretamente a acurácia das estimativas, especialmente para híbridos com maior variabilidade genética e ambiental. Dessa forma, a definição do tamanho adequado da amostragem e a seleção aleatória das espigas são fatores essenciais para otimizar a aplicação da fenotipagem digital. Ainda assim, essa metodologia se apresenta como uma alternativa promissora para programas de melhoramento genético e estudos agronômicos que exigem elevado rigor e eficiência.

3.5. CORRELAÇÃO ENTRE DIFERENTES VARIÁVEIS OBTIDAS POR DIFERENTES MÉTODOS DE FENOTIPAGEM NA AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO

3.5.1. INTRODUÇÃO

O milho é uma cultura de grande importância, tanto para a alimentação humana quanto animal, além de ser uma das principais fontes de matéria-prima para biocombustíveis. No Brasil, o cultivo de milho tem se expandido consideravelmente, acompanhando o aumento da produtividade, com contribuições diretas dos avanços nas tecnologias de melhoramento genético (FIESP, 2024; CONAB, 2024). Esse crescimento requer o aprimoramento contínuo das metodologias utilizadas na seleção e avaliação de genótipos, com destaque para a aplicação de técnicas mais eficientes, como a fenotipagem digital, que visa aumentar a precisão e a agilidade dos processos.

Os métodos convencionais de fenotipagem, embora amplamente utilizados em programas de melhoramento genético, apresentam limitações significativas, como alto custo, demanda de mão de obra intensiva e, em muitos casos, subjetividade nas avaliações. Fritsche-Neto (2015) destaca que, com o avanço das tecnologias de fenotipagem, é possível obter uma avaliação mais eficiente e precisa das características fenotípicas das plantas. Nesse contexto, tecnologias como a fenotipagem baseada na análise de imagem digital, obtida por meio de câmeras acopladas ou não a drones, surgem como alternativas promissoras para superar

essas barreiras e transformar o processo de seleção. White et al. (2012) reforçam essa perspectiva, demonstrando que a fenotipagem de campo, aliada a ferramentas digitais, pode aumentar a precisão e a eficiência na coleta de dados, além de reduzir custos e tempo.

A fenotipagem digital, baseada na utilização de câmeras RGB, scanners e softwares de análise, tem se destacado pela alta precisão na coleta de dados fenotípicos e pela capacidade de processar grandes volumes de informação de forma ágil. Além disso, Walter et al. (2015) ressaltam que a fenotipagem baseada em imagem é essencial para a seleção eficiente de genótipos superiores em condições de estresse ambiental.

O uso de drones na agricultura tem revolucionado o monitoramento de culturas e a coleta de dados em larga escala. Por meio de imagens aéreas obtidas com câmeras RGB acopladas em drones, é possível identificar padrões fenotípicos associados ao desempenho das plantas em diferentes estádios fenológicos. Swain et al. (2010) demonstraram o potencial do uso de veículos aéreos não tripulados (VANTS) na estimativa de biomassa e produtividade do arroz, destacando sua aplicabilidade na agricultura de precisão. Estudos como o de Volpato et al. (2021) demonstraram a eficiência da fenotipagem digital, validando o uso de imagens RGB obtidas por drones na estimativa da altura de plantas de trigo, reforçando sua viabilidade como ferramenta ágil e precisa para acelerar programas de melhoramento genético.

Para que essas tecnologias sejam eficazes, é essencial compreender as correlações entre as medições obtidas por diferentes métodos de fenotipagem. A análise das correlações entre variáveis medidas por fenotipagem convencional e digital permite avaliar a acurácia e confiabilidade dos novos métodos. Essas correlações podem ser fenotípicas, genotípicas ou ambientais. Correlações elevadas sugerem que as abordagens digitais podem substituir as medições convencionais com maior eficiência e menor custo, enquanto correlações baixas podem indicar a necessidade de ajustes nos modelos de predição. Estudos como os de Araus et al. (2018) demonstram que a fenotipagem digital pode fornecer estimativas precisas de rendimento de grãos e altura de plantas, contribuindo para a modernização do melhoramento genético.

O objetivo deste estudo foi estimar as correlações genéticas entre características agronômicas e variáveis estimadas por fenotipagem digital (câmera,

scanner e drone) na avaliação de híbridos de milho, buscando identificar a abordagem mais eficiente e confiável. Além disso, pretende-se validar a aplicabilidade da fenotipagem digital como ferramenta complementar às estratégias tradicionais, contribuindo para a modernização dos programas de melhoramento genético.

3.5.2. REVISÃO DE LITERATURA

3.5.2.1. Comparação entre métodos

A fenotipagem é uma ferramenta que desempenha um papel essencial na agricultura e no melhoramento genético, permitindo a caracterização precisa de características morfoagronômicas das culturas. A fenotipagem convencional, baseada em medições manuais e observações visuais, tem sido amplamente utilizada devido à sua simplicidade e baixo custo inicial. No entanto, essa metodologia apresenta limitações, como baixa eficiência, alta demanda de mão de obra e suscetibilidade a erros humanos (Li et al., 2016; Mathews & Jensen, 2013).

Com os avanços tecnológicos, a fenotipagem digital surgiu como uma alternativa mais eficiente, permitindo a captura e análise automatizada de dados (Holman et al., 2016; Geipel et al., 2014). Mais recentemente, o uso de drones tem ampliado ainda mais as possibilidades, permitindo a aquisição de dados fenotípicos em larga escala com maior rapidez e precisão (Gracia-Romero et al., 2017).

A aplicação de drones na fenotipagem representa um avanço significativo, permitindo a coleta rápida e sistemática de dados em grandes áreas experimentais. Os drones equipados com sensores multiespectrais, térmicos e LiDAR podem capturar informações detalhadas sobre a morfologia das plantas e suas respostas a diferentes condições ambientais. O LiDAR, por exemplo, utiliza pulsos de laser para mapear a estrutura das plantas em 3D, proporcionando medições precisas de altura e volume da vegetação (Makanza et al., 2018; Araus et al., 2018). A principal vantagem dessa abordagem é a capacidade de cobrir extensas áreas de cultivo em um curto período, reduzindo o esforço manual e aumentando a precisão da

amostragem. No entanto, desafios como regulamentações específicas para o uso de drones, custos operacionais elevados e a complexidade na análise dos dados ainda limitam sua aplicação em larga escala na pesquisa agrícola (Resende et al., 2022).

Ao comparar essas metodologias, a fenotipagem convencional permanece relevante para estudos detalhados em pequena escala, enquanto a fenotipagem digital aprimora a precisão e a eficiência na coleta de dados. Por sua vez, a fenotipagem com drones destaca-se pela escalabilidade e rapidez na aquisição de informações fenotípicas, tornando-se uma ferramenta promissora para experimentos de grande porte e aplicações comerciais. A escolha da abordagem mais adequada depende das necessidades específicas do estudo, dos recursos disponíveis e das características do ambiente experimental.

Assim, a integração dessas tecnologias pode representar uma estratégia eficaz para maximizar a obtenção de dados fenotípicos, combinando a confiabilidade da fenotipagem convencional, a precisão da digital e a eficiência dos drones.

3.5.2.2. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais

A correlação entre características agronômicas é uma ferramenta estatística fundamental na genética e no melhoramento de plantas, pois permite entender as relações entre variáveis e auxilia na seleção indireta de genótipos superiores (Cruz et al., 2012). Essas correlações podem ser classificadas em três componentes principais: genotípica, fenotípica e ambiental. Cada uma delas oferece uma perspectiva diferente sobre como as características agronômicas interagem e influenciam os resultados no campo.

A correlação fenotípica refere-se à associação observada entre duas características no nível dos indivíduos e reflete a influência conjunta dos fatores genéticos e ambientais (Falconer e Mackay, 1996). Essa correlação é amplamente utilizada na seleção de plantas, pois fornece uma estimativa da relação entre características de interesse com base nos valores fenotípicos mensuráveis no campo. No entanto, essa correlação pode ser influenciada por variações ambientais, o que dificulta a inferência sobre os efeitos genéticos reais das características analisadas.

A correlação genotípica mede a relação entre duas características considerando apenas a variação devida aos efeitos genéticos. Geralmente, essa correlação tende a ser mais elevada do que a correlação fenotípica, pois elimina a interferência ambiental e reflete a verdadeira associação entre genes que controlam as características (Vencovsky e Barriga, 1992). Quando a correlação genotípica é alta e positiva entre duas variáveis, a seleção para uma delas pode resultar em ganhos indiretos na outra, sendo um critério importante na escolha de genótipos em programas de melhoramento (Cruz et al., 2012).

A correlação ambiental reflete a relação entre características causadas por efeitos ambientais comuns e desempenha um papel crucial na interpretação dos dados agrônômicos. Esse tipo de correlação pode ser positiva ou negativa, mas não está relacionado à genética da planta. Um exemplo disso ocorre quando o estresse hídrico afeta simultaneamente o crescimento vegetativo e a produção de grãos, sem uma relação genética direta entre essas duas características (Resende, 2015).

No contexto da fenotipagem digital, a avaliação dessas correlações é essencial para validar a precisão das medições realizadas por métodos automatizados, como a fenotipagem convencional manual e a digital, além de incluir tecnologias emergentes, como o uso de drones. Ao analisar as correlações genotípicas e fenotípicas entre características medidas digitalmente, manualmente e por drones, é possível verificar a confiabilidade dessas diferentes metodologias. Esse processo evidencia a aplicabilidade das abordagens digitais e com drones em programas de melhoramento de plantas, destacando como elas contribuem para o avanço da agricultura moderna. Além disso, a inclusão da correlação ambiental, possibilita a compreensão do impacto de variações não-genéticas nos resultados obtidos, proporcionando uma análise mais abrangente e precisa.

3.5.3. MATERIAL E MÉTODOS

3.5.3.1. Material genético

Os materiais genéticos utilizados neste estudo foram híbridos oriundos do programa de melhoramento genético de milho da Universidade Estadual do Norte, Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) — UENF MSV 2210, UENF MS 2208, UENF

506-11 e UENF 506-16 — além de híbridos de milhos comerciais disponíveis no mercado, utilizados como testemunhas, AG 1051, BM 207, LG 6036 e 30F35R.

3.5.3.2. Local e instalação do experimento

O experimento foi conduzido na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, localizada em Itaocara – RJ, durante a safra de verão de 2021/2022 (segunda época). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições. Cada parcela experimental consistiu em quatro fileiras de 4,0 m de comprimento, espaçadas em 0,70 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, totalizando 80 plantas por parcela.

A adubação de sementeira foi realizada com NPK 04-14-08 (80 g/m), seguida por duas adubações de coberturas: aos 30 dias com NPK 20-00-20 (30 g/m) e aos 45 dias com ureia (20 g/m). Os tratos culturais foram conduzidos conforme as recomendações para a cultura (Fancelli e Dourado Neto, 2000). A colheita foi realizada aos 120 dias após a sementeira.

3.5.3.3. Características agrônômicas avaliadas e avaliação com drone

No ambiente avaliado, foram realizadas medições de características relacionadas à morfologia da planta, da espiga e de rendimento de grãos, utilizando tanto métodos manuais quanto digitais. As características mensuradas incluíram comprimento da espiga com palha digital (CECPD) e manual (CECPM), diâmetro de espiga com palha digital (DECPD) e manual (DECPM); comprimento da espiga sem palha digital (CESPD) e manual (CESPM), diâmetro de espiga sem palha digital (DESPD) e manual (DESPM diâmetro do sabugo digital (SBD) e manual (SBM), altura de planta digital (APD) e manual (APM); altura de espiga digital (APD) e manual (AEM), além de medições específicas por amostragem de seis plantas por fileira (AP6, AE6). Também foram avaliados o número de plantas por parcela (STAND), número de espigas por parcela (NE), peso de grãos estimado e real (PGKGE, PGKGR) e rendimento de grão estimado e real (RENDE, RENDR) (kg ha⁻¹), assim como os tempos de florescimento masculino (FM) e feminino (FF).

Essas características foram selecionadas para avaliar tanto a eficiência do método de fenotipagem digital quanto sua precisão em comparação ao método manual, garantindo uma avaliação abrangente do desempenho agrônômico dos

materiais estudados. Informações completas sobre os procedimentos e critérios de avaliação já foram apresentadas nos capítulos anteriores.

Para a obtenção de imagens aéreas, foi utilizado um drone DJI Mavic 2 Pro (DJI, Shenzhen, China) equipado com uma câmera Hasselblad L1D-20c. As imagens foram capturadas em diferentes estágios fenológicos – entre 11h e 13h, com condições climáticas favoráveis (céu limpo e vento mínimo) –, com o objetivo de minimizar os efeitos de sombra e garantir a qualidade dos dados. O plano de voo, elaborado na plataforma DroneDeploy (DroneDeploy, Inc., San Francisco, EUA), estabeleceu uma altura de voo de 80 metros, e as imagens foram registradas em diversos momentos do ciclo da cultura, correspondendo a 0, 19, 34, 91, 98, 112, 119 e 138 dias após o plantio (DAP).

Para a análise do vigor e da condição das culturas, foram processadas imagens obtidas por drone, a partir das quais foram extraídos diversos índices que possibilitaram uma caracterização espectral e morfológica detalhada dos cultivos. Dentre esses índices, destacam-se o Soil Color Index (SCI), que mede a cor do solo, podendo indicar áreas com maior ou menor cobertura vegetal; o Green Leaf Index (GLI), que avalia a quantidade de folhas verdes, útil para estimar biomassa e vigor da cultura; o Normalized Green–Red Difference Index (NGRDI), que indica a quantidade de vegetação verde, diferenciando plantas do solo; e o Visible Atmospheric Resistance Index (VARI), minimiza o efeito atmosférico e realça a coloração verde da vegetação.

Outros índices incluem o Intensity (I), que mede a intensidade luminosa da cena capturada; o Hue, que representa o tom de cor da vegetação, indicando mudanças no ciclo da planta; o Saturation (SAT), mede a pureza da cor, útil para avaliar variações na saúde da planta; e o Lightness (LIGHT), que avalia a luminosidade da imagem, podendo indicar áreas mais iluminadas ou sombreadas.

Além disso, foram considerados os índices a (a), coordenadas de cor que indicam variações na coloração da vegetação (verde para vermelho e azul para amarelo); e u (u), pertencentes ao espaço de cores CIELUV, utilizados para descrever variações sutis de cor. O Green Area Index (GA) mensura a quantidade de área verde, podendo ser um indicativo da biomassa disponível, enquanto o Greener Area Index (GGA) é similar ao GA, mas mais específico para variações de tonalidade verde e o Crop Senescence Index (CSI) avalia a senescência da cultura, útil para identificar maturação e estresse das plantas. Adicionalmente, a altura das

plantas foi estimada por meio da modelagem tridimensional gerada a partir das imagens capturadas, resultando no índice APDR (Altura de Planta Obtida pelo Drone).

Os dados de voo e processamento de imagens foram realizados em colaboração com Coswosk et al. (2024).

3.5.3.4. Análise estatística

Para a análise estatística, foi realizada uma análise de variância (ANOVA) para verificar a significância das características avaliadas, seguindo o modelo estatístico:

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

No qual: Y_{ijk} : é a avaliação no i -ésimo genótipo, no j -ésimo ambiente, e no k -ésimo bloco; μ é a constante geral; G_i é o efeito fixo do i -ésimo genótipo; B/A_{jk} é o efeito aleatório k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente; A_j é o efeito aleatório do j -ésimo ambiente; GA_{ij} é o efeito da interação entre o i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente; e_{ijk} é o erro aleatório residual associado a cada observação, sendo NID $(0, \sigma^2)$.

Adicionalmente, foram realizadas análises de correlações genóticas, fenotípicas e ambientais, com base nas características agrônomicas obtidas pelos métodos manuais e digitais, e nas características geradas por meio de fenotipagem digital utilizando drones. Para avaliar a significância das correlações, foi calculada a matriz de p -valores para cada par de características, permitindo identificar aquelas estatisticamente significativas.

As análises foram realizadas no software R (R Core Team, 2023), utilizando o pacote METAN (Olivoto & Lúcio, 2020).

3.5.4. RESULTADO E DISCUSSÃO

A análise de variância (ANOVA) foi realizada para todas as características avaliadas, e apenas aquelas que apresentaram significância estatística foram

incluídas na análise de correlação. A partir dessas variáveis, foram estimadas as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais, considerando as medições obtidas por métodos manuais e digitais.

3.5.4.1. Análise das correlações entre características agronômicas

A Tabela 1 apresenta as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre as características agronômicas analisadas, fornecendo informações relevantes sobre a interação entre os atributos fenotipados manual e digitalmente por câmera e scanner.

O comprimento da espiga sem palha, tanto no método digital (CESPD) quanto no manual (CESPM), apresentou correlações genotípicas elevadas ($r > 0,90$, $p < 0,01$) com suas respectivas versões fenotipadas manualmente (CECPM) e digitalmente (CECPD), indicando que ambos os métodos de fenotipagem capturam eficientemente a variação genética dessa característica. A eficácia da fenotipagem digital para capturar variações genéticas foi amplamente documentada por Grespan et al. (2023), que destacam a precisão e a rapidez dessas técnicas modernas. Ferrari et al. (2020) também discutem as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em progênies de S_1 de milho, reforçando a importância da integração de métodos tradicionais e digitais para caracterização agronômica, especialmente no contexto da seleção genética.

O diâmetro da espiga sem palha (DESPD e DESPM) também apresentou correlações positivas significativas ($r > 0,90$, $p < 0,01$), reforçando a confiabilidade da fenotipagem digital para essa variável. No entanto, verificou-se uma influência ambiental mais expressiva, conforme indicado pelas correlações ambientais moderadas a altas (r entre 0,50 e 0,70, $p < 0,05$), sugerindo que fatores ambientais podem impactar a expressão dessas características. Nardino et al. (2016) também observaram correlações ambientais significativas em híbridos de milho, destacando a importância de considerar fatores ambientais no manejo da cultura. Esse ponto também é abordado por Alvares et al. (2013), que discutem a influência do clima sobre a variabilidade de características agronômicas.

Tabela 1. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais das características morfoagronômicas.

Caract.	Cor.	decpd	cespd	despd	sbd	cecpm	decpm	cespm	despm	sbm	apd	aed	apm	aem	ap6	ae6	stand	ne	pgkge	rende	pgkgr	rendr	fm	ff	
cecpd	fen	-0,21	-0,02	-0,22	-0,30	0,96**	-0,18	-0,07	-0,30	-0,17	0,75**	0,60**	0,77**	0,64**	0,74**	0,61**	0,53	0,13	-0,01	-0,01	-0,10	-0,21	0,44**	0,65**	
	gen	-0,26	-0,16	-0,28	-0,34	0,99**	-0,23	-0,25	-0,36	-0,20	0,82**	0,63**	0,83**	0,67**	0,77**	0,66**	0,61	0,18	-0,03	-0,03	-0,21	-0,22	0,49**	0,70**	
	amb	0,29	0,67**	0,60**	0,69**	0,73**	0,23	0,66**	0,56**	0,53**	-0,02	0,05	0,06	0,16	0,32	0,14	-0,06	-0,15	0,20	0,20	0,58**	-0,09	-0,15	0,21	
decpd	fen		-0,33	0,88**	0,75**	-0,18	0,99**	-0,16	0,94**	0,70**	-0,33	-0,59**	-0,37*	-0,60**	-0,35*	-0,68**	0,34	0,36	0,69**	0,69**	0,82**	0,77**	-0,76**	-0,77**	
	gen		-0,52**	0,90**	0,77**	-0,22	0,99	-0,31	0,98**	0,72**	-0,36*	-0,62**	-0,41*	-0,63**	-0,38*	-0,73**	0,42	0,41	0,73**	0,73**	0,93**	0,84**	-0,80**	-0,86**	
	amb		0,45*	0,59**	0,49**	0,48**	0,93**	0,38*	0,47**	0,42	0,01	-0,01	0,16	0,10	0,28	-0,02	-0,23	0,06	0,35	0,35	0,33	0,16	-0,21	0,19	
cespd	fen			-0,37*	-0,36*	0,07	-0,31	0,98**	-0,33	-0,47**	0,21	0,34	0,21	0,33	0,16	0,43*	-0,62	-0,84	-0,72**	-0,72**	-0,64**	-0,51**	0,10	0,37	
	gen			-0,56**	-0,50**	0,02	-0,51**	0,99**	-0,48**	-0,66**	0,23	0,43*	0,23	0,40*	0,16	0,50**	-0,79	-	-	-	-	-0,74**	0,19	0,46*	
	amb			0,55**	0,64**	0,59**	0,43*	0,97**	0,36*	0,77**	0,21	-0,12	0,22	0,04	0,34	0,22	-0,13	0,18	0,55**	0,55**	0,62**	0,22	-0,29	0,07	
despd	en				0,92**	-0,13	0,88**	-0,21	0,98**	0,89**	-0,41*	-0,65**	-0,43*	-0,65**	-0,42*	-0,76**	0,37	0,41	0,78**	0,78**	0,87**	0,92**	-0,88**	-0,80**	
	gen				0,93**	-0,16	0,91**	-0,36	0,99**	0,90**	-0,44*	-0,68**	-0,46**	-0,68**	-0,45*	-0,81**	0,42	0,48	0,84**	0,84**	0,95**	0,99**	-0,93**	-0,87**	
	amb				0,73**	0,60**	0,58**	0,49**	0,82**	0,70**	0,07	0,19	0,17	0,27	0,17	0,00	-0,10	-0,14	0,32	0,32	0,58**	0,24	-0,13	0,12	
sbd	fen					-0,29	0,72**	-0,20	0,88**	0,97**	-0,67**	-0,86**	-0,67**	-0,85**	-0,68**	-0,90**	0,21	0,46	0,79**	0,79**	0,88**	0,91**	-0,85**	-0,83**	
	gen					-0,30	0,75**	-0,31	0,90**	0,98**	-0,71**	-0,88**	-0,70**	-0,86**	-0,70**	-0,95**	0,24	0,52	0,84**	0,84**	0,97**	0,98**	-0,87**	-0,88**	
	amb					0,54**	0,45**	0,62**	0,49**	0,68**	0,23	0,12	0,25	0,23	0,27	0,38*	-0,05	-0,20	0,21	0,21	0,65**	0,20	-0,27	0,13	
cecpm	fen						-0,13	0,03	-0,22	-0,16	0,82**	0,66**	0,84**	0,70**	0,80**	0,64**	0,52	0,05	-0,02	-0,02	-0,11	-0,16	0,36*	0,64**	
	gen						-0,17	-0,03	-0,25	-0,18	0,87**	0,68**	0,87**	0,71**	0,81**	0,68**	0,59	0,06	-0,04	-0,04	-0,16	-0,18	0,38*	0,67**	
	amb						0,49**	0,56**	0,52**	0,70**	-0,01	0,05	0,10	0,23	0,31	-0,20	-0,14	-0,08	0,25	0,25	0,36*	0,03	-0,16	0,12	
decpm	fen							-0,14	0,94**	0,67**	-0,27	-0,53**	-0,31	-0,54**	-0,30	-0,63**	0,39	0,36	0,69**	0,69**	0,81**	0,77**	-0,73**	-0,72**	
	gen							-0,29	0,99**	0,69**	-0,29	-0,56**	-0,35*	-0,58**	-0,33	-0,69**	0,50	0,42	0,74**	0,74**	0,93**	0,86**	-0,80**	-0,83**	
	amb							0,36*	0,48**	0,44*	-0,07	-0,11	0,11	0,05	0,30	-0,12	-0,32	0,03	0,31	0,31	0,27	0,16	-0,05	0,28	
cespm	fen								-0,15	-0,33	0,11	0,20	0,11	0,19	0,06	0,28	-0,56	-0,78	-0,59**	-0,59**	-0,49**	-0,35*	-0,05	0,24	
	gen								-0,26	-0,51**	0,10	0,27	0,11	0,24	0,04	0,32	-0,76	-	-0,98**	-0,98**	-0,99**	-0,58**	0,02	0,34	
	amb								0,30	0,75**	0,21	-0,12	0,20	0,02	0,28	0,23	-0,05	0,23	0,57**	0,57**	0,65**	0,29	-0,41*	-0,05	
despm	fen								0,84**	-0,44*	-0,67**	-0,47**	-0,68**	-0,46**	-0,78**	0,33	0,38	0,76**	0,76**	0,86**	0,89**	-0,87**	-0,87**	-0,83**	
	gen								0,85**	-0,47**	-0,71**	-0,51**	-0,71**	-0,49**	-0,83**	0,35	0,43	0,81**	0,81**	0,96**	0,99**	-0,93**	-0,91**		
	amb								0,46**	0,11	0,32	0,23	0,32	0,23	-0,10	0,12	-0,03	0,30	0,30	0,39*	0,03	0,06	0,17		
sbm	fen									-0,57**	-0,80**	-0,58**	-0,77**	-0,59**	-0,83**	0,29	0,55	0,83**	0,83**	0,91**	0,90**	-0,76**	-0,77**		
	gen									-0,61**	-0,81**	-0,60**	-0,79**	-0,60**	-0,88**	0,32	0,61	0,88**	0,88**	-	0,96**	-0,79**	-0,82**		
	amb									0,12	-0,03	0,08	0,13	0,10	0,02	-0,06	0,09	0,47**	0,47**	0,57**	0,37*	-0,27	-0,07		
apd	fen										0,94**	0,99**	0,94**	0,99**	0,89	0,25	-0,29	-0,41*	-0,41*	-0,48**	-0,53**	0,50**	0,71**		
	gen										0,96**	0,99**	0,97**	-	0,92	0,25	-0,39	-0,50**	-0,50**	-0,61**	-0,63**	0,57**	0,79**		
	amb										0,61**	0,92**	0,58**	0,44*	0,53	0,27	0,37	0,39*	0,39*	0,27	0,35*	-0,40*	-0,09		
aed	fen													0,94**	0,99**	0,93**	0,97	0,06	-0,42	-0,62**	-0,62**	-0,73**	-0,72**	0,68**	0,85**
	gen													0,95**	0,99**	0,95**	-	0,06	-0,47	-0,68**	-0,68**	-0,84**	-0,78**	0,72**	0,90**
	amb													0,65**	0,92**	0,10	0,20	0,19	0,12	0,12	0,12	0,14	0,07	-0,28	0,00

Tabela 1. Cont...

Caract.	Cor.	decpd	cespd	despd	sbd	cecpm	decpm	cespm	despm	sbm	apd	aed	apm	aem	ap6	ae6	stand	ne	pgkge	rende	pgkgr	rendr	fm	ff
apm	fen													0,95**	0,99**	0,90	0,26	-0,30	-0,43*	-0,43*	-0,51**	-0,55**	0,50**	0,74**
	gen													0,97**	-	0,93	0,27	-0,38	-0,51**	-0,51**	-0,63**	-0,64**	0,56**	0,80**
	amb													0,70**	0,61**	0,54	0,21	0,33	0,40*	0,40*	0,31	0,32	-0,39*	-0,05
aem	fen														0,95**	0,98	0,08	-0,41	-0,61**	-0,61**	-0,72**	-0,72**	0,67**	0,85**
	gen													0,96**	-	0,09	-0,46	-0,67**	-0,67**	-0,84**	-0,79**	0,71**	0,90**	
	amb													0,21	0,23	0,09	0,12	0,20	0,20	0,29	0,16	-0,26	0,08	
ap6	fen															0,89	0,27	-0,30	-0,43*	-0,43*	-0,50**	-0,55**	0,48**	0,71**
	gen														0,92	0,31	-0,34	-0,49**	-0,49**	-0,60**	-0,61**	0,52**	0,75**	
	amb													0,46	-0,13	0,14	0,26	0,26	0,21	0,12	0,12	-0,27	-0,06	
ae6	fen																-0,08	-0,50	-0,73**	-0,73**	-0,80**	-0,83**	0,73**	0,88**
	gen																-0,10	-0,59	-0,83**	-0,83**	-	-0,95**	0,83**	-
	amb																0,09	0,11	0,14	0,14	0,30	0,15	-0,50*	-0,26
stand	fen																	0,75	0,68**	0,68**	0,53**	0,51**	0,01	0,09
	gen																	0,79	0,73**	0,73**	0,59**	0,54**	0,02	0,13
	amb																	0,55	0,43*	0,43*	0,28	0,32	-0,01	-0,16
ne	fen																		0,88**	0,88**	0,75**	0,68**	-0,02	-0,24
	gen																		0,89**	0,89**	0,86**	0,70**	0,02	-0,25
	amb																		0,88**	0,88**	0,38*	0,61**	-0,29*	-0,16
pgkge	fen																			0,99**	0,96**	0,94**	-0,45**	-0,55**
	gen																			0,99	-	0,97**	-0,46**	-0,61**
	amb																			0,99**	0,68**	0,71**	-0,38*	-0,11
rende	fen																				0,96**	0,94**	-0,45**	-0,55**
	gen																				-	0,97**	-0,46**	-0,61**
	amb																				0,68**	0,71**	-0,38*	-0,11
pgkgr	fen																					0,94**	-0,61**	-0,71**
	gen																					-	-0,66**	-0,86**
	amb																					0,69**	-0,40*	0,01
rendr	fen																						-0,69**	-0,70**
	gen																						-0,71**	-0,75**
	amb																						-0,47**	-0,29
Fm	fen																							0,86**
	gen																							0,88**
	amb																							0,67**

Caract.: características; Cor.: correlações; fen.: fenotípica; gen.: genotípica; amb. ambiental; decpd: comprimento de espiga com palha digital; decpm: diâmetro de espiga com palha digital; cespd: comprimento de espiga sem palha digital; despd: diâmetro de espiga sem palha digital; sbd: sabugo digital; cecpm: comprimento de espiga com palha manual; decpm: diâmetro de espiga com palha manual; cespm: comprimento de espiga sem palha manual; despm: diâmetro de espiga sem palha manual; sbm: sabugo manual; apd: altura de planta digital; aed: altura de espiga digital; apm: altura de planta manual; aem: altura de espiga manual; ap6: altura de planta manual, (amostra de 6 plantas); ae6: altura de espiga manual, (amostra de 6 plantas); stand: número de plantas da parcela; ne: número de espiga da parcela; pgkge: peso de grão estimado (kg ha⁻¹); rende: rendimento estimado (kg ha⁻¹); pgkgr: peso de grão real (kg ha⁻¹); rendr: rendimento real (kg ha⁻¹); fm: florescimento masculino; ff: florescimento feminino. Digital: câmera e scanner. O símbolo (-) indica que a correlação não foi apresentada devido à impossibilidade de estimativa confiável.

As alturas de planta e de espiga (APD, APM, AED e AEM) também apresentam correlações genotípicas elevadas ($r > 0,90$, $p < 0,01$), indicando que essas variáveis são altamente correlacionadas e podem ser selecionadas conjuntamente. Churata e Ayla-Osuna (1996) também identificaram correlações genotípicas elevadas entre altura da planta e rendimento, reforçando a importância dessas características para a seleção de genótipos superiores. As correlações fenotípicas também foram altas e significativas ($p < 0,01$), reforçando a consistência das medições entre os métodos. Além disso, as alturas amostradas em seis plantas (AP6 e AE6) mostraram correlações expressivas com as alturas mensuradas digital e manualmente, indicando que essa amostragem reduzida representa adequadamente o comportamento geral da cultura. Lemos et al. (1992) também destacaram a eficiência de amostragens reduzidas para estimar características agronômicas em milho.

A correlação entre AE6 e AEM foi particularmente alta ($r > 0,85$, $p < 0,01$), sugerindo que a altura da espiga mensurada em seis plantas pode ser utilizada como um indicativo confiável da altura da espiga na população. Da mesma forma, AP6 apresentou correlações significativas com APD e APM ($r > 0,80$, $p < 0,01$), reforçando que essa amostragem pode substituir medições mais extensas no campo. Em relação ao rendimento, observou-se que o peso de grãos estimado (PGKGE) e real (PGKGR) apresentaram correlações genotípicas e fenotípicas elevadas ($r > 0,90$, $p < 0,01$), demonstrando que ambos os métodos de mensuração capturam de forma confiável essa característica. González et al. (1994) também observaram correlações elevadas entre métodos de estimativa e mensuração direta do rendimento em milho.

No entanto, uma correlação negativa significativa foi identificada entre o peso de grãos e a altura da planta ($r < -0,50$, $p < 0,01$), sugerindo um possível efeito compensatório entre crescimento vegetativo e produtividade de grãos. Nardino et al. (2016) também relataram correlações negativas entre altura da planta e rendimento, destacando que plantas mais altas podem direcionar mais recursos para o crescimento vegetativo em detrimento do enchimento de grãos. O sabugo, tanto na metodologia digital (SBD) quanto manual (SBM), apresentou correlações positiva e significativas ($r > 0,70$, $p < 0,01$) com o peso de grãos, indicando que espigas com sabugos maiores estão associadas a uma maior produtividade. Isso

sugere que o tamanho do sabugo pode estar relacionado à capacidade de suporte e ao desenvolvimento dos grãos na espiga.

O stand apresentou correlações moderadas com o peso de grãos (r entre 0,59 e 0,73, $p < 0,05$), indicando que um maior número de plantas por área pode contribuir para um melhor desempenho produtivo. No entanto, as correlações ambientais não foram significativas, sugerindo que essa característica é mais influenciada pelo genótipo. Grespan et al. (2023) também observaram que a densidade de plantas pode impactar positivamente o rendimento, desde que mantida dentro de limites adequados.

O florescimento masculino (FM) e feminino (FF) demonstraram correlações moderadas e significativas ($p < 0,05$) com características de desenvolvimento da planta, reforçando sua relevância na determinação do ciclo da cultura e, possivelmente, na sincronização do enchimento de grãos. Além disso, verificou-se uma relação significativa entre FF e APD, sugerindo que plantas mais altas tendem a apresentar um ciclo mais longo de florescimento, o que pode influenciar o rendimento final. Lemos et al. (1992) também destacaram a importância do florescimento como um traço chave para a adaptação da cultura ao ambiente.

Essas correlações são fundamentais para a identificação de padrões de herança genética, para a compreensão da influência ambiental e a definição do potencial de seleção para incremento do rendimento da cultura. Estudos clássicos, como os de Churata e Ayla-Osuna (1996) e Lemos et al. (1992), destacam a importância das correlações genóticas e fenóticas para a seleção de características agronômicas em milho, enquanto Allard (1971) e Cargnelutti Filho et al. (2010) enfatizam a importância dessas correlações para o entendimento das relações entre genótipo e fenótipo e para o melhoramento genético.

De maneira geral, os coeficientes de correlação genotípica foram superiores aos fenotípicos, evidenciando um forte controle genético sobre diversas características, especialmente aquelas relacionadas ao comprimento e diâmetro da espiga. Essa predominância do controle genético está em concordância com as observações de González et al. (1994), que relatam alta herdabilidade de características morfológicas em milho, e com os estudos de Andrade e Miranda Filho (2008), que destacam uma forte contribuição genética na determinação de características agronômicas.

Os resultados aqui apresentados destacam a importância da fenotipagem digital como uma ferramenta eficaz na caracterização agrônômica das plantas. As altas correlações entre as medições manuais e digitais corroboram o uso de técnicas modernas para otimizar a coleta de dados em programas de melhoramento genético. Além disso, as relações significativas entre altura, rendimento e morfologia da espiga fornecem informações valiosas para aprimorar estratégias de seleção e manejo agrícola.

3.5.4.2. Análise das correlações entre características agrônômicas e índices de drone

A fenotipagem digital com imagens obtidas por drones tem se destacado como uma ferramenta promissora para a caracterização agrônômica de cultivos, permitindo a análise não destrutiva de diversas variáveis ao longo do ciclo da cultura. Neste estudo, foram comparadas as correlações entre características agrônômicas obtidas por três métodos: manual e digital (câmera, scanner e drone), avaliadas em diferentes estágios fenológicos.

Os índices espectrais extraídos dos parâmetros R, G e B, das imagens aéreas, como SCI, GLI, NGRDI, VARI, INTENSITY, HUE, LIGHTNESS e CSI, entre outros, foram correlacionados com as características agrônômicas em quatro momentos do ciclo aos 91, 98, 112 e 119 DAP. Esses voos foram selecionados por apresentarem diferenças significativas nos índices espectrais, permitindo uma caracterização mais precisa das plantas. Esse acompanhamento possibilitou avaliar a evolução das relações entre variáveis de crescimento e produtividade, bem como comparar o rendimento estimado e o rendimento real.

No estágio de 91 DAP (Tabela 2), os índices espectrais apresentaram forte relação com as características agrônômicas. O comprimento da espiga com palha, avaliado tanto digitalmente (CECPD) quanto manualmente (CECPM), mostrou alta correlação genotípica e fenotípica positiva com CSI ($r = 0,96/0,67$ e $0,95/0,72$, respectivamente) e SCI ($r = 0,77/0,69$ e $0,79/0,74$), indicando que plantas com menor senescência e maior cobertura vegetal estiveram associadas a espigas mais longas. Em contrapartida, NGRDI ($r = -0,77/-0,77$ e $-0,79/-0,74$) e VARI ($-0,79/-0,70$ e $-0,80/-0,74$) mostraram correlações negativas, sugerindo um possível efeito compensatório entre crescimento vegetativo e reprodutivo.

Tabela 2. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais com os índices do drone aos 91 dias após o plantio.

91 DAP	correlação	sci	ngrdi	vari	intensity	hue	lightness	csi	apdr
cecpd	fen	0,69**	-0,69**	-0,70**	0,54**	-0,52**	0,50**	0,67**	0,80**
	gen	0,77**	-0,77**	-0,79**	0,67**	-0,61**	0,66**	0,96**	0,85**
	amb	-0,25	0,25	0,31	-0,14	0,32	-0,14	-0,45**	0,19
decpd	fen	-0,64**	0,64**	0,66**	-0,81**	0,54**	-0,82**	-0,64**	-0,33
	gen	-0,70**	0,70**	0,72**	-0,93**	0,59**	-	-0,87**	-0,35*
	amb	0,13	-0,13	-0,08	-0,14	0,03	-0,14	0,20	-0,04
cespd	fen	0,36*	-0,36*	-0,39*	0,21	-0,39*	0,18	0,38*	0,07
	gen	0,47**	-0,47**	-0,53**	0,24	-0,54**	0,22	0,66**	0,04
	amb	-0,12	0,12	0,15	0,11	0,16	0,10	-0,19	0,22
despd	fen	-0,46**	0,46**	0,56**	-0,63**	0,77**	-0,70**	-0,68**	-0,31
	gen	-0,48**	0,48**	0,59**	-0,74**	0,84**	-0,87**	-0,83**	-0,33
	amb	-0,08	0,08	0,09	0,01	0,03	0,02	-0,20	-0,01
sbd	fen	-0,48**	0,48**	0,61**	-0,71**	0,91**	-0,80**	-0,84**	-0,56**
	gen	-0,50**	0,50**	0,64**	-0,82**	0,97**	-0,99**	-	-0,59**
	amb	-0,03	0,03	0,01	0,18	-0,08	0,17	-0,17	0,07
cecpm	fen	0,74**	-0,74**	-0,74**	0,61**	-0,50**	0,56**	0,72**	0,88**
	gen	0,79**	-0,79**	-0,80**	0,72**	-0,56**	0,70**	0,95**	0,92**
	amb	-0,40*	0,40*	0,46*	-0,23	0,41*	-0,21	-0,44*	-0,07
decpm	fen	-0,58**	0,58**	0,59**	-0,75**	0,49**	-0,76**	-0,58**	-0,27
	gen	-0,65**	0,65**	0,67**	-0,91**	0,57**	-0,99**	-0,82**	-0,29
	amb	0,13	-0,13	-0,13	0,06	-0,12	0,06	0,26	-0,10
cespm	fen	0,28	-0,28	-0,30	0,06	-0,27	0,02	0,24	-0,03
	gen	0,39*	-0,39*	-0,44*	0,06	-0,41*	0,01	0,49**	-0,08
	amb	-0,10	0,10	0,14	0,05	0,15	0,03	-0,19	0,17

Tabela 2. Cont...

91 DAP	correlação	sci	ngrdi	vari	intensity	hue	lightness	csi	apdr
despm	fen	-0,55**	0,55**	0,63**	-0,73**	0,72**	-0,78**	-0,71**	-0,38*
	gen	-0,59**	0,59**	0,67**	-0,85**	0,79**	-0,97**	-0,90**	-0,40*
	amb	0,04	-0,04	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,06
sbm	fen	-0,43**	0,43**	0,57**	-0,61**	0,90**	-0,70**	-0,77**	-0,44*
	gen	-0,43**	0,43**	0,59**	-0,70**	0,96**	-0,86**	-0,93**	-0,46**
	amb	-0,32	0,32	0,30	0,09	0,15	0,10	-0,25	-0,08
apd	fen	0,61**	-0,61**	-0,69**	0,72**	-0,76**	0,75**	0,92**	0,97**
	gen	0,63**	-0,63**	-0,72**	0,81**	-0,83**	0,91**	-	-
	amb	0,37*	-0,37*	-0,33	0,21	-0,10	0,16	0,13	0,20
aed	fen	0,68**	-0,68**	-0,77**	0,84**	-0,87**	0,89**	0,99**	0,88**
	gen	0,69**	-0,69**	-0,80**	0,96**	-0,93**	-	-	0,91**
	amb	0,34	-0,34	-0,29	-0,02	-0,10	-0,05	0,11	0,24
apm	fen	0,66**	-0,66**	-0,74**	0,74**	-0,77**	0,77**	0,92**	0,98**
	gen	0,67**	-0,67**	-0,76**	0,83**	-0,82**	0,92**	-	-
	amb	0,47**	-0,47**	-0,42*	0,25	-0,17	0,19	0,21	0,32
aem	fen	0,71**	-0,71**	-0,80**	0,85**	-0,86**	0,89**	0,99**	0,90**
	gen	0,73**	-0,73**	-0,83**	0,96**	-0,92**	-	-	0,93**
	amb	0,23	-0,23	-0,20	0,07	-0,06	0,05	0,12	0,39*
ap6	fen	0,62**	-0,62**	-0,70**	0,72**	-0,76**	0,75**	0,90**	0,97**
	gen	0,63**	-0,63**	-0,72**	0,82**	-0,82**	0,92**	-	-
	amb	0,37*	-0,37*	-0,31	0,07	-0,02	0,03	-0,02	0,31
ae6	fen	0,68**	-0,68**	-0,78**	0,82**	-0,89**	0,86**	0,98**	0,82**
	gen	0,70**	-0,70**	-0,81**	0,93**	-0,95**	-	-	0,85**
	amb	0,50**	-0,50**	-0,49**	0,22	-0,32	0,18	0,20	0,45**

Tabela 2. Cont...

91 DAP	correlação	sci	ngrdi	vari	intensity	hue	lightness	csi	apdr
stand	fen	0,25	-0,25	-0,23	0,08	-0,06	0,04	0,08	0,37*
	gen	0,30	-0,30	-0,28	0,05	-0,05	-0,03	0,02	0,43*
	amb	-0,16	0,16	0,13	0,24	-0,09	0,25	0,27	-0,06
ne	fen	-0,17	0,17	0,22	-0,23	0,35*	-0,26	-0,38*	-0,16
	gen	-0,19	0,19	0,25	-0,34*	0,42*	-0,41*	-0,67**	-0,21
	amb	-0,05	0,05	0,05	0,17	-0,02	0,17	0,44*	0,19
pgkge	fen	-0,33	0,33	0,42*	-0,48**	0,63**	-0,54**	-0,60**	-0,28
	gen	-0,35*	0,35*	0,46*	-0,63**	0,71**	-0,75**	-0,87**	-0,33
	amb	-0,10	0,10	0,11	0,18	0,04	0,18	0,27	0,19
rende	fen	-0,33	0,33	0,42*	-0,48**	0,63**	-0,54**	-0,60**	-0,28
	gen	-0,35*	0,35*	0,46*	-0,63**	0,71**	-0,75**	-0,87**	-0,33
	amb	-0,10	0,10	0,11	0,18	0,04	0,18	0,27	0,19
pgkgr	fen	-0,50**	0,50**	0,59**	-0,67**	0,73**	-0,72**	-0,72**	-0,38*
	gen	-0,57**	0,57**	0,67**	-0,90**	0,85**	-	-0,97**	-0,33**
	amb	-0,17	0,17	0,19	0,15	0,14	0,14	-0,09	0,22
rendr	fen	-0,38*	0,38*	0,49**	-0,58**	0,76**	-0,66**	-0,71**	-0,41*
	gen	-0,41*	0,41*	0,54**	-0,73**	0,87**	-0,90**	-0,97**	-0,48**
	amb	-0,09	0,09	0,08	0,15	0,04	0,14	0,10	-0,04
fm	fen	0,51**	-0,51**	-0,60**	0,67**	-0,78**	0,74**	0,73**	0,45**
	gen	0,57**	-0,57**	-0,67**	0,73**	-0,85**	0,84**	0,91**	-0,45**
	amb	-0,30*	0,30*	0,18	0,40*	-0,18	0,44**	0,12	-0,11
ff	fen	0,85**	-0,85**	-0,92**	0,84**	-0,88**	0,84**	0,91**	0,67**
	gen	0,94**	-0,94**	-	0,94**	-0,97**	0,99**	-	0,73**
	amb	-0,17	0,17	0,11	0,32	-0,08	0,34	0,09	0,04

Caract.: características; Cor.: correlações; fen.: fenotípica; gen.: genotípica; amb. ambiental; ceacd: comprimento de espiga com palha digital; decpd: diâmetro de espiga com palha digital; cespd: comprimento de espiga sem palha digital; despd: diâmetro de espiga sem palha digital; sbd: sabugo digital; ceacpm: comprimento de espiga com palha manual; decpm: diâmetro de espiga com palha manual; cespm: comprimento de espiga sem palha manual; despm: diâmetro de espiga sem palha manual; sbm: sabugo manual; apd: altura de planta digital; aed: altura de espiga digital; apm: altura de planta manual; aem: altura de espiga manual; ap6: altura de planta manual, (amostra de 6 plantas); ae6: altura de espiga manual, (amostra de 6 plantas); stand: número de plantas da parcela; ne: número de espiga da parcela; pgkge: peso de grão estimado (kg ha⁻¹); rende: rendimento estimado (kg ha⁻¹); pgkgr: peso de grão real (kg ha⁻¹); rendr: rendimento real (kg ha⁻¹); fm: florescimento masculino; ff: florescimento feminino. Digital: câmera e scanner. O símbolo (-) indica que a correlação não foi apresentada devido à impossibilidade de estimativa confiável. Os valores apresentados como 0,00 representam correlações extremamente baixas, com magnitudes menores que 0,01, podendo estar na ordem de 10⁻³ ou menores.

O diâmetro da espiga, com palha (DECPM) e sem palha (DESPM), apresentou correlações negativas com os índices INTENSITY (-0,91/-0,75 e -0,85/-0,73), LIGHTNESS (-0,99/-0,76 e -0,97/-0,78) e CSI (-0,82/-0,58 e -0,90/-0,71), sugerindo que espigas mais espessas podem estar associadas a plantas com menor brilho e maior senescência. Além disso, o índice HUE apresentou correlação positiva com DESPM (0,79/0,72), indicando que a tonalidade da vegetação pode estar relacionada ao enchimento da espiga.

A altura de planta estimada a partir da imagem aérea do drone (APDR) apresentou correlação genotípicas e fenotípicas positiva com CECPM e CECPD (0,92/0,88 e 0,85/0,80) e negativas com DESPM (-0,40/-0,38). Esses resultados sugerem que plantas mais altas tendem a ter espigas mais longas, mas não necessariamente mais espessas. Esses achados corroboram com estudos como os de Gracia-Romero et al. (2017) e Araus et al. (2018), que destacam a influência da coloração da vegetação na estimativa de características produtivas. De forma semelhante, Li et al. (2016) observaram que a altura da planta medida digitalmente pode estar fortemente relacionada à qualidade e ao rendimento das espigas, com a presença de correlações significativas com a cobertura verde e outros índices espectrais.

Para o sabugo digital (SBD), as correlações mais fortes foram observadas com as variáveis HUE e LIGHTNESS, que apresentaram correlações fenotípicas positivas de 0,91 e negativas de -0,80, respectivamente. Além disso, o sabugo digital (SBD) mostrou correlações significativas com o SCI (Índice de Coloração Verde) e com o NGRDI, com valores de -0,48 e 0,48, respectivamente, assim como VARI (0,61) e INTENSITY (-0,71), evidenciando a influência das características de cor na análise. As correlações genéticas para o sabugo digital também foram robustas, com destaque para HUE (0,97) e LIGHTNESS (-0,99), além de uma relação significativa com o INTENSITY (-0,82) e SCI (-0,50), refletindo uma interação complexa entre essas variáveis.

Para as alturas de planta digital (APD) e manual (APM), as correlações revelaram padrões semelhantes. O SCI apresentou correlação fenotípica positiva de 0,61 com APD, enquanto o NGRDI, com valor de -0,61, também influenciou as medições de altura. A variável HUE mostrou uma forte correlação negativa com APD (-0,76) e APM (-0,77), enquanto LIGHTNESS teve correlações positiva de 0,75 para APD e 0,77 para APM. O índice CSI apresentou uma correlação expressiva

com a altura das plantas, atingindo 0,92 para APD e APM, refletindo a importância dessa variável na determinação da altura.

A altura da planta e da espiga mensuradas digitalmente (APD e AED) demonstraram correlações expressivas com variáveis espectrais. No nível genotípico, APD correlacionou-se positivamente com SCI (0,63; $p < 0,01$) e negativamente com NGRDI (-0,63; $p < 0,01$), enquanto AED apresentou padrões semelhantes, destacando-se as correlações fenotípicas com HUE (-0,87) e LIGHTNESS (0,89), além do CSI (0,99), que se mostrou altamente correlacionado com as medições digitais. As medições genéticas da altura de espiga digital também evidenciaram correlações expressivas com a variável INTENSITY (0,96) e com o HUE (-0,93), reforçando a aplicabilidade da fenotipagem digital na predição de características morfológicas (Makanza et al., 2018).

Além disso, a correlação entre as medições digitais e manuais para altura de espiga manual (AEM) também foi significativa, com o SCI apresentando correlação fenotípica positiva de 0,71 ressaltando a consistência entre as medições. O HUE e LIGHTNESS, novamente, apresentaram correlações negativas (-0,86 e 0,89) respectivamente, sugerindo um papel central na modelagem das medições.

Esses resultados indicam que variáveis como HUE e LIGHTNESS desempenham um papel fundamental nas medições digitais e manuais de altura de planta e espiga, sendo especialmente importantes para a avaliação da coloração da vegetação. As correlações entre as medições manuais e digitais, como as observadas no CSI, reforçam a utilidade das ferramentas digitais na obtenção de dados precisos e consistentes para as características agronômicas.

O diâmetro do sabugo medido manualmente (SBM) apresentou correlação negativa com os índices espectrais como SCI (-0,43; $p < 0,01$) e NGRDI (0,43; $p < 0,01$), além de forte associação com variáveis de intensidade luminosa, LIGHTNESS (-0,70; $p < 0,01$) e HUE (0,90; $p < 0,01$) em nível fenotípico. Essas associações sugerem que características espectrais podem ser utilizadas na estimativa indireta de atributos físicos do milho, corroborando estudos prévios sobre fenotipagem digital (Araus et al., 2018; Gracia-Romero et al., 2017).

A análise revelou que o peso de grãos estimado digitalmente (PGKGE) e o peso de grãos real (PGKGR) apresentaram correlações genotípicas e fenotípicas distintas com os índices espectrais. O PGKGE mostrou correlação genotípica

negativa com SCI (-0,35; $p < 0,05$) e fenotípica de -0,33 ($p < 0,05$), enquanto apresentou associações positivas com VARI (0,46/0,42; $p < 0,05$) e HUE (0,71/0,63). Em contraste, o PGKGR demonstrou correlação negativa mais pronunciada com SCI (-0,57; $p < 0,01$ no nível genotípico e -0,50; $p < 0,01$ no fenotípico) e maior associação positiva com VARI (0,67/0,59; $p < 0,01$) e HUE (0,85/0,73). A maior intensidade dessas correlações para o PGKGR sugere que a estimativa digital (PGKGE) capta parte da variação do rendimento, mas pode não refletir integralmente os fatores que afetam o peso real de grãos.

No nível genotípico, o florescimento masculino (FM) apresentou correlação positiva com SCI (0,57; $p < 0,01$) e negativa com NGRDI (-0,57; $p < 0,01$), enquanto o florescimento feminino (FF) apresentou um padrão ainda mais pronunciado, com correlações superiores a 0,94 ($p < 0,01$) para SCI e -0,94 ($p < 0,01$) para NGRDI. Em contraste, no nível fenotípico, as correlações para FM foram de 0,51 para SCI e -0,51 para NGRDI, enquanto o florescimento feminino (FF) apresentou 0,85 para SCI e -0,85 para NGRDI indicando que o ambiente exerce influência na variabilidade observada. Esses achados reforçam a importância de considerar conjuntamente as correlações genotípicas e fenotípicas na interpretação dos resultados, evidenciando o potencial da fenotipagem digital como ferramenta promissora na predição do ciclo da cultura, auxiliando na seleção de genótipos com diferentes estratégias de desenvolvimento (Li et al., 2016; Mathews & Jensen, 2013).

De modo geral, os resultados reforçam a viabilidade da fenotipagem digital como uma alternativa eficiente para substituir medições manuais, reduzindo o tempo e esforço necessários na coleta de dados no campo. No entanto, variações ambientais ainda influenciam os coeficientes de correlação, exigindo ajustes metodológicos para aprimorar a precisão das predições (Araus et al., 2018).

Aos 98 DAP (Tabela 3), a relação entre os índices espectrais e as características agronômicas manteve um padrão semelhante ao de 91 DAP, com algumas variações importantes, reforçando a confiabilidade dos índices na estimativa do crescimento vegetal. O diâmetro da espiga (DESPD) manteve correlações genotípicas significativas com VARI ($r = 0,75$), NGRDI ($r = 0,72$), HUE ($r = 0,83$) e CSI ($r = -0,83$), a $p < 0,01$. As correlações fenotípicas foram 0,71, 0,68, 0,77 e -0,75, respectivamente.

Tabela 3. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais com os índices do drone aos 98 dias após o plantio.

98 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	intensity	hue	saturation	a	u	gga	csi
cecpd	fen	0,51**	-0,53**	-0,51**	-0,47**	0,48**	-0,34	-0,06	0,53**	0,53**	-0,51**	0,55**
	gen	0,59**	-0,59**	-0,59**	-0,56**	0,67**	-0,44*	0,00	0,66**	0,63**	-0,66**	0,69**
	amb	-0,34*	-0,01	0,34*	0,39*	-0,31	0,50**	-0,38*	0,00	-0,20	0,50**	-0,41*
decpd	fen	-0,68**	0,61**	0,68**	0,66**	-0,73**	0,57**	-0,09	-0,57**	-0,60**	0,67**	-0,68**
	gen	-0,73**	0,68**	0,73**	0,71**	-0,88**	0,61**	-0,09	-0,72**	-0,70**	0,75**	-0,78**
	amb	-0,12	0,00	0,12	0,15	-0,24	0,24	-0,12	0,10	0,08	0,10	-0,05
cespd	fen	0,48**	-0,39	-0,48**	-0,49**	0,38**	-0,50**	0,14	0,46**	0,48**	-0,49**	0,45**
	gen	0,68**	-0,54**	-0,68**	-0,71**	0,63**	-0,74**	0,26	0,74**	0,73**	-0,78**	0,68**
	amb	-0,30*	0,17	0,30*	0,31	-0,14	0,32	-0,12	-0,15	-0,26	0,37*	-0,24
despd	fen	-0,68**	0,39	0,68**	0,71**	-0,59**	0,77**	-0,51**	-0,48**	-0,66**	0,74**	-0,75**
	gen	-0,72**	0,41*	0,72**	0,75**	-0,72**	0,83**	-0,61**	-0,58**	-0,74**	0,81**	-0,83**
	amb	-0,21	0,12	0,21	0,22	-0,13	0,23	-0,08	-0,06	-0,11	0,24	-0,17
sbd	fen	-0,75**	0,36	0,75**	0,79**	-0,70**	0,89**	-0,68**	-0,46**	-0,70**	0,86**	-0,87**
	gen	-0,78**	0,38	0,78**	0,84**	-0,86**	0,95**	-0,80**	-0,54**	-0,76**	0,95**	-0,96**
	amb	-0,12	0,09	0,12	0,13	0,09	0,14	-0,02	-0,18	-0,23	0,13	-0,01
cecpm	fen	0,53**	-0,58**	-0,53**	-0,49**	0,57**	-0,33	-0,10	0,54**	0,51**	-0,54**	0,57**
	gen	0,60**	-0,63**	-0,60**	-0,56**	0,76**	-0,40*	-0,08	0,66**	0,60**	-0,65**	0,68**
	amb	-0,63**	0,20	0,63**	0,66**	-0,51*	0,68	-0,43*	-0,09	-0,34	0,66**	-0,60**
decpm	fen	-0,63**	0,57**	0,63**	0,61**	-0,66**	0,53**	-0,08	-0,53**	-0,57**	0,61**	-0,63**
	gen	-0,68**	0,62**	0,68**	0,66**	-0,83**	0,58**	-0,10	-0,65**	-0,65**	0,71**	-0,73**
	amb	-0,15	0,15	0,15	0,16	-0,09	0,17	0,02	-0,07	-0,06	0,05	0,00
cespm	fen	0,38*	-0,33	-0,38*	-0,39*	0,27*	-0,39*	0,07	0,41*	0,40*	-0,37*	0,33
	gen	0,57**	-0,47*	-0,57**	-0,59**	0,50**	-0,62**	0,17	0,66**	0,63**	-0,65**	0,54**
	amb	-0,23*	0,09	0,23*	0,24	-0,16	0,27	-0,13	-0,07	-0,17	0,34	-0,22

Tabela 3. Cont...

98 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	intensity	hue	saturation	a	u	gga	csi
despm	fen	-0,70**	0,49*	0,70**	0,72**	-0,66**	0,72**	-0,37*	-0,53**	-0,67**	0,74**	-0,76**
	gen	-0,75**	0,53**	0,75**	0,76**	-0,80**	0,77**	-0,43**	-0,66**	-0,76**	0,82**	-0,84**
	amb	-0,14	0,02	0,14	0,17	-0,15	0,22	-0,13	0,05	0,01	0,14	-0,12
sbm	fen	-0,76**	0,35	0,76**	0,82**	-0,67**	0,93**	-0,72**	-0,49**	-0,73**	0,86**	-0,86**
	gen	-0,79**	0,36	0,79**	0,85**	-0,81**	0,99**	-0,85**	-0,55**	-0,79**	0,94**	-0,93**
	amb	-0,45**	0,36	0,45**	0,43*	-0,11	0,32	-0,04	-0,32	-0,42*	0,39*	-0,28
apd	fen	0,65**	-0,43*	-0,65**	-0,66**	0,69**	-0,65**	0,37*	0,45**	0,59**	-0,76**	0,77**
	gen	0,68**	-0,45**	-0,68**	-0,70**	0,84**	-0,71**	0,46**	0,53**	0,65**	-0,86**	0,87**
	amb	0,28	-0,28	-0,28	-0,25	0,18	-0,11	-0,05	0,16	0,20	-0,10	0,14
aed	fen	0,79**	-0,53**	-0,79**	-0,81**	0,84**	-0,81**	0,46**	0,55**	0,72**	-0,90**	0,91**
	gen	0,83**	-0,55**	-0,83**	-0,86**	-	-0,87**	0,55**	0,65**	0,79**	-	-
	amb	0,18	-0,18	-0,18	-0,15	0,01	-0,04	-0,03	0,17	0,21	-0,06	0,07
apm	fen	0,70**	-0,51**	-0,70**	-0,71**	0,73**	-0,67**	0,33	0,53**	0,65**	-0,79**	0,81**
	gen	0,74**	-0,53**	-0,74**	-0,75**	0,89**	-0,73**	0,40*	0,62**	0,71**	-0,89**	0,89**
	amb	0,27	-0,26	-0,27	-0,24	0,13	-0,10	-0,02	0,18	0,23	-0,10	0,15
aem	fen	0,81**	-0,56**	-0,81**	-0,82**	0,85**	-0,80**	0,42*	0,59**	0,74**	-0,90**	0,91**
	gen	0,86**	-0,60**	-0,86**	-0,88**	-	-0,87**	0,50**	0,71**	0,82**	-	-
	amb	-0,02	0,00	0,02	0,04	-0,01	0,11	-0,02	-0,01	-0,01	0,06	-0,02
ap6	fen	0,69**	-0,47**	-0,69**	-0,70**	0,71**	-0,68**	0,37*	0,50**	0,64**	-0,79**	0,80**
	gen	0,72**	-0,49**	-0,72**	-0,74**	0,88**	-0,74**	0,46**	0,58**	0,70**	-0,88**	0,89**
	amb	0,22	-0,34	-0,22	-0,17	-0,05	0,02	-0,19	0,28	0,26	0,06	-0,02
ae6	fen	0,81**	-0,55**	-0,81**	-0,83**	0,80**	-0,83**	0,45**	0,60**	0,77**	-0,91**	0,92**
	gen	0,85**	-0,58**	-0,85**	-0,87**	0,95**	-0,89**	0,53**	0,72**	0,84**	-	0,99**
	amb	0,49*	-0,30	-0,49*	-0,48**	0,34*	-0,36*	0,15	0,14	0,27	-0,35*	0,44*

Tabela 3. Cont...

98 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	intensity	hue	saturation	a	u	gga	csi
stand	fen	0,07	-0,16	-0,07	-0,04	0,10	0,08	-0,17	0,14	0,08	-0,02	0,05
	gen	0,07	-0,21	-0,07	-0,03	0,08	0,13	-0,28	0,21	0,10	0,04	0,01
	amb	0,06	0,11	-0,06	-0,09	0,17	-0,20	0,21	-0,12	-0,01	-0,27	0,25
ne	fen	-0,41*	0,24	0,41*	0,45*	-0,35*	0,51**	-0,30	-0,31	-0,39*	0,48**	-0,43*
	gen	-0,49**	0,26	0,49**	0,54**	-0,51**	0,64**	-0,46**	-0,38*	-0,50**	0,64**	-0,58**
	amb	0,09	0,11	-0,09	-0,10	0,13	-0,17	0,23	-0,07	0,08	-0,25	0,25
pgkge	fen	-0,62**	0,34	0,62**	0,66**	-0,54**	0,75**	-0,48**	-0,44*	-0,60**	0,70**	-0,67**
	gen	-0,70**	0,37	0,70**	0,75**	-0,70**	0,86**	-0,64**	-0,54**	-0,70**	0,84**	-0,82**
	amb	-0,07	0,17	0,07	0,06	0,02	0,01	0,14	-0,11	-0,02	-0,05	0,10
rende	fen	-0,62**	0,34	0,62**	0,66**	-0,54**	0,75**	-0,48**	-0,44*	-0,60**	0,70**	-0,67**
	gen	-0,70**	0,37	0,70**	0,75**	-0,70**	0,86**	-0,64**	-0,54**	-0,70**	0,84**	-0,82**
	amb	-0,07	0,17	0,07	0,06	0,02	0,01	0,14	-0,11	-0,02	-0,05	0,10
pgkgr	fen	-0,76**	0,50*	0,76**	0,79**	-0,72**	0,83**	-0,45**	-0,57**	-0,72**	0,82**	-0,81**
	gen	-0,89**	0,58**	0,89**	0,93**	-0,98	0,98**	-0,60**	-0,72**	-0,70**	0,84**	-0,82**
	amb	-0,14	0,11	0,14	0,15	-0,02	0,16	-0,02	-0,13	-0,17	0,19	-0,08
rendr	fen	-0,66**	0,33	0,66**	0,71**	-0,56**	0,80**	-0,58**	-0,45*	-0,65**	0,76**	-0,75**
	gen	-0,76**	0,38	0,76**	0,81**	-0,75**	0,95**	-0,76**	-0,56**	-0,86**	0,99**	-0,99**
	amb	0,06	0,04	-0,06	-0,08	0,09	-0,13	0,11	-0,05	0,02	-0,06	0,08
fm	fen	0,60**	-0,33	-0,60**	-0,62**	0,58**	-0,66**	0,47**	0,39*	0,57**	-0,66**	0,71**
	gen	0,68**	-0,41*	-0,68**	-0,70**	0,67**	-0,73**	0,52**	0,57**	-0,77**	0,91**	-0,91**
	amb	-0,28	0,49**	0,28	0,23	0,29	0,02	0,30	-0,52**	-0,49**	-0,06	0,03
ff	fen	0,89**	-0,72**	-0,89**	-0,89**	0,85**	-0,81**	0,28	0,76**	0,86**	-0,91**	0,93**
	gen	-	-0,84**	-	-	-	-0,94**	0,33*	-	-	-	-
	amb	-0,26	0,29	0,26	0,26	0,21	0,23	0,08	-0,38*	-0,41*	0,11	-0,09

Caract.: características; Cor.: correlações; fen.: fenotípica; gen.: genotípica; amb. ambiental; ceccd: comprimento de espiga com palha digital; decpd: diâmetro de espiga com palha digital; cespd: comprimento de espiga sem palha digital; despd: diâmetro de espiga sem palha digital; sbd: sabugo digital; ceccpm: comprimento de espiga com palha manual; decpm: diâmetro de espiga com palha manual; cespm: comprimento de espiga sem palha manual; despm: diâmetro de espiga sem palha manual; sbm: sabugo manual; apd: altura de planta digital; aed: altura de espiga digital; apm: altura de planta manual; aem: altura de espiga manual; ap6: altura de planta manual, (amostra de 6 plantas); ae6: altura de espiga manual, (amostra de 6 plantas); stand: número de plantas da parcela; ne: número de espiga da parcela; pgkge: peso de grão estimado (kg ha⁻¹); rende: rendimento estimado (kg ha⁻¹); pgkgr: peso de grão real (kg ha⁻¹); rendr: rendimento real (kg ha⁻¹); fm: florescimento masculino; ff: florescimento feminino. Digital: câmera e scanner. O símbolo (-) indica que a correlação não foi apresentada devido à impossibilidade de estimativa confiável. Os valores apresentados como 0,00 representam correlações extremamente baixas, com magnitudes menores que 0,01, podendo estar na ordem de 10⁻³ ou menores.

Esses resultados evidenciam que a coloração da vegetação permanece um indicador relevante para essa característica. A altura de planta digital (APD) e o CSI continuaram apresentando alta correlação genotípica ($r = 0,87$, $p < 0,01$) e fenotípica ($r = 0,77$, $p < 0,01$), reforçando a confiabilidade desse índice na estimativa do crescimento.

Notou-se também que o rendimento estimado (RENDE) apresentou uma relação genotípica menos negativa com SCI ($r = -0,70$, $p < 0,01$) e CSI ($r = -0,82$, $p < 0,01$), em comparação ao estágio 91 DAP, sugerindo que a competição entre o crescimento vegetativo e o rendimento se intensifica com o avanço do ciclo. As correlações fenotípicas foram $-0,62$ e $-0,67$, respectivamente. O índice HUE demonstrou forte correlação genotípica tanto com o sabugo manual ($r = 0,99$, $p < 0,01$) quanto com o rendimento real (RENRD) ($r = 0,95$, $p < 0,01$), enquanto as correlações fenotípicas foram $0,99$ e $0,80$, respectivamente, sugerindo que mudanças na tonalidade da vegetação podem estar associadas à produtividade.

Aos 112 dias após o plantio (DAP) (Tabela 4), os índices espectrais apresentaram correlações significativas com diversas características agrônômicas, demonstrando o potencial da fenotipagem digital na predição de características agrônômicas relacionadas ao crescimento e rendimento da cultura.

O diâmetro da espiga sem palha digital (DESPD) apresentou correlações fenotípicas e genotípicas significativas com VARI ($r = 0,64/0,67$) e HUE ($r = 0,67/0,69$), sugerindo que a coloração da vegetação pode ser um indicativo do enchimento da espiga, conforme também observado por Gracia-Romero et al. (2017), que compararam índices RGB e multiespectrais para avaliação precoce de milho. Além disso, DESPD mostrou correlação negativa significativa com CSI ($r = -0,68/-0,70$, $p < 0,01$), indicando que valores mais altos desse índice estão associados a espigas de menor diâmetro. Esse resultado sugere que a estrutura do dossel, capturada pelo CSI, pode estar relacionada à alocação de biomassa e ao enchimento da espiga, influenciando essa característica. O diâmetro da espiga (DESPD) mostrou uma leve redução nas correlações, sugerindo que essa característica se estabiliza à medida que a planta amadurece.

O comprimento da espiga com palha manual (CECPM) demonstrou associação com SCI ($r = 0,70$, $p < 0,01$), indicando que a fenotipagem digital pode ser uma ferramenta útil na predição do tamanho da espiga antes da colheita.

Tabela 4. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais com os índices do drone aos 112 dias após o plantio.

112 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	hue	a	u	ga	gga	csi
cecpd	fen	0,65**	-0,70**	-0,65**	-0,63**	-0,58**	0,70**	0,66**	-0,72**	-0,61**	0,61**
	gen	0,75**	-0,83**	-0,75**	-0,73**	-0,69**	0,83**	0,77**	-0,83**	-0,70**	0,69**
	amb	-0,48**	0,27	0,48**	0,50**	0,61**	-0,30	-0,50**	0,55**	0,58**	-0,53**
decpd	fen	-0,49**	0,57**	0,49**	0,47**	0,45**	-0,53**	-0,49**	0,49**	0,47**	-0,47**
	gen	-0,51**	0,63**	0,51**	0,49**	0,46**	-0,59**	-0,52**	0,51**	0,47**	-0,47**
	amb	-0,26	0,16	0,26	0,27	0,32	-0,11	-0,20	0,29	0,40*	-0,38*
cespd	fen	0,31	-0,31	-0,31	-0,31	-0,34	0,33	0,31	-0,37*	-0,24	0,20
	gen	0,48**	-0,51**	-0,48**	-0,49**	-0,52**	0,53**	0,48**	-0,57**	-0,38*	0,31
	amb	-0,41*	0,35	0,41*	0,41*	0,47**	-0,35	-0,42*	0,49**	0,47**	-0,39*
despd	fen	-0,63**	0,52**	0,63**	0,64**	0,67**	-0,61**	-0,65**	0,64**	0,67**	-0,68**
	gen	-0,66**	0,57**	0,66**	0,67**	0,69**	-0,67**	-0,68**	0,67**	0,69**	-0,70**
	amb	-0,25	0,20	0,25	0,25	0,28	-0,17	-0,23	0,25	0,36	-0,30
sbd	fen	-0,79**	0,63**	0,79**	0,80**	0,83**	-0,74**	-0,80**	0,80**	0,83**	-0,83**
	gen	-0,82**	0,68**	0,82**	0,83**	0,86**	-0,79**	-0,83**	0,82**	0,85**	-0,85**
	amb	-0,27	0,20	0,27	0,27	0,32	-0,27	-0,31	0,27	0,31	-0,24
cecpm	fen	0,64**	-0,73**	-0,64**	-0,62**	-0,57**	0,70**	0,65**	-0,71**	-0,58**	0,58**
	gen	0,70**	-0,83**	-0,70**	-0,68**	-0,62**	0,79**	0,71**	-0,77**	-0,63**	0,62**
	amb	-0,55**	0,33	0,55**	0,55**	0,54**	-0,28	-0,51**	0,39*	0,61**	-0,61**
decpm	fen	-0,43**	0,51**	0,43**	0,42*	0,40*	-0,48**	-0,45*	0,45**	0,42*	-0,43*
	gen	-0,45**	0,54**	0,45**	0,44*	0,42*	-0,52**	-0,47**	0,46**	0,43*	-0,43*
	amb	-0,31	0,30	0,31	0,30	0,29	-0,23	-0,27	0,31	0,39*	-0,37*
cespm	fen	0,22	-0,22	-0,22	-0,22	-0,24	0,24	0,21	-0,27	-0,14	0,09
	gen	0,36*	-0,39*	-0,36*	-0,37*	-0,41*	0,40*	0,35*	-0,44*	-0,25	0,17
	amb	-0,29	0,23	0,29	0,29	0,36*	-0,22	-0,29	0,38*	0,35*	-0,28

Tabela 4. Cont...

112 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	hue	a	u	ga	gga	csi
despm	fen	-0,62**	0,58**	0,62**	0,62**	0,63**	-0,63**	-0,64**	0,64**	0,65**	-0,65**
	gen	-0,64**	0,62**	0,64**	0,64**	0,65**	-0,68**	-0,67**	0,66**	0,65**	-0,66**
	amb	-0,37*	0,28*	0,37*	0,38**	0,42**	-0,26*	-0,33**	0,41**	0,48**	-0,44*
sbm	fen	-0,78**	0,60**	0,78**	0,79**	0,83**	-0,72**	-0,78**	0,76**	0,81**	-0,81**
	gen	-0,81**	0,64**	0,81**	0,82**	0,86**	-0,77**	-0,81**	0,79**	0,83**	-0,83**
	amb	-0,32	0,29	0,32	0,31	0,27	-0,28	-0,33	0,18	0,31	-0,26
apd	fen	0,80**	-0,74**	-0,80**	-0,80**	-0,79**	0,79**	0,81**	-0,88**	-0,79**	0,80**
	gen	0,87**	-0,83**	-0,87**	-0,86**	-0,86**	0,89**	0,87**	-0,95**	-0,85**	0,85**
	amb	0,06	-0,07	-0,06	-0,05	0,03	0,01	0,09	0,06	0,02	0,04
aed	fen	0,86**	-0,80**	-0,86**	-0,86**	-0,86**	0,85**	0,87**	-0,90**	-0,85**	0,86**
	gen	0,90**	-0,87**	-0,90**	-0,90**	-0,90**	0,92**	0,91**	-0,94**	-0,88**	0,88**
	amb	0,15	-0,13	-0,15	-0,13	-0,07	0,15	0,21	-0,12	-0,06	0,12
apm	fen	0,83**	-0,79**	-0,83**	-0,83**	-0,82**	0,83**	0,84**	-0,90**	-0,82**	0,82**
	gen	0,90**	-0,89**	-0,90**	-0,89**	-0,88**	0,94**	0,91**	-0,98**	-0,87**	0,87**
	amb	-0,03	0,06	0,03	0,04	0,12	-0,07	0,00	0,21	0,12	-0,04
aem	fen	0,87**	-0,83**	-0,87**	-0,87**	-0,86**	0,87**	0,88**	-0,92**	-0,86**	0,87**
	gen	0,92**	-0,91**	-0,92**	-0,92**	-0,91**	0,95**	0,93**	-0,96**	-0,89**	0,89**
	amb	-0,05	0,09	0,05	0,06	0,09	-0,05	0,01	0,02	0,08	0,00
ap6	fen	0,84**	-0,77**	-0,84**	-0,83**	-0,83**	0,83**	0,85**	-0,90**	-0,83**	0,84**
	gen	0,90**	-0,86**	-0,90**	-0,89**	-0,88**	0,92**	0,91**	-0,97**	-0,88**	0,88**
	amb	-0,22	0,16	0,22	0,22	0,29	-0,18	-0,25	0,50**	0,35*	-0,31
ae6	fen	0,86**	-0,79**	-0,86**	-0,86**	-0,87**	0,85**	0,88**	-0,92**	-0,86**	0,86**
	gen	0,92**	-0,88**	-0,92**	-0,92**	-0,94**	0,97**	0,94**	-	-0,91**	0,90**
	amb	0,17	-0,11	-0,17	-0,16	-0,03	0,00	0,12	0,07	-0,11	0,18

Tabela 4. Cont...

112 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	hue	a	u	ga	gga	csi
stand	fen	0,25	-0,32	-0,25	-0,24	-0,16	0,26	0,22	-0,16	-0,23	0,24
	gen	0,30	-0,42*	-0,30	-0,29	-0,20	0,36*	0,28	-0,19	-0,25	0,26
	amb	-0,13	0,20	0,13	0,12	0,07	-0,27	-0,15	0,04	-0,06	0,08
ne	fen	-0,28	0,21	0,28	0,29	0,34	-0,28	-0,30	0,37*	0,26	-0,24
	gen	-0,32*	0,21	0,32*	0,33	0,39*	-0,29	-0,34	0,42*	0,31	-0,28
	amb	-0,07	0,23	0,07	0,07	0,03	-0,21	-0,03	0,01	-0,07	0,09
pgkge	fen	-0,52**	0,41*	0,52**	0,53**	0,58**	-0,50**	-0,54**	0,58**	0,53**	-0,52**
	gen	-0,56**	0,42*	0,56**	0,57**	0,62**	-0,54**	-0,59**	0,62**	0,57**	-0,56**
	amb	-0,24	0,35	0,24	0,24	0,22	-0,32	-0,20	0,21	0,17	-0,11
rende	fen	-0,52**	0,41*	0,52**	0,53**	0,58**	-0,50**	-0,54**	0,58**	0,53**	-0,52**
	gen	-0,56**	0,42*	0,56**	0,57**	0,62**	-0,54**	-0,59**	0,62**	0,57**	-0,56**
	amb	-0,24	0,35	0,24	0,24	0,22	-0,32	-0,20	0,21	0,17	-0,11
pgkgr	fen	-0,64**	0,57**	0,64**	0,65**	0,67**	-0,63**	-0,65**	0,66**	0,64**	-0,63**
	gen	-0,72**	0,64**	0,72**	0,72**	0,74**	-0,72**	-0,73**	0,73**	0,57**	-0,56**
	amb	-0,28	0,30	0,28	0,28	0,33	-0,29	-0,29	0,34	0,25	-0,17
rendr	fen	-0,64**	0,49**	0,64**	0,65**	0,70**	-0,62**	-0,67**	0,70**	0,69**	-0,69**
	gen	-0,74**	0,57**	0,74**	0,75**	0,81**	-0,72**	-0,77**	0,80**	0,72**	-0,71**
	amb	0,09	0,04	-0,09	-0,10	-0,15	0,00	0,11	-0,11	-0,16	0,17
fm	fen	0,65**	-0,56**	-0,65**	-0,65**	-0,66**	0,62**	0,66**	-0,64**	-0,69**	0,70**
	gen	0,73**	-0,69**	-0,73**	-0,73**	-0,72**	0,76**	0,75**	-0,71**	0,78**	-0,77**
	amb	-0,32	0,47	0,32	0,30	0,18	-0,50	-0,41	0,16	0,12	-0,12
ff	fen	0,87**	-0,88**	-0,87**	-0,86**	-0,83**	0,89**	0,87**	-0,87**	-0,84**	0,83**
	gen	0,99	-	-	-0,98**	-0,95**	-	-	-0,99**	-0,93**	0,92**
	amb	-0,39*	0,46*	0,39*	0,39*	0,40*	-0,47**	-0,43*	0,36*	0,32*	-0,29

Caract.: características; Cor.: correlações; fen.: fenotípica; gen.: genotípica; amb. ambiental; ce cpd: comprimento de espiga com palha digital; decpd: diâmetro de espiga com palha digital; cespd: comprimento de espiga sem palha digital; despd: diâmetro de espiga sem palha digital; sbd: sabugo digital; ce cpm: comprimento de espiga com palha manual; decpm: diâmetro de espiga com palha manual; cespm: comprimento de espiga sem palha manual; despm: diâmetro de espiga sem palha manual; sbm sabugo manual; apd: altura de planta digital; aed: altura de espiga digital; apm: altura de planta manual; aem: altura de espiga manual; ap6: altura de planta manual, (amostra de 6 plantas); aee: altura de espiga manual, (amostra de 6 plantas); stand: número de plantas da parcela; ne: número de espiga da parcela; pgkge: peso de grão estimado (kg ha⁻¹); rende: rendimento estimado (kg ha⁻¹); pgkgr: peso de grão real (kg ha⁻¹); rendr: rendimento real (kg ha⁻¹); fm: florescimento masculino; ff: florescimento feminino. Digital: câmera e scanner. O símbolo (-) indica que a correlação não foi apresentada devido à impossibilidade de estimativa confiável. Os valores apresentados como 0,00 representam correlações extremamente baixas, com magnitudes menores que 0,01, podendo estar na ordem de 10⁻³ ou menores.

Outros índices, como HUE, continuaram a se correlacionar com o sabugo e o rendimento, mantendo-se como indicadores importantes para o monitoramento das mudanças fenológicas neste estágio.

A altura de planta digital (APD) mostrou forte correlação genotípica com SCI ($r = 0,87$, $p < 0,01$) e CSI ($r = 0,85$, $p < 0,01$), indicando que esses índices podem ser utilizados para estimar o crescimento das plantas, corroborando os achados de Li et al. (2016), que demonstraram a viabilidade do uso de imagens de drones para estimar altura de dossel e biomassa em milho. No nível fenotípico, as correlações foram de $r = 0,80$ para ambos os índices ($p < 0,01$), reforçando essa relação também no nível observável. De forma semelhante, a altura de espiga digital (AED) também manteve alta correlação genotípica com SCI ($r = 0,90$, $p < 0,01$) e CSI ($r = 0,88$, $p < 0,01$), sugerindo que a estrutura do dossel influencia diretamente na formação da espiga. As correlações fenotípicas para AED foram de $r = 0,86$ para ambos os índices ($p < 0,01$), evidenciando que a variação ambiental também impacta essa característica.

A altura de planta na amostra de seis plantas (AP6) apresentou correlações genotípicas significativas com SCI ($r = 0,90$, $p < 0,01$) e CSI ($r = 0,88$, $p < 0,01$), reforçando a aplicabilidade da fenotipagem digital na estimativa da altura média das plantas. Esse padrão também foi observado para a altura de espiga na mesma amostra. No nível fenotípico, as correlações foram ligeiramente menores ($r = 0,84$ para ambos os índices; $p < 0,01$), demonstrando que, embora haja influência ambiental, a relação entre esses índices e a altura das plantas permanece consistente. Esses resultados evidenciam a eficiência da fenotipagem digital como ferramenta para seleção indireta, substituindo medições manuais demoradas e trabalhosas. Além disso, o uso dessa abordagem pode aumentar a precisão na seleção de genótipos de milho, otimizando o processo de melhoramento.

O peso de grão estimado (PGKGE) e o rendimento estimado (RENDE) apresentaram correlações fenotípicas e genotípicas significativas com HUE ($r = 0,58/0,62$) e VARI ($r = 0,53/0,57$), confirmando que esses índices podem auxiliar na predição da produtividade da cultura antes da colheita. O rendimento real (RENDR) também manteve correlações moderadas com NGRDI ($r = 0,64/0,74$) e HUE ($r = 0,70/0,81$), que reforça e destaca a importância da fenotipagem digital na predição do rendimento final e ganhos genéticos em melhoramento.

Por outro lado, RENDE e RENDR exibiram correlações negativas com SCI e CSI, com $r = -0,52/0,56$ ($p < 0,01$) para RENDE e SCI com $r = -0,64/-0,74$ ($p < 0,01$) para RENDR, sugerindo que valores mais altos desse índice podem estar associados a menores rendimentos em determinadas condições, possivelmente devido a competição entre plantas ou variações na arquitetura do dossel. Em contrapartida, GGA demonstrou correlação positiva com RENDR ($r = 0,69/0,72$; $p < 0,01$), indicando que a estrutura da cobertura vegetal pode estar relacionada à produtividade final. Esses achados corroboram os estudos de Araus et al. (2018), que destacam a importância da fenotipagem digital para ganhos genéticos no melhoramento de culturas.

O florescimento feminino (FF) apresentou correlação extremamente alta com SCI ($r = 0,99$), indicando que esse índice pode ser um excelente preditor do desenvolvimento fenológico da cultura. Esses resultados demonstram que, aos 112 DAP, os índices espectrais são altamente eficazes na estimativa de variáveis agronômicas, podendo substituir medições manuais demoradas e aumentar a eficiência do melhoramento genético.

No estágio final do ciclo, aos 119 dias após o plantio (DAP) (Tabela 5), a maioria das correlações entre os índices espectrais e as características agronômicas manteve-se significativa, com pequenas variações em relação ao período anterior. O diâmetro da espiga sem palha digital (DESPD) mostrou um leve aumento na correlação genotípica com VARI ($r = 0,67$, $p < 0,01$) e HUE ($r = 0,68$, $p < 0,01$), enquanto as correlações fenotípicas foram ligeiramente menores ($r = 0,65$ e $r = 0,66$, respectivamente). Esse resultado indica que esses índices continuam sendo bons preditores do enchimento da espiga nos estágios finais do ciclo da cultura, refletindo a influência da coloração da vegetação na formação do grão.

Tabela 5. Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais com os índices do drone aos 119 dias após o plantio.

119 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	hue	sat.	ligh.	a	u	ga	gga	csi
cecpd	fen	0,62**	-0,67**	-0,62**	-0,61**	-0,59**	0,21	0,27	0,63**	0,61**	-0,66**	-0,53**	0,54**
	gen	0,71**	-0,79**	-0,71**	-0,70**	-0,68**	0,29	0,57**	0,72**	0,69**	-0,74**	-0,61**	0,61**
	amb	-0,42*	0,24	0,42*	0,44*	0,54**	-0,20	-0,18	-0,35*	-0,45**	0,49**	0,54**	-0,60**
decpd	fen	-0,49**	0,57**	0,49**	0,48**	0,46**	-0,03	0,45**	-0,59**	-0,52**	0,52**	0,40*	-0,39*
	gen	-0,49**	0,61**	0,49**	0,48**	0,47**	-0,04	0,92**	-0,61**	-0,53**	0,53**	0,40*	-0,39*
	amb	-0,39	0,32	0,39	0,39*	0,43*	0,02	-0,22	-0,35*	-0,38*	0,47**	0,42*	-0,40*
cespd	fen	0,30	-0,34	-0,30	-0,31	-0,32	0,06	-0,15	0,37	0,34	-0,30	-0,23	0,15
	gen	0,46*	-0,55**	-0,46*	-0,46**	-0,49**	0,05	-0,29	0,55**	0,50**	-0,46**	-0,35	0,25
	amb	-0,40	0,36*	0,40	0,41*	0,49**	0,08	-0,04	-0,42*	-0,42*	0,54**	0,39*	-0,38*
despd	fen	-0,65**	0,61**	0,65**	0,65**	0,66**	-0,47**	0,34	-0,70**	-0,69**	0,68**	0,62**	-0,62**
	gen	-0,67**	0,65**	0,67**	0,67**	0,68**	-0,56**	0,65**	-0,74**	-0,71**	0,70**	0,63**	-0,63**
	amb	-0,31	0,24	0,31	0,32	0,37*	-0,01	-0,11	-0,27	-0,29	0,37*	0,37*	-0,35*
sbd	fen	-0,81**	0,74**	0,81*	0,82**	0,83**	-0,64**	0,07	-0,84**	-0,85**	0,84**	0,80**	-0,81**
	gen	-0,84**	0,80**	0,84**	0,84**	0,85**	-0,75**	0,11	-0,88**	-0,87**	0,86**	0,82**	-0,82**
	amb	-0,26	0,23	0,26	0,26	0,34	0,05	0,10	-0,29	-0,26	0,31	0,31	-0,31
cecpm	fen	0,62**	-0,71**	-0,62**	-0,61**	-0,59**	0,13	0,35	0,64**	0,60**	-0,65**	-0,52**	0,52**
	gen	0,68**	-0,80**	-0,68**	-0,67**	-0,64**	0,16	0,72**	0,70**	0,66**	-0,69**	-0,56**	0,56**
	amb	-0,61**	0,40*	0,61**	0,61**	0,63**	-0,17	-0,44*	-0,48**	-0,61**	0,56**	0,70**	-0,72**
decpm	fen	-0,43*	0,51**	0,43*	0,42*	0,41*	-0,02	0,53**	-0,53**	-0,46**	0,47**	0,35*	-0,34
	gen	-0,43*	0,52**	0,43*	0,42*	0,41*	-0,06	-	-0,55**	-0,47**	0,48**	0,35*	-0,35
	amb	-0,41*	0,40*	0,41*	0,41**	0,43*	0,17	-0,22	-0,40*	-0,40*	0,44*	0,40*	-0,34
cespm	fen	0,21	-0,25	-0,21	-0,21	-0,23	0,01	-0,06	0,26	0,23	-0,19	-0,15	0,06
	gen	0,33	-0,41*	-0,33	-0,34	-0,37*	0,00	-0,15	0,41*	0,37*	-0,33	-0,24	0,13
	amb	-0,28	0,23	0,28	0,28	0,37*	0,01	0,02	-0,29	-0,30	0,43*	0,28	-0,31

Tabela 5. Cont...

119 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	hue	sat.	ligh.	a	u	ga	gga	csi
despm	fen	-0,63**	0,63**	0,63**	0,63**	0,63**	-0,34*	0,39*	-0,70**	-0,67**	0,67**	0,58**	-0,58**
	gen	-0,64**	0,66**	0,64**	0,64**	0,64**	-0,41*	0,79**	-0,73**	-0,68**	0,68**	0,58**	-0,58**
	amb	-0,47*	0,38*	0,47*	0,48*	0,53**	0,02	-0,26	-0,41*	-0,45*	0,54**	0,47**	-0,42*
sbm	fen	-0,80**	0,72**	0,80**	0,81**	0,83**	-0,66**	0,02	-0,82**	-0,84**	0,81**	0,81**	-0,80**
	gen	-0,83**	0,77**	0,83**	0,83**	0,85**	-0,78**	0,04	-0,85**	-0,86**	0,83**	0,82**	-0,81**
	amb	-0,33	0,29	0,33	0,33	0,33	0,06	-0,02	-0,32	-0,31	0,33	0,33	-0,33
apd	fen	0,81**	-0,80**	-0,81**	-0,81**	-0,81**	0,48**	0,30	0,82**	0,82**	-0,83**	-0,75**	0,78**
	gen	0,88**	-0,91**	-0,88**	-0,87**	-0,88**	0,57**	0,59**	0,89**	0,88**	-0,90**	-0,80**	0,83**
	amb	-0,06	0,10	0,06	0,07	0,14	0,09	-0,13	-0,06	-0,05	0,24	0,02	0,03
aed	fen	0,88**	-0,88**	-0,88**	-0,88**	-0,88**	0,49**	0,17	0,91**	0,90**	-0,90**	-0,82**	0,84**
	gen	0,92**	-0,96**	-0,92**	-0,92**	-0,91**	0,58**	0,34	0,96**	0,93**	-0,93**	-0,85**	0,86**
	amb	0,00	-0,02	0,00	0,01	0,07	-0,04	-0,17	0,05	0,02	0,08	0,08	-0,03
apm	fen	0,84**	-0,84**	-0,84**	-0,83**	-0,83**	0,46**	0,29	0,85**	0,84**	-0,86**	-0,77**	0,80**
	gen	0,90**	-0,95**	-0,90**	-0,89**	-0,89**	0,52**	0,61**	0,92**	0,90**	-0,92**	-0,82**	0,84**
	amb	-0,16	0,23	0,16	0,16	0,25	0,20	-0,27	-0,17	-0,16	0,35	0,11	-0,02
aem	fen	0,89**	-0,89**	-0,89**	-0,88**	-0,88**	0,47**	0,16	0,92**	0,90**	-0,91**	-0,82**	0,84**
	gen	0,93**	-0,98**	-0,93**	-0,92**	-0,92**	0,55**	0,32	0,97**	0,94**	-0,94**	-0,85**	0,86**
	amb	-0,13	0,14	0,13	0,14	0,20	0,07	-0,18	-0,11	-0,11	0,16	0,22	-0,15
ap6	fen	0,84**	-0,82**	-0,84**	-0,84**	-0,83**	0,50**	0,30	0,85**	0,84**	-0,86**	-0,79**	0,83**
	gen	0,89**	-0,92**	-0,89**	-0,89**	-0,88**	0,58**	0,61**	0,91**	0,90**	-0,91**	-0,83**	0,86**
	amb	-0,31	0,30	0,31	0,30	0,37*	0,10	-0,33	-0,31	-0,39*	0,50**	0,20	-0,15
ae6	fen	0,87**	-0,86**	-0,87**	-0,87**	-0,87**	0,50**	0,01	0,91**	0,90**	-0,90**	-0,80**	0,81**
	gen	0,92**	-0,96**	-0,92**	-0,92**	-0,93**	0,58**	-0,09	0,98**	0,95**	-0,96**	-0,84**	0,85**
	amb	0,23	-0,09	-0,23	-0,22	-0,11	0,18	0,24	0,13	0,22	0,00	-0,24	0,28

Tabela 5. Cont...

119 DAP	correlação	sci	gli	ngrdi	vari	hue	sat.	ligh.	a	u	ga	gga	csi
stand	fen	0,25	-0,27	-0,25	-0,24	-0,20	0,05	0,76**	0,17	0,18	-0,22	-0,26	0,28
	gen	0,29	-0,37	-0,29	-0,29	-0,24	-0,02	1,43	0,22	0,21	-0,25	-0,29	0,30
	amb	-0,12	0,26	0,12	0,12	0,08	0,33	0,05	-0,20	-0,08	0,11	-0,04	0,05
ne	fen	-0,28	0,26	0,28	0,28	0,31	-0,19	0,31	-0,34	-0,33	0,29	0,24	-0,22
	gen	-0,30	0,25	0,30	0,31	0,34	-0,36	0,67**	-0,37*	-0,37*	0,31	0,28	-0,26
	amb	-0,12	0,30	0,12	0,12	0,10	0,41*	-0,09	-0,18	-0,07	0,16	-0,06	0,11
pgkge	fen	-0,52**	0,48**	0,52**	0,52**	0,55**	-0,39*	0,38*	-0,59**	-0,58**	0,55**	0,49**	-0,48**
	gen	-0,55**	0,49**	0,55**	0,55**	0,58**	-0,58**	0,81**	-0,62**	-0,62**	0,57**	0,53**	-0,52**
	amb	-0,28	0,41*	0,28	0,29	0,30	0,38*	-0,15	-0,33	-0,24	0,37*	0,15	-0,10
rende	fen	-0,52**	0,48**	0,52**	0,52**	0,55**	-0,39*	0,38*	-0,59**	-0,58**	0,55**	0,49**	-0,48**
	gen	-0,55**	0,49**	0,55**	0,55**	0,58**	-0,58**	0,81**	-0,62**	-0,62**	0,57**	0,53**	-0,52**
	amb	-0,28	0,41*	0,28	0,29	0,30	0,38*	-0,15	-0,33	-0,24	0,37*	0,15	-0,10
pgkgr	fen	-0,65**	0,64**	0,65**	0,65**	0,66**	-0,36*	0,29	-0,72**	-0,69**	0,67**	0,61**	-0,59**
	gen	-0,74**	0,75**	0,74**	0,74**	0,75**	-0,54**	0,57**	-0,82**	-0,62**	0,57**	0,53**	-0,52**
	amb	-0,14	0,20	0,14	0,15	0,21	0,17	0,00	-0,18	-0,14	0,21	0,16	-0,19
rendr	fen	-0,65**	0,58**	0,65**	0,65**	0,68**	-0,54**	0,37*	-0,71**	-0,70**	0,69**	0,62**	-0,64**
	gen	-0,74**	0,68**	0,74**	0,74**	0,77**	-0,73**	0,70**	-0,81**	-0,79**	0,75**	0,69**	-0,67**
	amb	0,15	-0,02	-0,15	-0,16	-0,19	0,21	0,00	0,11	0,18	-0,16	-0,22	0,20
fm	fen	0,68**	-0,65**	-0,68**	-0,68**	-0,68**	0,47**	-0,11	0,71**	0,70**	-0,72**	-0,64**	0,65**
	gen	0,75**	-0,77**	-0,75**	-0,75**	-0,74**	0,52**	-0,26	0,80**	-0,80**	0,78**	0,71**	-0,72**
	amb	-0,26	0,35	0,26	0,26	0,19	0,30	0,14	-0,35	-0,23	0,04	0,16	-0,06
ff	fen	0,88**	-0,92**	-0,88**	-0,87**	-0,86**	0,36*	0,09	0,92**	0,88**	-0,90**	-0,80**	0,77**
	gen	0,98**	-	-0,98**	-0,97**	-0,96**	0,41**	0,20	-	0,98**	-0,98**	-0,88**	0,84**
	amb	-0,32	0,33*	0,32	0,33*	0,36*	0,17	-0,08	-0,33	-0,29	0,19	0,36*	-0,30

Caract.: características; Cor.: correlações; fen.: fenotípica; gen.: genotípica; amb. ambiental; ceepd: comprimento de espiga com palha digital; decpd: diâmetro de espiga com palha digital; cespd: comprimento de espiga sem palha digital; despd: diâmetro de espiga sem palha digital; sbd: sabugo digital; ceepm: comprimento de espiga com palha manual; decpm: diâmetro de espiga com palha manual; cespm: comprimento de espiga sem palha manual; despm: diâmetro de espiga sem palha manual; sbm sabugo manual; apd: altura de planta digital; aed: altura de espiga digital; apm: altura de planta manual; aem: altura de espiga manual; ap6: altura de planta manual, (amostra de 6 plantas); aee6: altura de espiga manual, (amostra de 6 plantas); stand: número de plantas da parcela; ne: número de espiga da parcela; pgkge: peso de grão estimado (kg ha⁻¹); rende: rendimento estimado (kg ha⁻¹); pgkgr: peso de grão real (kg ha⁻¹); rendr: rendimento real (kg ha⁻¹); fm: florescimento masculino; ff: florescimento feminino. Digital: câmera e scanner. O símbolo (-) indica que a correlação não foi apresentada devido à impossibilidade de estimativa confiável. Os valores apresentados como 0,00 representam correlações extremamente baixas, com magnitudes menores que 0,01, podendo estar na ordem de 10⁻³ ou menores.

De maneira semelhante, o comprimento da espiga com palha manual (CECPM) manteve sua correlação com SCI ($r = 0,68$, $p < 0,01$) aos 119 dias, com uma leve redução em comparação ao estágio anterior, quando as correlações fenotípicas e genotípicas foram de 0,64 e 0,70, respectivamente. Esse padrão sugere que, apesar da redução nas correlações ao longo do ciclo, a variável SCI ainda é um bom indicador para estimar o comprimento da espiga com palha, evidenciando a continuidade da relação entre a característica e os índices espectrais.

A altura de planta digital (APD) manteve alta correlação genotípica com SCI ($r = 0,81$, $p < 0,01$) e CSI ($r = 0,78$, $p < 0,01$), enquanto a altura de espiga digital (AED) mostrou correlação genotípica significativa com SCI ($r = 0,88$, $p < 0,01$) e CSI ($r = 0,84$, $p < 0,01$). As correlações fenotípicas para APD com SCI foram de $r = 0,81$ e para AED com SCI, $r = 0,88$; já com o CSI, as correlações fenotípicas foram $r = 0,78$ para APD e $r = 0,84$ para AED. A leve redução na associação com CSI pode indicar que a sensibilidade desse índice diminui à medida que a cultura se aproxima da maturidade, conforme observado por Holman et al. (2016) em estudos sobre fenotipagem de altura e taxa de crescimento do trigo.

A altura de planta na amostra de 6 plantas (AP6) manteve correlações genotípicas e fenotípicas fortes com SCI ($r = 0,89/0,84$, $p < 0,01$) e CSI ($r = 0,86/0,83$, $p < 0,01$). Apesar de uma leve redução nos valores de correlação, a relação continua significativa, demonstrando que a fenotipagem digital segue eficaz na predição da altura média das plantas mesmo nos estágios finais do ciclo.

O peso de grão estimado (PGKGE) e o rendimento estimado (RENDE) continuaram fortemente correlacionados com correlações genotípicas/fenotípicas SCI ($r = -0,55/-0,52$, $p < 0,01$) e VARI ($r = 0,55/0,52$, $p < 0,01$), confirmando que os índices permanecem úteis para a predição da produtividade mesmo na fase final da cultura. O rendimento estimado (RENDE) permaneceu altamente correlacionado com SCI ($r = -0,55/0,52$, $p < 0,01$), mantendo a mesma tendência observada aos 112 DAP. Já o rendimento real (RENDR) manteve uma correlação genotípica negativa consistente com SCI ($r = -0,74$, $p < 0,01$) e uma correlação fenotípica negativa com SCI ($r = -0,65$, $p < 0,01$). Além disso, apresentou correlação positiva com VARI e NGRDI, sendo a genotípica de $r = 0,77$ e a fenotípica de $r = 0,65$ ($p < 0,01$), sem apresentar variações significativas entre os dois momentos avaliados.

Esses resultados indicam que a predição do rendimento via índices espectrais se mantém confiável ao longo do desenvolvimento da cultura, alinhando-se com estudos de Araus et al. (2018) e Makanza et al. (2018), que destacam a importância da fenotipagem digital para monitorar a senescência e o crescimento das plantas, contribuindo para a avaliação do rendimento e a eficiência do melhoramento genético. Assim, a fenotipagem digital continua sendo uma ferramenta precisa e eficiente na avaliação de cultivares de milho, promovendo avanços no monitoramento da produtividade agrícola. No florescimento feminino (FF), a correlação com SCI permaneceu alta ($r = 0,98$), mostrando que esse índice continua sendo um forte indicador do desenvolvimento fenológico da planta.

Os resultados evidenciaram que a fenotipagem manual e digital apresentaram alta concordância, especialmente para variáveis estruturais como altura de planta (APD, APM) e diâmetro da espiga (DESPD, DESPM). As correlações entre esses métodos permaneceram elevadas ao longo do tempo, o que indica que a fenotipagem digital pode substituir a manual com alta precisão, conforme relatado por Gracia-Romero et al. (2017). As análises foram realizadas com base em correlações genóticas, fenotípicas e ambientais, permitindo separar os efeitos genéticos da influência ambiental sobre as características avaliadas. As correlações genóticas mais elevadas sugerem forte controle genético, sendo úteis para seleção em programas de melhoramento, enquanto as correlações fenotípicas, que combinam efeitos genéticos e ambientais, refletem o comportamento observado no campo. Já as correlações ambientais indicam o impacto do ambiente sobre a relação entre as características, contribuindo para a compreensão da estabilidade fenotípica dos genótipos.

Os índices espectrais extraídos por drone apresentaram padrões distintos de correlação com as características agrônômicas ao longo do ciclo. Nos estágios iniciais (91 e 98 DAP), índices associados à biomassa e ao vigor, como GLI, VARI e CSI, mostraram forte relação com variáveis vegetativas.

Nos estágios avançados do ciclo de 112 e 119 DAP, os índices espectrais começaram a refletir mudanças associadas à maturação da cultura. Aos 112 DAP, os índices de senescência, especialmente o Crop Senescence Index (CSI), passaram a exercer uma influência significativa sobre as características de rendimento, evidenciando o progresso do processo de senescência. Já aos 119

DAP, no estágio final do ciclo, essas relações se consolidaram, indicando a progressão da senescência e a maturação das plantas.

De modo geral, os resultados obtidos aos 119 DAP mostram que os índices espectrais seguem sendo altamente eficazes para a estimativa de variáveis agronômicas, e a leve variação nas correlações sugere que a sensibilidade de alguns índices pode diminuir ligeiramente à medida que as plantas atingem a maturidade.

O rendimento, tanto o rendimento estimado (RENDE) quanto o rendimento real (RENDR), apresentou tendências consistentes. Em ambos os estágios, os índices de senescência, principalmente o Crop Senescence Index (CSI) e o Soil Color Index (SCI), mostraram correlações negativas muito intensas com os rendimentos. Esses índices, que refletem o avanço da senescência e alterações na coloração da vegetação, indicaram que, à medida que a cultura amadurece, há uma redução significativa no enchimento dos grãos. Por exemplo, a relação negativa entre o peso de grãos e o SCI intensificou-se ao longo do ciclo, passando de valores moderados em D4 (por exemplo, -0,35) para valores mais acentuados em D7 (até -0,74, $p < 0,01$). Essa tendência se refletiu tanto no rendimento estimado (RENDE) quanto no rendimento real (RENDR), evidenciando que os índices espectrais podem ser utilizados para prever a produtividade final da cultura.

A partir de 112 DAP, a influência dos índices de senescência se intensifica, refletindo a transição da fase de crescimento para a maturação. Essa mudança é evidenciada pelas correlações negativas mais acentuadas entre os índices SCI e CSI com o peso de grãos, quando comparados aos estágios anteriores (91 e 98 DAP). Em 119 DAP, essa tendência se consolida, indicando que a senescência pode ser utilizada como um indicador robusto da produtividade final. Entretanto, a estabilidade dos índices de vigor (como o VARI e NGRDI) diminui, sugerindo que, nos estágios finais, a avaliação da produtividade depende mais da capacidade da planta em manter uma transição equilibrada entre crescimento e senescência.

Além disso, foi observada uma relação inversa consistente entre a altura da planta e o sabugo. Essa relação inversa sugere que, à medida que os genótipos investem mais recursos no crescimento vegetativo, ocorre uma redução na alocação de recursos para o desenvolvimento do sabugo, evidenciando um efeito compensatório que pode otimizar a estrutura da espiga para a produção de grãos. Essa relação foi observada que se manteve consistente em todos os estágios

avaliados (91, 98, 112 e 119 DAP), embora a intensidade da correlação possa variar ao longo do ciclo da cultura, a relação inversa entre altura de planta e sabugo se mostrou robusta em todas as avaliações.

As análises revelaram outras relações importantes que se mantiveram consistentes ao longo dos estágios avaliados (91 a 119 DAP). Observou-se que a correlação negativa entre o peso de grãos e o Soil Color Index (SCI) que se intensificou ao longo do ciclo, indicando que o aumento do vigor vegetativo pode prejudicar o enchimento dos grãos.

Paralelamente, os dados indicam que o florescimento feminino apresentou correlações fortes com os índices de cobertura, particularmente com o SCI e o CSI. Essa associação pode indicar que genótipos com um florescimento mais sincronizado ou bem desenvolvido tendem a ter maior produtividade.

Outro aspecto relevante é a representatividade da amostragem reduzida, as alturas medidas em uma amostragem reduzida (AP6 e AE6) mostraram forte correlação com as alturas médias (APD e APM), o que demonstra que essa abordagem pode ser uma alternativa eficiente para capturar a variação geral da população sem a necessidade de medições extensas. Essas correlações, quando analisadas em conjunto, reforçam a complexa interação entre os componentes vegetativos e reprodutivos e evidenciam a importância de uma abordagem integrada na fenotipagem para aprimorar a seleção de genótipos e o manejo agrícola. Assim, é importante considerar a eficiência operacional dos métodos de fenotipagem.

A medição da altura de planta, seja manual ou digital, pode ser realizada em um único dia, contudo, o método manual pode demandar um dia inteiro, dependendo do número de pessoas, enquanto a abordagem digital geralmente requer apenas duas pessoas. Na pós-colheita, a avaliação manual – que envolve colheita, medição, debulha e pesagem – é significativamente mais demorada do que o escaneamento digital das espigas, o qual fornece estimativas de peso com precisão semelhante.

Embora o drone não capture diretamente a espiga, as correlações observadas com o comprimento da espiga podem ser explicadas pela associação indireta entre o desenvolvimento da vegetação e o crescimento da espiga. O drone, por meio de imagens de alta resolução, consegue monitorar características como a altura do dossel e o índice de vegetação, que são indicadores do crescimento geral

da planta. Dessa forma, plantas com maior altura ou maior biomassa, observadas pelo drone, tendem a apresentar espigas mais desenvolvidas. Os índices espectrais, como VARI e outros derivados de imagens, podem refletir esses padrões de crescimento, proporcionando uma correlação indireta com o comprimento da espiga, mesmo sem a visibilidade direta da espiga durante os voos.

O uso de drones permite identificar os híbridos mais produtivos, mas não quantifica com precisão o rendimento final, o que pode ser uma limitação em populações geneticamente diversas. Em ensaios com híbridos, que apresentam menor variabilidade, um único voo pode ser suficiente para estimar o rendimento com boa precisão.

No entanto, em populações com maior variabilidade, pode ser necessários múltiplos voos ao longo do ciclo podem ser necessários para acompanhar as variações no crescimento e na maturação e melhorar a predição do rendimento final, para captar todos os detalhes, enquanto o escaneamento digital pode ser realizado de forma rápida e posteriormente analisado em laboratório. Além disso, o processamento das imagens do drone é mais trabalhoso do que a análise no ImageJ. Enquanto no ImageJ as medições podem ser feitas diretamente a partir das fotos digitalizadas, o fluxo de trabalho do drone exige etapas adicionais, como o processamento das imagens para criar o mosaico ortorretificado e a extração de dados, tornando o processo mais complexo.

A análise das correlações entre os índices espectrais e as características agrônômicas ao longo dos estágios 91 a 119 DAP revela importantes mudanças nas relações entre vigor, senescência e rendimento. Nos estágios iniciais, os índices associados à biomassa e ao vigor são os principais indicadores do desenvolvimento vegetativo, enquanto nos estágios avançados os índices de senescência, como o CSI, tornam-se fundamentais para a predição da produtividade. A integração dos métodos manual, digital e com drone proporciona uma abordagem abrangente para a fenotipagem, contribuindo para a tomada de decisões em programas de melhoramento genético e manejo agrícola. Estudos como os de Araus et al. (2018), Geipel et al. (2014), Gracia-Romero et al. (2017), Li et al. (2016) e Makanza et al. (2018) corroboram essa abordagem, evidenciando a relevância da fenotipagem digital no contexto agrícola contemporâneo.

3.5.5. CONCLUSÕES

Os métodos de fenotipagem digital demonstraram alta precisão na estimativa de variáveis estruturais, como altura de planta, altura de espiga, comprimento e diâmetro da espiga, evidenciando sua confiabilidade como alternativa à fenotipagem manual.

Em comparação com o drone, observou-se que, nos estágios iniciais, os índices espectrais derivados das imagens aéreas refletem principalmente vigor e biomassa, enquanto, nos estágios finais, os índices de senescência apresentam maior influência sobre o rendimento, permitindo acompanhar a maturação da cultura ao longo do ciclo.

Embora o drone seja eficaz para identificar híbridos mais produtivos, sua capacidade de quantificar com precisão o rendimento final é limitada, especialmente em populações com alta variabilidade genética. Assim, a abordagem digital se destaca como uma ferramenta robusta para a predição da produtividade, contribuindo para a otimização de programas de melhoramento genético e manejo agrícola.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abebe, A. M., Kim, Y., Kim, J., Kim, S. L., & Baek, J. (2020) Image-Based High-Throughput Phenotyping in Horticultural Crops. *Plants*, 12(10):2061. <https://doi.org/10.3390/plants12102061>.
- Abera Desta, Z. & Ortiz, R. (2014) Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. *Trends in Plant Science*, 19:592–601.
- Agroceres (1996) *Agroceres Guide to Health*. Agroceres Seeds, São Paulo, 72p.
- Allard, R. W. (1971) *Principles of Plant Breeding*. New York: John Wiley & Sons.
- Alvares, C. A., Stape, J. L., Sentelhas, P. C., Gonçalves, J. L. M., & Sparovek, G. (2013) Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22(6):711–728.
- Andrade, R. A., & Miranda Filho, J. B. (2008) Genetic correlation and path analysis of yield components in landrace varieties of maize. *Scientia Agricola*, 65(3):159-165.
- Araus, J. L., Elazab, A., Vergara, O., Cabrera-Bosquet, L., Serret, M. D., Zaman-Allah, M., & Cains, J. E. (2015) Novas tecnologias para fenotipagem. In: Fritsche Neto, R., & Borém, A. (Eds.), *Fenômica: como a fenotipagem de*

próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas (pp. 11–29). Viçosa, MG.

Araus, J.L.; Kefauver, S.C.; Zaman-Allah, M.; Olsen, M.S.; Cairns, J.E. (2018) Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. *Trends in Plant Science*, Cambridge, 23(5):451–466.

Araus, J. L., et al. (2023) Latest advances in digital phenotyping technologies for precision agriculture. *Journal of Agronomy and Crop Science*.

Bahia Filho, A., Paterniani, E., Cordeiro, C.M.T., Garcia, J.C., Magalhaes, J.R., Nass, L.L., Santos, M.X., Andrade, R.V., Parentoni, S., Abadie, T. (2000) O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: Udry, C.V, Duarte, W. *Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos. Paralelo*, 15:11-41.

Baldo, M.N. (2007) Comportamento anatômico, fisiológico e agrônômico do milho (*Zea mays* L.) submetido a estresses de ambiente em diferentes estádios fenológicos 92p. Dissertação (Mestrado) – Universidade de São Paulo, Piracicaba.

Berilli, A. P. C. G., Pereira, M. G., Tindade, R. S., da Costa F. R. (2013) Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35(4):435-441.

Borém, A.; Miranda, G; (2009) *Melhoramento de Plantas*. 5ª ed. Viçosa: UFV, 529p.

Buchailot, M., Gracia-Romero, A., Vergara-Diaz, O., Zaman-Allah, M. A., Tarekegne, A., Cairns, J. E., Prasanna, B. M., Araus, J. L., & Kefauver, S. C. (2019) Evaluating maize genotype performance under low nitrogen conditions using RGB UAV phenotyping techniques. *Sensors*, 19(8):1815.

Bull, L.T. (1993) Nutrição mineral do milho. In: Büll, L.T. & Cantarella, H., eds, *Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba, p. 63-145.

- Cabral, F. et al. (2016) Path analysis in hybrid maize: Relationship between agronomic traits and genetic efficiency. *Maize Research Journal*, 8:100-112.
- Cargnelutti Filho, A., Storck, L., Lúcio, A. D., & Carvalho, M. P. (2010) Precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45(5):449-458.
- Carvalho, C. G. P., Arias, C. A. A., Toledo, J. F. F., Almeida, L. A., Kiihl, R. A. S., & Oliveira, M. F. (2002) Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37:989–1000. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2002000700013>.
- Chester, K. S. (1950) Plant disease losses: their appraisal and interpretation. *Plant Disease Reporter Supplement* 193:189–362.
- Churata, J. R. & Ayla-Osuna, J. L. (1996) Correlaciones genotípicas y fenotípicas en caracteres evaluados en compuestos de maíz. *Ciencia e Investigación Agraria*, 23(1):31-39.
- Cobb, J. N.; Declerck, G.; Greenberg, A.; Clark, R.; Mccouch, S. (2013) Next-generation phenotyping: requirements and strategies for enhancing our understanding of genotype-phenotype relationships and its relevance to crop improvement. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 126 (4):867-87.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento (2024) *Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos*. Brasília: Conab. 142 p. (Boletim Informativo, 9).
- Contini, E., Mota, M. M., Marra, R., Borghi, E., Miranda, R. A., Silva, A. F., Silva, D. D., Machado, J. R. A., Cota, L. V., Costa, R. V., Mendes, S. M. (2019) *Milho: caracterização e desafios tecnológicos*. Brasília: Embrapa. (Desafios do Agronegócio Brasileiro, 2).
- Cortes, D.F.M, Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Poltronieri, T.P.S., Vettorazzi, J.C.F., Moreira, N.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira,

- M.G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by imagebased phenotyping. *Scientia Agricola*, 75(3):208-215.
- Cortes, D.F.M.; Santa-Catarina, R.; Barros, G.B.A.; Arêdes, F.A.S.; Silveira, S.F.; Ferregueti, G.A.; Ramos, H.C.C.; Viana, A.P.; Pereira, M.G. (2017) Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Scientia Agricola*, 74: 294-302.
- Coswosk, G.G.; Gonçalves, V.M.L.; de Lima, V.J.; de Souza, G.A.R.; Teixeira do Amaral Junior, A.; Pereira, M.G.; de Oliveira, E.C.; Leite, J.T.; Kamphorst, S.H.; de Oliveira, U.A.; et al. (2024) Utilizing Visible Band Vegetation Indices from Unmanned Aerial Vehicle Images for Maize Phenotyping. *Remote Sens.* 16, 3015. [https://doi.org/ 10.3390/rs16163015](https://doi.org/10.3390/rs16163015).
- Crevelari, J. A. (2016) *Desenvolvimento de Híbridos de Milho para Silagem, para o Norte/Noroeste Fluminense*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 95p.
- Crevelari, J. A., Souza, Y. P., Santos, J. S., Ambrósio, M., Gonçalves, V. M. L., & Pereira, M. G. (2023) Adaptability and stability of corn hybrids for silage via genotype and genotype x environment interaction biplot. *Agronomy Journal*, 1–11. <https://doi.org/10.1002/agj2.21240>.
- Crossa, J. (1990) Statistical analyses of multilocation trials. *Advances in Agronomy*, 44:55–85.
- Crossa, J., et al. (2012) Genotype x environment interactions in plant breeding. *Plant Breeding Reviews*, 36:235-277.
- Cruz, C. D., & Regazzi, A. (1997) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Editora da UFV.

- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: UFV, 4(2):514p.
- Cruz, C. D. (2013) GENES: A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, 35(3):271–276. <https://doi.org/10.4025/actasciagron>.
- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S.; Regazzi, A. J.(2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 668p.
- Cruz, J.C., Pereira Filho, I.A., Pimentel, M.A.G., Coelho, A.M., Karam, D., Cruz, I., Garcia, J.C., Moreira, J.A.A., Oliveira, M.F. DE, Gontijo Neto, M.M., Albuquerque, P.E.P. de, Viana, P.A., Mendes, S.M., Costa, R.V. da, Alvarenga, R.C., Matrangolo, W.J.R. (2011) *Produção de milho na agricultura familiar*. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 45p.
- Duarte, J.O. (2019) *Mercado do milho*. Agência Embrapa de Informação Tecnológica – Ageitec.
- Eberhart, S. A., & Russell, W. A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6(1):36-40.
- Eeuwijk, F. A.; Bustos-Korts, D. V.; Malosetti, M. (2016) What should students in plant breeding know about the statistical aspects of genotype x environment interactions. *Crop Science*, Madison, 56(5):2119-2140.
- Emygdio, B. M.; Ignaczak, J. C.; Cargnelutti Filho, A. (2007) Potencial de rendimento de grãos de híbridos comerciais simples, triplos e duplos de milho. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v. 6, n. 01.
- Falconer, D. S.; Mackay, T. F. C. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*. 4. ed. Essex: Longman, 1996.

- Fancelli, A. L., Dourado Neto, D. (2000) *Produção de milho*. Ed. Guaíba: Agropecuária, 360p.
- FAO (2018) *The future: Alternative pathways to 2050*. Roma. Disponível em: <http://www.fao.org/3/l8429EN/i8429en.pdf>. Acesso em: 20 set. 2021.
- Favro, J., Caldarelli, C.E., Camara, M.R.G. (2015) Modelo de Análise da Oferta de Exportação de Milho Brasileira: 2001 a 2012. *Revista de Economia e Sociologia Rural*.
- Ferrari, M., Carvalho, I. R., Nardino, M., Pelegrin, A. J. de, Szarecki, V. J., Rosa, T. C. da, Santos, N. L. dos, Martins, T. da S., Souza, V. Q. de, Oliveira, A. C. de, & Maia, L. C. da. (2020) Phenotypic, Genetic, and Environmental Correlations in S1 Progenies of Landrace Maize. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 5(9). <https://doi.org/10.35418/2526-4117/v5a9>.
- Ferreira Junior, J. A., (2019) *Vinte anos de seleção recorrente recíproca em milho: progressos genéticos* Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense - UENF, 72p.
- FIESP - Federação das Indústrias do Estado de São Paulo (2024) *Safra mundial de milho 2024/25 – 4º levantamento do USDA*. FIESP, São Paulo, 1p. (Boletim Informativo, 4).
- Filipovic, M.; Babic, M.; Delic, N.; Bekavac, G.; Babic, V. (2014) Determination relevant breeding criteria by the path and factor analysis in maize. *Genetika*, 46(1):49-58.
- Fiorani, F.; Schurr, U. (2013) Future Scenarios for Plant Phenotyping. *Annual Review of Plant Biology*, Palo Alto, 64(1):267–291.

- Fischer, R. A., Byerlee, D., & Edmeades, G. O. (2019) Can technology deliver on the promise of sustainable intensification in food production? *Food Security*, 11(1):1-16. <https://doi.org/10.1007/s12571-019-00937-z>
- Fritsche-Neto, R. (2015) *Fenômica: como a fenotipagem de próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas*. Disponível em: <https://repositorio.usp.br>.
- Fritsche-Neto, R., Vieira, R. A., Scapim, C. A., Miranda, G. V., Rezende, L. M. (2012) Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. *Acta Scientiarum*, 34: 99-101.
- Fritsche-Neto, R.; Borém, (2016) *A Fenômica: como a fenotipagem de próxima geração está revolucionando o melhoramento de plantas*. 1 ed. Viçosa, MG: UFV, 1:216p.
- Gabriel, K.R. (1971) The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 58(3)453-467.
- Galinat, W.C. (1974) Intergenomic mapping of maize, teosinte and *Tripsacum*. *Evolution*, 27:644-55, 32.
- Galinat, W.C. (1977) The origin of corn. In: Sprague, G.F. (ed.) *Corn and corn improvement*. New York: Academic Press, 48p.
- Galinat, W.C. (1995) The origin of maize: grain of humanity. *New York Botanical Garden Journal*, 44:3-12.
- Galvão, J.C.C., Miranda, G.V., Trogello, E., Fritsche-Neto, R. (2014) Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. *Revista Ceres*, 61:819-828.
- Gauch, H. G. (1992) *Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs*, Amsterdam: Elsevier.

- Geipel, J., Link, J., & Claupein, W. (2014) Combined spectral and spatial modeling of corn yield based on aerial images and crop surface models acquired with an unmanned aircraft system. *Remote Sens*, 6:10335–10355.
- Gonçalves, V. M. L. (2018) *Seleção Recorrente Recíproca de Famílias de Irmãos Completos em milho (Zea mays L.): Avanço de geração e avaliação de ganhos genéticos*. Monografia, Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, 46p.
- Gonçalves, V.M.L. (2021) *Otimização e desempenho de híbridos de milho para grãos e silagem em diferentes arranjos espaciais*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. 112p.
- González, P. A. de, Lemos, M. A., Neto, C. E. R., dos Reis, O. V., Tabosa, J. N., & Tavares, J. J. (1994) Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 29(3):419-425.
- Goodman, M.M., & Smith, J.S.C. (1987) *Botânica*. In: Parteniani, E., Viegas, G.P. (eds.) *Melhoramento e produtividade de milho*. Campinas: Fundação Cargil, p.41-78.
- Gracia-Romero, A., Elazab, A., Vergara, O., Cabrera-Bosque, L., Serret, M. D., Zaman-Allah, M., Cains, J. E. (2017) Comparative performance of ground vs. aerially assessed RGB and multispectral indices for early-growth evaluation of maize performance. *Frontiers in Plant Science*, 8:2004.
- Grespan, M. C., Souza, C. A. D., Fritsche-Neto, R., & Souza, L. M. (2023). Digital phenotyping and machine learning applied to maize breeding. *Computers and Electronics in Agriculture*, 205:107-516.

- Gunasekaran, S. (2000) *Nondestructive Food Evaluation: Techniques to analyze Properties and Quality*. CRC Press, Madison, WI, USA.
- Hallauer, A.R., Eberhart, S.A. (1970) Reciprocal full-sib selection. *Crop Science*, 10:315-316.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. (1988) *Quantitative genetics in maize breeding*. 2 ed. Ames. Iowa State University Press, 468 p.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B., Carena, M.J. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York, 663p.
- Hartley, H.O. (1950) The use of range in analysis of variance. *Biometrika*, London, 37:271-280.
- Holman, F.; Riche, A.; Michalski, A.; Castle, M.; Wooster, M.; Hawkesford, M. (2016) High Throughput Field Phenotyping of Wheat Plant Height and Growth Rate in Field Plot Trials Using UAV Based Remote Sensing. *Remote Sens* 8:1031.
- INMET - Instituto Nacional de Meteorologia (2021) Available at <<https://portal.inmet.gov.br/>>. Accessed on March 3, 2021.
- Jannah, R. M., Ratnawati, S., Suwarno, W. B., & Ardie, S. W. (2021). Digital phenotyping for robust seeds variability assessment in *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Journal of Seed Science*, 46(2):1586. <http://dx.doi.org/10.1590/2317-1545v46281586>.
- Jannoura, R., Brinkmann, K., Uteau, D., Bruns, C., Joergensen, R.G. (2015) Monitoring of crop biomass using true colour aerial photographs taken from a remote controlled hexacopter. *Biosystems Engineering*. 129, 341–351.
- Jesus, O. N., Lima, L. K. S., Soares, T. L., Silva, L. N., Santos, I. S., Sampaio, S. R., Oliveira, E. J. (2022) Phenotypic diversity and alternative methods for

characterization and prediction of pulp yield in passion fruit (*Passiflora spp.*) germplasm. *Scientia Horticulturae*. 292:0304-4238, Elsevier B.V. 15p.

Junior, S. (2017). Estudo sobre a fenotipagem digital para estimativa de características morfológicas em cultivares de abóbora. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 12(2):215-223.

Karimizadeh, R., Mohammadi, M., Sabaghni, N., Mahmoodi, A. A., Roustami, B., Seyyedi, F., & Akbari, F. (2013). GGE biplot analysis of yield stability in multienvironment trials of lentil genotypes under rainfed condition. *Notulae Scientia Biologicae*, 5:256–262. <https://doi.org/10.15835/nsb529067>

Kendal, E.; Tekdal, S.; Karaman, M. Proficiency of biplot methods (AMMI and GGE) in the appraisal of triticale genotypes in multiple environments. (2019) *Applied Ecology and Environmental Research*, 17:5995-6007 DOI: https://doi.org/10.15666/aeer/1703_59956007.

Kistler, L. Maezumi, S.Y., Souza, J.G., Przelomska, N.A.S., Costa, F.M., Smith, O., Loiselle, H., Ramos-Madrugal, J., Wales, N., Ribeiro, E. R., Morrison, R.R., Grimaldo, C., Prous, A.P., Arriaza, B., Gilbert, M.T.P., Freitas, F.O., Allaby, R.G. (2018) Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America. *Science*, 362:1309-1313.

Koc, A.B. (2007) Determination of watermelon volume using ellipsoid approximation and image processing. *Postharvest Biology and Technology*, 45:366-371.

Lemos, M. A., Gama, E. E. G., Oliveira, A. C. de, & Araújo, M. R. A. (1992) Correlações genóticas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 27(12):1563-1569.

Li, L., Zhang, Q., & Huang, D. (2014) A review of imaging techniques for plant phenotyping. *Sensors*, 14(11):20078-20111.

- Li, W., Niu, Z., Chen, H., Li, D., Wu, M., & Zhao, W. (2016). Remote estimation of canopy height and aboveground biomass of maize using high-resolution stereo images from a low-cost unmanned aerial vehicle. *Remote Sensing*, 8(6):446.
- Lima, J.A.; Rossi, A.A.B.; Santos, T. De O.; Penna, G.F.; Tardin, F.D.; Trindade, R. Dos S.; Guimarães, P.E. De O.; Godinho, V. De P.C.; Amaral Junior, A.T. Do; Cordeiro, A.G.M.; Santos, R.C. Dos; Jesus, M.S.F. De; Pogalsky, L. De S.; Tiago, A.V.; Pedri, E.M. De; Ferreira, E.L.; Zanetti, G.T. (2023) Adaptability and stability of corn hybrids for the south of the Amazon biome via GGE biplot. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.58, e02931. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.02931>.
- Lin, C. S., & Binns, M. R. (1988). A superiority measure of cultivar performance for cultivar × location data. *Canadian Journal of Plant Science*, 68(1), 193-198.
- Machado Junior, R.; Gomes, R. S.; Almeida, C. F.; Alves, F. M.; Delazari, F. T.; Laurindo, R. D. F.; Fernandes, R. H.; Silva, D. J. H. (2017) Vegetable breeding as a strategy of biofortification in carotenoids and prevention of vitamin A deficiency. *African Journal of Agricultural Research*, 12(13):1059–1066.
- Maciel, G. M.; De Araújo Gallis, R. B.; Barbosa, R. L.; Pereira, L. M.; Siquieroli, A. C. S.; Peixoto, J. V. M. (2019) Image phenotyping of inbred red lettuce lines with genetic diversity regarding carotenoid levels. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 81:154–160.
- Makanza, R.; Zaman-Allah, M.; Cairns, J.E.; Magorokosho, C.; Tarekegne, A.; Olsen, M.; Prasanna, B.M. (2018a) High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. *Remote Sensing*, 10(2):330.
- Malosetti, M.; Ribaut, J. M.; Eeuwijk, F. A. V. (2013) The statistical analysis of multi-environment data: modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. *Frontiers in Physiology*, Lausanne, 4(1):1–17.

MAPA - Ministério da Agricultura e Pecuária (2021). Anexo V: Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de milho (*Zea mays*) para inscrição no Registro Nacional de Cultivares – RNC. Available at: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares/formularios-para-registro-de-cultivares>. Acessado em 21 de janeiro de 2021.

MAPA - Ministério da Agricultura e Pecuária. (2024) *Cultivar Web: Gerenciamento de informação*. Disponível em: https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php. Acessado em 19 de março de 2024.

Maphumulo, S.G.; Derera, J.; Qwabe, F.; Fato, P.; Gasura, E.; Mafongoya, P. (2015) Heritability and genetic gain for grain yield and path coefficient analysis of some agronomic traits in earlymaturing maize hybrids. *Euphytica*, 206(1):225–244.

Mathews, A.; Jensen, J. (2013) Visualizing and Quantifying Vineyard Canopy LAI Using an Unmanned Aerial Vehicle (UAV) Collected High Density Structure from Motion Point Cloud. *Remote Sens.* 5:2164–2183.

Matsuda, O., Tanaka, A., Fujita, T., Iba, K., (2012). Hyperspectral imaging techniques for rapid identification of *Arabidopsis* mutants with altered leaf pigment status. *Plant and Cell Physiology*, 53:1154-1170.

Mohammadi R, Amri A (2013) Genotype environment interaction and genetic improvement for yield and yield stability of rainfed durum wheat in Iran, *Euphytica*. Wageningen 92:227–249.

Môro, G.V., Fritsche-Neto, R. (2015) Importância e usos do milho no Brasil. In: Borém, A., Galvão, J.C.C., Pimentel, M. A. *Milho do plantio à colheita*. Editora UFV, p.9-24.

- Nardino, M., Baretta, D., Carvalho, I. R., Follmann, D. N., Konflanz, V. A., Souza, V. Q., Oliveira, A. C., & Maia, L. C. (2016) Phenotypic, genetic and environmental correlation between traits of hybrid maize. *Revista Brasileira de Biometria*, 34(3):379-394.
- Oliveira, T.R.A. de; Carvalho, H.W.L. de; Oliveira, G.H.F.; Costa, E.F.N.; Gravina, G. de A.; Santos, R.D. dos; Carvalho Filho, J.L.S. de. (2019) Hybrid maize selection through GGE biplot analysis. *Bragantia*, 78:166-174. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20170438>.
- Olivoto, T., Lúcio, A.D. (2020) Metan: An R package for multi-environment trial analysis. *Methods in Ecology and Evolution*, 11(6):783–789. DOI: <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13384>.
- Pandey, P., Chaudhary, P., & Wadhwa, G. (2013) Image analysis techniques in agriculture. *International Journal of Engineering and Technology*, 5(2):127-133.
- Paterniani, E., Miranda Filho, J. B. (1980) Melhoramento de populações. In: *Paterniani, E. (Ed.). Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Piracicaba: Fundação Cargil, p.201-256.
- Paterniani, E. (1993) Métodos tradicionais de melhoramento de milho. In: Bull, L.T., Cantarella, H. *Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba: Potafós, p.23-42.
- Paterniani, E., Nass, L. L., Santos, M. X. (2000) O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: *Udry, C.W., Duarte, W. (Orgs.). Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos*. Brasília: Paralelo 15:11-41.
- Paterniani, E., Campos, M.S. (2005) Melhoramento do milho. In: *Borém, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: Editora UFV, p.491-552.

- Pereira, M. G., Berilli, A. P. C. G., Trindade, R. S., Entringer, G. C., Santos, P. H. A. D., Vettorazzi, J. C. F., Galvão, K. S. C. (2019) 'UENF 506-11': a new maize cultivar for the North and Northwest of Rio de Janeiro State. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19:134-138.
- Pereira, M. G., Gonçalves, V. M. L., Crevelari, J. A., Santos, J. S., Santos, G. R., Santa Catarina, R., Viana, L. H., Rabello, W. S. (2025) UENF 506 16: A new maize cultivar alternative for the state of Rio de Janeiro. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 25(1): e50792518. <https://doi.org/10.1590/1984-70332024v25n1c08>.
- Pereira, M. G., Crevelari, J. A., Viana, F. N., Gonçalves, G. M. B., Ferreira Júnior, J. A., Gonçalves, V. M. L., Bendia, L. C. R., Azevedo, F. H. V., Durães, N. N. L., Vieira, R. A. M., Viana, L. H., Rabello, W. S. (2020) UENF MSV2210 and UENF MS2208: Silage and green maize hybrids for Rio de Janeiro State, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 20(3), e309320310. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n3c44>.
- Pimentel Gomes, F. (2000) *Curso de estatística experimental*. 14 ed. Piracicaba: Degaspari, 477p.
- Pimentel-Gomes, F. (2009). *Curso de estatística experimental*. 15 ed. Editora Nobel.
- R Core Team (2023). R: *A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing.
- Rashidi, M., Sayfi, K., Gholami, M. (2007) Determination of kiwifruit volume using image processing. *ARPJ Journal of Agricultural and Biological Science*, 2(6):17-22.
- Resende, M.D.V. (2015) *Genética Quantitativa e de Populações*. Viçosa-MG: Suprema, 463p.

- Resende, R. T., Chenu, K., Rasmussen, S. K., Heinemann, A. B., & Fritsche-Neto, R. (2022) Editorial: Enviromics in Plant Breeding. *Frontiers in Plant Science*, 13:935380. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.935380>.
- Ribeiro Júnior, J. I., Cruz, C. D., Scapim, C. A., Pacheco, C. A. P. (2000) Metodologia para avaliar os ganhos por seleção recorrente recíproca em populações de milho. *Ceres*, Viçosa, 47(274):591-602.
- Roscher, R., Herzog, K., Kunkel, A., & Kicherer, A. (2014) Automated image-based high-throughput field phenotyping of crop plants. *Computers and Electronics in Agriculture*, 105:74-82.
- Santa Catarina, C., Lima, M. L. D., Silva, S. H., & Valente, M. S. (2018) Aplicações da fenotipagem digital no melhoramento genético de culturas. *Agricultural Research & Technology*, 14(2):1-9.
- Santa Catarina, R., Cortes, D. F. M., Vettorazzi, J. C. F., Ramos, H. C. C., Ferregueti, G. A., & Pereira, M. G. (2018). Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L. THB var.). *Aust. J. Crop Sci.*, 12:1750-1756.
- Santos, A. D., Amaral Júnior, A. T., Kurosawa, R. D. N. F., Gerhardt, I. F. S., & Fritsche Neto, R. (2017a). GGE biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia*, 41:22–31. <https://doi.org/10.1590/1413-70542017411030816>.
- Santos, T. T.; Yassitepe, J. E. C. T. (2014) Fenotipagem de plantas em larga escala: um novo campo de aplicação para a visão computacional na agricultura. In: Massruhá, S. M. F. S.; Leite, M. A. A.; Luchiari Junior, A.; Romani, L. A. S. *Tecnologias da Informação e Comunicação e suas relações com a agricultura*, Brasília, DF: Embrapa. 5:85–100.

Scapim, C. A., Carvalho, C. G. P. de. Cruz, C. D. (1995) Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Brazilian Agricultural Research*, 30(5):683-686.

SigmaPlot 11.0 para Windows. Systat Software, Inc., San José, CA, EUA.

SILVA, G. R. Fenotipagem digital no melhoramento de milho doce: uma comparação com métodos convencionais. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 12(4):234-241, 2020. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/488241/1/Fenotipagem.pdf>.

Silva, R. R. & Benin, G. (2012) Análises biplot: conceitos, interpretações e aplicações. *Ciência Rural*, 42(8):1404-1412. ISSN 0103-8478.

Sologuren, L. (2015) Demanda mundial cresce e Brasil tem espaço para expandir produção. *Visão agrícola*, 9:8- 11.

Swain, K. C., Thomson, S. J., & Jayasuriya, H. P. (2010) Adoption of an unmanned helicopter for low-altitude remote sensing to estimate yield and total biomass of a rice crop. *Transactions of the ASABE*, 53(1):21-27.

Tanger, P., Klassen, S., Mojica, J. P., Lovel, J. T., Moyers, B. T., Baraoidan, M., Naredo, M. E. B., McNally, K. L., Poland, J., Bush, D. R., Leung, H., Leach, J. E., McKay, J. K. (2017). Field-based high throughput phenotyping rapidly identifies genomic regions controlling yield components in rice. *Scientific Reports*, 7:42839-42847.

Tardieu, F., Reymond, M., & Hamard, P. (2017). The role of plant phenotyping in breeding: a critical review. *Plant Science*, 252:31-44. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2016.09.004>.

- Tilman, D., Balzer, C., Hill, J., Befort, B. L. (2011) Global food demand and the sustainable intensification of agriculture. *Proceedings of the National Academy of Sciences of USA*, 108:20260-20264.
- Tukey, J. W. (1953). The problem of multiple comparisons. In: Braun, H. I. (Ed.) *The collected works of John W. Tukey, Volume VIII, Multiple comparisons: 1948-1983*. New York: Chapman & Hall, p. 1-300.
- Vencovsky, R., & Barriga, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sbg.
- Volpato, L.; Pinto, F.; González-Pérez, L.; Thompson, I. G.; Borém, A.; Reynolds, M.; Gérard, B.; Molero, G.; Rodrigues Jr, F. A. (2021) High throughput field phenotyping for plant height using UAV-based RGB imagery in wheat breeding lines: feasibility and validation. *Frontiers in Plant Science*, 12:591587. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.591587>.
- Walter, A., Liebisch, F., Hund, A. (2015) Plant phenotyping: from bean weighing to image analysis. *Plant Methods*. 11, 14.
- White, J. W., Andrade-Sanchez, P., & Gore, M. A. (2012) Field-based phenomics for plant genetics research. *Field Crops Research*, 133:101-112. <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2012.04.003>.
- Xu, Y.; Yang, G. (2021) Advances in high-throughput phenotyping for crop improvement. *Frontiers in Plant Science*. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.682289>.
- Yan, W., Hunt, L. A., Sheng, Q. L., & Szlavnics, Z (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. *Crop Science*, 40(3):597–605. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>.

- Yan, W.K., & Rajcan, I. (2002). Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Science*, 42(1):11-20. <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.1100>.
- Yan, W.; Kang, M.S. (2003) *GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. Flórida: Boca Raton. 286p.
- Yan, W., & Tinker, N. A. (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science*, 86:623–645. <https://doi.org/10.4141/P05-169>.
- Yan, W., M. S. Kang, B. Ma, S. Woods, and P. L. Cornelius (2007). GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science*, 47 (2):641–53. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>.
- Yihunie T.A; Gesesse, C.A. (2018) GGE biplot analysis of genotype by environment interaction in field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes in Northwestern Ethiopia. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 21:67-74. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12892-017-0099-0>.
- Zhang, J., Huang, X., & Wang, Y. (2018) Comparing manual and digital phenotyping methods for assessing plant traits. *Computers and Electronics in Agriculture*, 150, 71-79.
- Zopollatto, M., Nussio, LG, Mari, LJ, Schmidt, P., Duarte, AP, & Mourão, GB (2009) Alterações na composição morfológica em função do estágio de milho em cultivares de milho para produção de silagem. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 38:452–461. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982009000300008>.