

**USO DOS MÉTODOS AMMI E GGE BILOT
PARA ANÁLISES DE ADAPTABILIDADE E
ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO E
ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL**

ROGÉRIO LUNEZZO DE OLIVEIRA

2009

ROGÉRIO LUNEZZO DE OLIVEIRA

**USO DOS MÉTODOS AMMI E GGE BILOT PARA ANÁLISES DE
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO E
ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de
Lavras, como parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de
Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Renzo Garcia Von Pinho

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2009

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Oliveira, Rogério Lunezzo de.

Uso dos métodos AMMI e GGE biplot para análises de adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho e estratificação ambiental / Rogério Lunezzo de Oliveira. – Lavras : UFLA, 2009.
55 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2009.
Orientador: Renzo Garcia Von Pinho.
Bibliografia.

1. Zea mays. 2. Interação genótipos x ambientes. 3. Análise de componentes principais. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 581.467

ROGÉRIO LUNEZZO DE OLIVEIRA

**USO DOS MÉTODOS AMMI E GGE BILOT PARA ANÁLISES DE
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO E
ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 27 de fevereiro de 2009

Prof. Daniel Furtado Ferreira

UFLA

Prof. Samuel Pereira de Carvalho

UFLA

Prof. Renzo Garcia Von Pinho
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL

A Deus, por me dar capacidade, sabedoria e luz para alcançar os meus objetivos.

À minha querida Esposa, pelo amor e dedicação a mim dispensados e por servir a Deus ao meu lado, o que me possibilitou chegar até aqui.

OFEREÇO

A meus pais, Wilson Evandro (que já dorme no Senhor) e Elizabeth, por me ensinarem a trilhar caminhos retos e sempre confiar em nosso Deus.

À minha filha Beatriz, pelo amor e alegria que trouxe à minha vida, tornando-a muito melhor e repleta de felicidade.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, por iluminar os meus caminhos e por me dar capacidade de galgar mais este degrau em minha vida.

À minha Esposa Simone e meu irmão Renato, por sempre acreditarem que eu conseguiria conquistar mais esta vitória em minha vida.

Ao Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho pela valiosa orientação, disponibilidade e amizade.

À Monsanto, na pessoa do Dr. Heyder Diniz Silva, por conceder os dados utilizados neste trabalho.

À Universidade Federal de Lavras, pela oportunidade de realizar o mestrado e à FAPEMIG, pela concessão da bolsa de mestrado.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por todos os ensinamentos que foram fundamentais para mim.

À Profa. Édila, pelo grande incentivo dado para que eu ingressasse no mestrado.

Ao Prof. Daniel Furtado e ao professores membros da banca, pelas valiosas sugestões para a realização deste trabalho.

Aos amigos e irmãos na fé, Euziclei, Prof. Marcelo Cirilo, Pedro e Elias, pela grande amizade e companheirismo.

Ao colega de curso Márcio, pela amizade e pelas contribuições tão importantes e ao colega Denys pelo auxílio na realização deste trabalho e também pela amizade e companheirismo a mim dispensados.

Aos colegas da coordenação do GEN.

Aos colegas do Departamento de Fitotecnia André, José Luiz, Toninho, Marcelo e Alano pela amizade e companheirismo.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho o meu MUITO OBRIGADO!!!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT	ii
CAPÍTULO 1	1
1 Introdução	2
2 Referencial Teórico	5
2.1 Interação Genótipos x Ambientes.....	5
2.2 Meios de atenuar o efeito da interação genótipos por ambientes.....	7
2.2.1 Identificação de cultivares específicas para cada ambiente.....	7
2.2.2 Identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica	7
2.2.3 Estratificação Ambiental.....	12
3 Referências Bibliográficas	20
CAPÍTULO 2 - Uso dos métodos AMMI e GGE biplot para avaliação de híbridos de milho e estratificação ambiental.	26
1 Resumo	27
2 Abstract.....	28
3 Introdução	29
4 Material e Métodos	31
5 Resultados e Discussão.....	37
6 Conclusões	44
7 Agradecimentos	44
8 Referências Bibliográficas	45
9 Tabelas	49
10 Figuras	53

RESUMO

OLIVEIRA, Rogério Lunezzo de. **Uso dos métodos AMMI e GGE biplot para análises de adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho e estratificação ambiental.** 2009. 55p. Dissertação (Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a estabilidade, adaptabilidade e estratificação ambiental, por meio dos métodos AMMI e GGE biplot, utilizando dados de ensaios de avaliação de híbridos de milho, e comparar a eficiência destes métodos. Foram utilizados dados de produtividade de grãos provenientes de ensaios finais de avaliação de híbridos de milho, cedidos pela empresa Monsanto, conduzidos nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Goiás, Mato Grosso do Sul, Bahia e Distrito Federal. Os dados foram obtidos a partir da avaliação de vinte e três híbridos de milho em duas safras agrícolas, 2005/2006 e 2006/2007, e onze locais, quais sejam: Barreiras-BA, Brasília-DF, Chapadão do Sul-MS, Iraí de Minas-MG, José Bonifácio-SP, Passos-MG, Presidente Olegário-MG, Rio Verde-GO, Rolândia-PR, Três Corações-MG, Uberaba-MG. Os dados foram submetidos primeiro às análises de variância individual e conjunta, em seguida, às análises de adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental, com base nos genótipos vencedores, por meio dos métodos AMMI e GGE biplot. O híbrido 15 foi o mais produtivo. Porém, analisando o gráfico AMMI2, o híbrido 10 foi o que apresentou a melhor combinação entre adaptabilidade e estabilidade. A análise do gráfico GGE biplot levou à escolha do híbrido 16 como sendo o que apresentou a melhor combinação entre adaptabilidade e estabilidade. Com a estratificação ambiental houve a formação de dois grupos de ambientes, nos métodos AMMI (modelo AMMI1) e GGE biplot, e três grupos no modelo AMMI2. A estratificação permitiu uma redução de até 28%, no número de locais, considerando os dois métodos. O GGE biplot captou uma porção maior da soma de quadrados de genótipo (G) + interação (GxA), quando comparado ao modelo AMMI1. Além disso, o gráfico do GGE biplot foi mais eficiente e de fácil interpretação, quando comparado ao gráfico AMMI2. Pelos resultados obtidos conclui-se que é possível reduzir o número de locais de avaliação. O agrupamento obtido pelo método GGE biplot foi semelhante ao obtido pelo modelo AMMI1. A análise GGE biplot foi mais eficiente que a análise AMMI.

* Orientador : Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho - UFLA.

ABSTRACT

OLIVEIRA, Rogério Lunezzo de. **The use of AMMI and GGE biplot methods for analysis of adaptability and stability of maize hybrids and environmental stratification.** 2009. 55p. Dissertation (Masters in Genetics and Plant Breeding)–Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. *

This work was carried out for evaluating stability, adaptability and environmental stratification, through the AMMI and GGE biplot methods by using maize hybrids trials data evaluation and for comparing the efficiency of these methods. Grain yield data originating from final trials of maize hybrids evaluation supplied by the Monsanto company were used and the study was carried out in the states of Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Goiás, Mato Grosso do Sul, Bahia and Distrito Federal. The data was obtained from the evaluation of twenty-three maize hybrids in two agricultural harvests, 2005/2006 and 2006/2007, and eleven sites, which were: Barreiras-BA, Brasília-DF, Chapadão do Sul-MS, Iraí de Minas-MG, José Bonifácio-SP, Passos-MG, Presidente Olegário-MG, Rio Verde-GO, Rolândia-PR, Três Corações-MG, Uberaba-MG. The data were submitted, first, to the individual and joint variance analyses. Following that, to the adaptability, stability and environmental stratification analyses, based on the winning genotypes, through the AMMI and GGE biplot methods. Hybrid 15 was the highest yielding. However, by analyzing the AMMI2 graph, hybrid 10 was the one which presented the best combination between adaptability and stability, and the GGE biplot analysis led to the choice of hybrid 16 as being that one which presented the best combination between adaptability and stability. With the environmental stratification there was the formation of two groups of environments, in the AMMI methods (model AMMI1) and GGE biplot, and three groups in the AMMI2 model. The stratification permitted a reduction of 28% in the number of sites, considering the two methods. The GGE biplot captured a larger portion of the sum of the squares of genotype(G)+ interaction (GxA) when compared to the AMMI1 model. Furthermore, the GGE graph was more efficient and of easier interpretation, when compared to the AMMI2 graph. From the obtained results, it is concluded that it is possible to reduce the number of evaluation sites. The grouping obtained by the GGE biplot method was similar to that of the AMMI1 model. The GGE biplot analysis was more efficient than the AMMI analysis.

* Adviser : Prof. Dr. Renzo Garcia Von Pinho - UFLA.

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO

A interação genótipos por ambientes (GxA) é uma das principais dificuldades encontradas pelos melhoristas durante a seleção de genótipos superiores. Nas etapas preliminares deste processo, com avaliações normalmente em um só local, a interação GxA pode inflacionar as estimativas da variância genética, resultando em valores superestimados para os ganhos genéticos esperados com a seleção. Nas fases finais, geralmente, os ensaios são conduzidos em vários ambientes (locais, anos e/ou épocas), o que possibilita o isolamento daquele componente da variabilidade. Por outro lado, a presença dessa interação, na maioria das vezes, faz com que os melhores genótipos, num determinado local, não o sejam em outros. Isto dificulta a recomendação de cultivares para toda a população de ambientes amostrada pelos testes (Duarte & Vencovsky, 1999).

Dessa forma existem opções para atenuar os efeitos da interação GxA. A primeira é a identificação de cultivares específicas para cada ambiente, a segunda é a utilização de cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade e a terceira opção é estratificar a região considerada em sub-regiões com características ambientais semelhantes, dentro das quais a interação passa a ser não significativa. A primeira opção é, praticamente, inexecutável, restando somente as outras duas opções, sendo que a segunda tem sido a mais utilizada (Ramalho et al., 1993).

Os investimentos no melhoramento de milho são intensificados com a ampliação da base genética disponível e a intensificação das avaliações experimentais em diferentes locais e anos. Os elevados custos da pesquisa requerem a racionalização de todos os processos envolvidos, entre eles a escolha do germoplasma, a metodologia utilizada e os ambientes destinados às

avaliações. Neste último caso, busca-se agregar a diversidade ambiental à sua representatividade em relação às áreas de cultivo. As empresas produtoras de sementes classificam os locais em macroambientes (MA) para a recomendação de plantio de seus híbridos. Estas regiões apresentam características geoclimáticas distintas relacionadas a fatores ambientais relevantes à cultura. A grande heterogeneidade de manejo, entretanto, sugere que apenas as variações entre MA não respondem de modo satisfatório por toda a diversidade ambiental da região de recomendação da cultivar. A presença de interação genótipos por ambientes (GxA) significativa indica a necessidade de recomendações mais específicas entre e dentro das referidas regiões. Para tal, a necessidade de avaliações extensivas em grande número de locais e anos é consenso nas instituições de pesquisa (Terasawa Júnior. et al., 2008).

Segundo Bernardo (2002), os efeitos da interação (GxA) podem ser reduzidos dividindo-se o conjunto total de ambientes em sub-grupos homogêneos. Para isso, segundo o autor, agregam-se, geralmente, condições ambientais similares, tais como: temperatura, precipitação, comprimento de dia, tipos de solo, entre outros; também respostas semelhantes quanto ao nível de estresse ambiental, biótico e abiótico. Na determinação dos sub-grupos homogêneos, o autor recomenda análises por meio de agrupamentos hierárquicos (clusters) e de componentes principais.

O tratamento estatístico dado à interação (GxA), nesta última década tem sofrido uma forte reorientação. Seja pelos grandes avanços obtidos nos procedimentos estatístico-computacionais, seja pela pouca eficácia dos métodos usuais de análise da interação. De acordo com Kang & Magari (1996), o enfoque tradicional univariado deve ser substituído por uma abordagem que combina técnicas univariadas e multivariadas. Neste sentido, entre os métodos já disponíveis, as análises AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis) e GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments

Interaction) ocupam lugar de destaque. No Brasil, são encontrados poucos trabalhos que comparam esses métodos quanto às suas eficiências nas análises de adaptabilidade e estabilidade, principalmente quando se trata da cultura do milho. Também é necessário comparar o resultado obtido pela estratificação ambiental realizada por meio destes métodos.

Portanto, o objetivo desse trabalho foi avaliar a estabilidade, adaptabilidade e estratificação ambiental, por meio dos métodos AMMI e GGE biplot, utilizando dados de ensaios de avaliação de híbridos de milho, e comparar a eficiência destes métodos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Interação Genótipos x Ambientes

Se for considerado um caráter como produtividade de grãos, o fenótipo (F) a ser obtido é função do genótipo (G), do ambiente (A) e da interação dos genótipos por ambientes (GxA) (Ramalho et al., 1993). A presença de interação entre genótipos e ambientes é decorrente do comportamento diferenciado de materiais genéticos frente às condições ambientais distintas (Cruz & Carneiro, 2003). Caracteres quantitativos, especialmente afetados pelo ambiente, apresentam freqüente significância deste efeito (Bernardo, 2002).

Segundo Allard & Bradshaw (1964), as variações ambientais que contribuem para a interação com os genótipos são classificadas em dois tipos: previsíveis e não previsíveis. No primeiro tipo de variação estão incluídas todas as características do clima cuja variação é previsível, tais como, local, solo, comprimento do dia, insolação e também as variações ambientais determinadas pela ação do homem, tais como, época e densidade de semeadura, níveis de adubação e outros tratos culturais. As variações imprevisíveis são oscilações no clima, tais como volume e distribuição das chuvas, variações da temperatura e outros.

A avaliação das variações previsíveis pode ser feita de forma individual ou conjunta em relação à sua interação com os genótipos. Sendo assim, estudos individualizados, tais como genótipos x densidade de semeadura e genótipos x época de semeadura ou estudos envolvendo todos esses fatores podem ser feitos por meio de uma interação generalizada genótipos x ambientes. Por outro lado, as variações imprevisíveis são as que mais contribuem para as interações genótipos x anos e genótipos x locais, bem como para as interações mais complexas como a interação tripla genótipos x locais x anos (Fehr, 1987).

Para a detecção da interação (GxA) é necessário que genótipos diferentes sejam avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes, pois a avaliação em apenas um ambiente não permite que o componente da interação seja isolado, acarretando uma superestimativa da variância genética. Consequentemente, a herdabilidade também fica superestimada, comprometendo o ganho esperado com a seleção, o qual é diretamente proporcional à herdabilidade (Terasawa Júnior et al., 2008).

São descritos dois tipos de interação (GxA) quanto à sua natureza: simples e complexa (Robertson, 1959). Nas interações simples mantém-se a classificação de desempenho entre os materiais genéticos nas diversas condições. São ocasionadas pela diferença de variabilidade dos genótipos nos ambientes considerados, não representando problemas ao melhoramento (Cruz & Carneiro, 2003).

Em contrapartida, interações complexas são decorrentes da ausência de correlação entre o desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes (Vencovsky & Barriga, 1992). Aqui a classificação de desempenho dos materiais é alterada de acordo com a variação do ambiente. Interações complexas têm grande importância no melhoramento, influenciando na eficiência da seleção e na precisão das recomendações de cultivo (Baker, 1988; Crossa & Cornelius, 1997).

A ocorrência de interação (GxA) de natureza complexa é esperada em programas comerciais voltados à obtenção de novas cultivares. São demandados grandes esforços na avaliação de materiais em uma diversa gama de ambientes e em sucessivos anos (Bernardo, 2002). O autor relata que os híbridos comerciais de milho nos EUA são testados em cerca de 120 a 2100 locais diferentes antes de sua comercialização. No Brasil, a ocorrência de interações complexas em milho é fato esperado entre e dentro das regiões de cultivo. Isso pode ser constatado analisando-se os resultados de ensaios de híbridos comerciais,

conduzidos sob coordenação nacional (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2008).

2.2 Meios de atenuar o efeito da interação genótipos por ambientes

Existem três modos de atenuar a interação genótipos x ambientes: a) identificar uma cultivar específica para cada ambiente; b) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica e c) realizar o zoneamento ecológico ou estratificação ambiental (Ramalho et al., 1993).

2.2.1 Identificação de cultivares específicas para cada ambiente

Apesar dessa opção ser teoricamente possível, sua aplicação é praticamente inviável. Neste caso, os genótipos são avaliados em vários ambientes e através da análise dos dados são identificadas as cultivares específicas para cada ambiente. O ambiente pode ser muito restrito e qualquer variação imprevisível pode fazer com que o genótipo não mais se mostre adaptado (Ramalho et al., 1993).

2.2.2 Identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica

Há na literatura uma série de métodos que podem ser aplicados para avaliação da estabilidade fenotípica. No emprego de qualquer uma dessas metodologias, o primeiro problema que se apresenta é a conceituação de estabilidade (Ramalho et al., 1993). Segundo Lin et al. (1986), existem basicamente três conceitos de estabilidade:

Tipo 1 - A cultivar será considerada estável se sua variância entre ambientes é pequena;

Tipo 2 - A cultivar será considerada estável se sua resposta ao ambiente for paralela ao desempenho médio de todos os materiais genéticos avaliados;

Tipo 3 - A cultivar é estável se o quadrado médio dos desvios de regressão, que avalia a estabilidade, é pequeno.

A estabilidade do tipo 1, denominada por Becker (1981) “estabilidade no sentido biológico”, corresponde à cultivar que apresenta um desempenho constante com a variação do ambiente. Esse tipo de estabilidade não é agronomicamente desejável, porque o genótipo não responde à melhoria do ambiente e normalmente essa estabilidade está associada a uma menor produtividade (Ramalho et al., 1993).

A estabilidade do tipo 2, denominada por Becker (1981) “estabilidade no sentido agrônômico”, equivale à cultivar que acompanha o desempenho médio obtido nos ambientes. Essa estabilidade tem sido a preferida, pois permite identificar cultivares estáveis e com potencial de se manter entre as melhores em todos os ambientes (Ramalho et al., 1993). Segundo Lin et al. (1986) esse tipo de estabilidade é uma medida restrita aos genótipos que foram avaliados, e portanto, não pode ser generalizada.

Considerando esse tipo de estabilidade (tipo 2), existem vários tipos de procedimentos que podem ser utilizados para avaliação. Um dos métodos mais utilizados é o proposto por Wricke & Weber (1986), cujo parâmetro é denominado “ecovalência” (W_i), que estima o quanto cada cultivar contribui para a interação. Logo, quanto mais próximo de zero for a estimativa de W_i , mais estável é a cultivar.

Outras metodologias foram propostas utilizando regressão, dentre elas destaca-se a proposta por Finlay & Wilkinson (1963), por ter introduzido o conceito de índice ambiental, que é função da média de todas cultivares em cada ambiente. O método baseia-se numa análise de regressão linear onde o índice ambiental é a variável independente e a produtividade média de cada cultivar em cada ambiente é a variável dependente (Ramalho et al., 1993). Finlay & Wilkinson (1963) propuseram ainda a transformação dos dados (produção) em

logarítimo com o objetivo de aumentar a linearidade da regressão e a homogeneidade das variâncias residuais. Esta metodologia permite que a interação genótipos x ambientes seja desdobrada em duas partes: a) devido à regressão linear e b) devido aos desvios da regressão. Desse modo, a estabilidade e adaptabilidade de um genótipo são obtidas através do seu coeficiente de regressão (b_i) e de sua produtividade média (\bar{Y}_i) (Maranha, 2005).

Na estabilidade do tipo 3, o genótipo é considerado estável quando o quadrado médio do desvio da regressão é pequeno. A metodologia proposta por Eberhart & Russel (1966) pode ser utilizada para avaliar esse tipo de estabilidade. Esta metodologia é semelhante à de Finlay & Wilkinson (1963), diferindo da mesma pelo fato dos dados serem analisados sem transformação e também pela estimativa do desvio da regressão (Maranha, 2005).

De acordo com Crossa (1990), a principal limitação de uso do coeficiente de regressão linear como metodologia para estimar a estabilidade fenotípica de cultivares está na dependência que existe entre a variável que mede o índice ambiental (I_j) e a produtividade média da cultivar (\bar{Y}_i). Este fato viola um princípio da análise de regressão que é a independência entre variáveis dependentes e independentes. Ainda segundo o mesmo autor, outra limitação desses métodos ocorre quando são incluídos na análise, locais com desempenhos contrastantes. Nesse caso, a adaptação de um determinado genótipo pode se dar devido ao seu desempenho nos ambientes extremos, mascarando os resultados.

Toler (1990) propôs uma nova metodologia, na qual trabalha-se com modelos de regressão não lineares nos parâmetros. Esse modelo surge como alternativa para contornar os problemas relacionados às estimativas do índice ambiental. Além disso, apresenta testes de hipóteses mais rigorosos para os padrões de respostas, permitindo classificar os genótipos em vários grupos. Do

ponto de vista estatístico, o modelo de Toler (1990) representa um aprimoramento das análises de estabilidade que utilizam regressão.

Segundo Duarte & Vencovsky (1999), os métodos baseados em regressão tendem a simplificar modelos de resposta, explicando a variação devido à interação numa única dimensão, quando na verdade ela pode ser bastante complexa. Além disso, esses procedimentos, em geral, não informam sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas), dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação. Crossa (1990) propõe que a aplicação de métodos multivariados pode ser útil para explorar melhor as informações contidas nos dados. Recomenda, principalmente, o método AMMI que vem sendo muito aplicado nos últimos anos.

A análise AMMI associa, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação (Duarte & Vencovsky, 1999). O método AMMI requer primeiramente a estimação dos efeitos principais através da análise de variância e os resíduos provenientes da aditividade desses efeitos são particionados em um termo multiplicativo, que resulta da análise de componentes principais (ACP), e um desvio do modelo, também chamado de ruído (Anicchiarico, 2002). Segundo Zobel et al. (1988) o método AMMI possibilita uma análise mais detalhada da interação (GxA), garante a seleção de genótipos mais produtivos, fornece estimativas mais precisas das respostas genotípicas e facilita a interpretação gráfica dos resultados da análise. No que se refere ao detalhamento da interação (GxA), essa análise o faz via decomposição da soma de quadrados original (SQ_{GxA}), em uma porção denominada padrão e noutra chamada ruído. Segundo Oliveira et al. (2003), a primeira possibilita a identificação de fatores ambientais e genotípicos mais diretamente relacionados à interação, sendo obtida após o

descarte de ruídos adicionais ao erro experimental. Isso proporciona uma melhoria na capacidade preditiva das respostas fenotípicas.

Recentemente, uma modificação da análise AMMI convencional, proposta por Yan et al. (2000), denominada GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction) tem sido utilizada para estudo da interação (GxA). A análise GGE agrupa o efeito de genótipo, que é um efeito aditivo na análise AMMI, com a interação (GxA), efeito multiplicativo e submete estes efeitos, à uma análise que segue o modelo SREG (Sites Regression). O modelo SREG é um modelo multiplicativo de regressão para locais ou sítios. Seu biplot é chamado de GGE biplot, conforme descrito por Yan et al. (2000). A principal vantagem dessa técnica em relação à análise AMMI, reside no fato de que o método GGE biplot explica sempre uma parcela intermediária, da soma de quadrados de genótipos (G) + interação (GxA), em relação aos modelos AMMI1 e AMMI2.

Considerando o modelo AMMI2, para tornar possível a análise de adaptabilidade e estabilidade no mesmo biplot, como no método GGE biplot, Gauch (1992) desenvolveu um gráfico 3D, onde o efeito de genótipo é a terceira dimensão perpendicular ao plano IPCA1 vs. IPCA2. Mesmo captando uma proporção maior da interação do que o gráfico AMMI1, a interpretação deste gráfico é complexa e pouco prática (Yan et al., 2000).

Outra vantagem do GGE biplot em relação ao gráfico AMMI1 é que, no AMMI1, os eixos estão em unidades diferentes (abscissa – produtividade média e ordenada – IPCA1). Como resultado, a performance de um genótipo em um dado ambiente não pode ser visualizada com precisão, fato observado também no gráfico AMMI2 (3D). Porém, no GGE biplot, ambos os eixos estão na mesma escala. Portanto, o gráfico do GGE biplot mostra não só a performance média e a estabilidade de cada genótipo, mas também a performance relativa de cada genótipo em cada ambiente (Yan et al., 2007).

2.2.3 Estratificação ambiental

Ensaio finais de avaliação de híbridos de milho para recomendação comercial de cultivares, são geralmente conduzidos em ambientes distintos e com grande número de genótipos. Nesse caso, é comum que diferentes genótipos sejam superiores nos diferentes ambientes, caracterizando a chamada interação genótipos por ambientes (GxA).

A possibilidade de maximização da produção de uma dada região onde se identifica esse tipo de interação, em que nenhum genótipo é o melhor em todas as localidades, está ligada à possibilidade de que essa região possa ser subdividida em sub-regiões relativamente homogêneas do ponto de vista da interação de genótipos com ambientes. Há ainda, nesse caso, a possibilidade de que os genótipos superiores em cada um desses estratos sejam a eles destinados. Tais sub-regiões, referidas como "estratos ambientais", são áreas não necessariamente contínuas de uma região de cultivo, que apresentam um conjunto de condições ambientais que possibilitam aos mesmos genótipos serem sempre os melhores nesse conjunto de locais (Oliveira et al., 2003).

Gauch & Zobel (1997) argumentam que, sem a subdivisão em estratos, somente uma adaptação ampla pode ser explorada; mas, com a subdivisão, podem ser exploradas também adaptações específicas. Adicionalmente, ressaltam que a subdivisão de uma região de cultivo comercial de uma espécie vegetal, embora possa implicar um volume maior de trabalho para melhoristas e produtores de sementes, também implica em herdabilidades mais elevadas e, portanto, progresso mais rápido dentro de um programa de melhoramento genético.

Parte dos estudos sobre a estratificação de ambientes em milho foi baseada em dados climáticos, de solo e em macro-variações ambientais que atingem uma região (Runge, 1968; Pollak & Corbett, 1993; Caramori, 2003;

Setimela et al., 2005). Enquanto úteis em caracterizar as variáveis ambientais que afetam a cultura, os fatores ambientais por si só não permitem identificar os componentes que mais influenciam na expressão de interação GxA (Löffler et al., 2005).

Diversos programas de melhoramento têm preferido estratificar ambientes com base na similaridade de desempenho de suas cultivares, avaliados em ensaios em grande número de ambientes (Bernardo, 2002). O autor considerou que o agrupamento hierárquico de ambientes em sub-conjuntos homogêneos (clusters) seria a abordagem mais usual na manipulação de interação (GxA) em programas de melhoramento. O pressuposto básico para a estratificação ambiental por meio de informações de interação (GxA) é o de que as diferenças entre ambientes não são completamente aleatórias, tampouco totalmente sistemáticas (Chaves, 2001). Os primeiros estudos de dissimilaridade entre ambientes, por meio da interação GxA, foram propostos por Horner & Frey (1957). Para a dissimilaridade entre locais definiu-se o quadrado médio da interação de cultivares com ambientes, obtido da análise conjunta de variância dos locais, dois a dois.

Diferentes medidas de dissimilaridade têm sido utilizadas no estabelecimento de agrupamentos de ambientes (Lin et al., 1986; De Lacy & Cooper, 1990; Ouyang et al., 1995). Brasil (1990) obteve semelhantes classificações de locais, em estudo comparativo utilizando diferentes medidas de dissimilaridade ambiental em ensaios de milho.

Uma seqüência de ações é sugerida por Chaves (2001) para se proceder a estratificação de ambientes por meio da análise da interação (GxA). Incluem-se: a obtenção da matriz de distância entre os locais; a análise de agrupamento dos ambientes similares, de forma a se estabelecer sub-regiões homogêneas e o confronto destes resultados com fatores previsíveis de ambiente, tais como, região geográfica, tipo de solo, altitude, latitude, entre outros. A

confirmação destas informações em sucessivos anos deveria proporcionar maior segurança na recomendação, com base na regionalização obtida.

Um recente estudo de estratificação ambiental, a partir do desempenho de genótipos, foi conduzido na região do sudeste da África. Foram incluídos os países Angola, Botswana, Lesotho, Malawi, Moçambique, Tanzânia, Zâmbia e Zimbábue (Setimela et al., 2005). A análise foi baseada em ensaios regionais de milho conduzidos sob coordenação do Centro Internacional de Mejoramento de Maiz y Trigo (CIMMYT/México). Foram incluídas avaliações de três anos, em 94 ambientes, referentes a 163 materiais genéticos. Os efeitos de ambientes (A), genótipos (G) e da interação (GxA) foram significativos a 0,1% de probabilidade, confirmando as expectativas. Sete estratos foram definidos pelo agrupamento de locais por meio de dendrogramas. Estes diferiram da classificação fornecida pelos dados climáticos e de solo, definidas no programa GIS (Geographical Information Systems). Os autores enfatizaram a importância destes resultados para uma eficiente utilização de recursos disponibilizados ao melhoramento na região.

Russell et al. (2003) ressaltaram que a estratificação de ambientes pela análise da interação (GxA) só possui aplicabilidade no melhoramento na presença de repetibilidade ao longo do tempo. Para tanto, os principais fatores ambientais causadores destas interações deveriam ser localmente específicos, tais como pH do solo e fotoperíodo. Os autores enfatizaram que em áreas continentais, onde as condições ambientais flutuam acentuadamente de um ano para o outro, a identificação de interações complexas com repetibilidade deveria requerer informações obtidas no decorrer de diversos anos. Este posicionamento foi mantido por Löffler et al. (2005). Isto poderia ser a causa da dificuldade em se obter estratificações consistentes a partir de agrupamentos baseados em interação (GxA) (Chaves, 2001). Esta observação é especialmente importante nas regiões tropicais (Brasil, 1990), caracterizadas por grande diversidade

ambiental devido a fatores bióticos e abióticos. É salientada a prevalência de fatores não previsíveis na determinação das diferenças entre locais, havendo falta de clareza dos efeitos de locais e épocas de semeadura em muitos casos (Paterniani, 1986). Assim, os trabalhos baseados em dados empíricos usualmente falham no fornecimento de adequadas descrições de ambientes, durante um maior período temporal (Löffler et al., 2005). Isto se deve aos altos custos e à impraticabilidade de coleta experimental de informações em um longo prazo.

Esforços recentes têm sido destinados à estratificação de ambientes em regiões aptas à produção de culturas, utilizando modelos específicos e dados gerados a partir de simulações e de experimentação (Löffler et al., 2005). Os objetivos destes trabalhos foram permitir a integração de dados climáticos e de solo ao manejo cultural e a estratificação de ambientes por meio dos níveis de estresse que impactam sobre a produtividade (Chapman et al., 2000; White et al., 2002).

Chapman et al. (2000) integraram informações de solo a dados climáticos coletados em períodos entre 80 e 105 anos para estratificar ambientes de cultivo de sorgo em Queensland, na Austrália. Foi utilizado o modelo de simulação de crescimento APSIM (Agriculture Production Systems Simulator). Para um conjunto de seis locais de teste, obteve-se que três tipos de ambientes apresentaram consistente relação com a produtividade simulada. Wei et al. (2002) reportaram que oitenta por cento da variação entre híbridos de milho, cultivados em vinte e oito ambientes, pode ser explicada por dados simulados.

Löffler et al. (2005) utilizaram o modelo de simulação modificado de CERES-Maize (Crop Environment Resource Synthesis) em combinação com GIS (Geographic Information System) para caracterizar os ambientes de produção de milho e para testar sua viabilidade em explicar as interações (GxA), na região do meio-oeste dos EUA. Para a descrição dos locais, foram realizadas

simulações no conjunto total de municípios no período de 1956 a 2002. Para a estratificação dos locais experimentais foram coletadas informações de dezoito híbridos cultivados em 266 experimentos, ao longo do período de 2000 a 2004. Seis estratos ambientais foram identificados com base nas condições ambientais que prevaleceram em estágios-chave e nas observações dos padrões de interação (GxA). Cinco deles foram identificados devido a fatores abióticos e um pela alta infestação da praga European Corn Borer.

Outro critério para a estratificação ambiental é o estabelecimento de grupos de ambientes que minimizem a presença de interações (GxA) complexas. Diferentes testes têm sido propostos para determinar a significância destas interações (Azzalini & Cox, 1984; Gail & Simon, 1985; Cornelius et al., 1992). Russell et al. (2003) propuseram uma metodologia para determinação das distâncias, considerando o sinal da diferença de cada contraste e a magnitude das interações. Foram analisados pares de cultivares em diversas combinações de dois ambientes, perfazendo-se conjuntos de “quadruplets”, envolvendo i tratamentos em j locais. A metodologia possibilitou a redução do número de interações (GxA) complexas naquelas condições.

Cornelius et al. (1992), Crossa et al. (1993), Crossa et al. (1995) e Crossa & Cornelius (1997) identificaram agrupamentos ambientais utilizando modelos multiplicativos nos quais a distância entre dois ambientes consistiu na soma de quadrados do resíduo, após ajuste pelas médias genótípicas de cada ambiente. A distância entre dois ambientes foi em função da falta de ajuste das médias de genótipos a um modelo multiplicativo.

Pacheco et al. (2003) utilizaram dados de produtividade de ensaios finais de avaliação de linhagens de soja para realizar o agrupamento de sete locais representativos da região de cultivo da soja no estado de Goiás. O agrupamento de locais foi realizado com base na matriz de interações resultante do modelo AMMI escolhido através do teste F_R proposto por Cornelius et al. (1992), que

testa o resíduo (ruído) de cada componente principal de interação (IPCA) para a seleção de modelos mais preditivos e parcimoniosos, ou seja, que consomem menos graus de liberdade. Nesta matriz observa-se um valor de interação (GxA) para cada genótipo em cada ambiente. Considerando que a similaridade da grandeza da interação de dois locais com cada genótipo é uma medida do grau de semelhança entre estes locais, no que diz respeito aos aspectos que influenciam a característica sob estudo, pode-se dizer que a soma de quadrados das diferenças entre as interações de cada par de ambientes, para todos os genótipos, oferece uma medida de distância ($D_{jj'}^2$) entre os dois ambientes:

$$D_{jj'}^2 = \frac{\sum_i (\hat{g}e_{ij} - \hat{g}e_{ij'})^2}{g} ,$$

onde: $\hat{g}e_{ij}$ e $\hat{g}e_{ij'}$ são estimativas AMMI_N das interações do genótipo i com o ambiente j e com o ambiente j' , respectivamente, e g representa o número total de genótipos.

Pacheco (2004), utilizou três procedimentos para estratificação de ambientes, um deles teve como base o método proposto por Horner & Frey (1957) e os outros dois fundamentados na análise AMMI. Neste trabalho, o autor utilizou dados de três anos de avaliação de linhagens de soja, com três ciclos de maturação, em 18 localidades. No primeiro método o agrupamento foi realizado pelo método aglomerativo hierárquico, com base no critério da ligação média. O segundo método de estratificação foi baseado na distância entre locais para a interação estimada por um modelo AMMI de análise, gerando assim uma matriz de distâncias entre os locais tomados dois a dois, utilizadas na construção de dendrogramas, e conseqüentemente na identificação dos estratos ambientais. O terceiro método de estratificação foi baseado na abordagem de genótipos

vencedores, aplicando-se as estimativas de interação provenientes dos modelos AMMI1, AMMI2, AMMI3 e AMMI4, que correspondem aos modelos AMMI com um, dois, três e quatro componentes principais, respectivamente. Nessa abordagem, um estrato ambiental é definido como o conjunto de locais com um genótipo vencedor em comum. O autor concluiu que os dois primeiros métodos não apresentavam aplicabilidade prática por suas inconsistências. Contudo, a estratificação baseada na abordagem de genótipos vencedores mostrou-se consistente ao longo do período de estudo, possibilitando a identificação de três agrupamentos para ciclo médio de maturação, três no ciclo precoce e quatro no ciclo tardio.

Atualmente outro método que tem sido muito utilizado para estratificação ambiental, com base em genótipos vencedores, é o método GGE biplot. Segundo Ebdon & Gauch (2002), a estratificação baseada nos genótipos vencedores, por meio do modelo AMMI1, deve ser virtualmente a mesma daquela baseada no GGE biplot. Isto talvez seja verdadeiro em alguns casos, mas o GGE biplot é mais vantajoso em vários aspectos. Primeiro, o GGE biplot explica uma porção maior de $G + GE$ quando comparado ao gráfico AMMI1, sendo, portanto, uma apresentação mais acurada dos dados. Por exemplo, para dados de ensaios de arroz, o GGE biplot e o gráfico AMMI1 explicaram 77,3 e 64,6% da soma de quadrados de genótipos (G) + interação ($G \times A$), respectivamente (Samonte et al., 2005). Segundo o padrão de “que genótipo vence onde”, nem sempre é fácil de visualizar no gráfico AMMI1, particularmente quando muitos genótipos e ambientes teste são envolvidos. Por esta razão, o gráfico AMMI1 é melhor visto como uma ferramenta para apresentar conclusões do que para descobrir padrões de “que genótipo vence onde” (Yan et al., 2007).

Gauch (1992) propôs um gráfico AMMI2 para análise de estratificação ambiental quando são necessários dois componentes principais (PCA) para

aproximar dos dados, mas sua utilidade não tem sido muito demonstrada. Este gráfico é um plot de ambientes-teste definidos por seus escores dos dois primeiros componentes principais (PCA1 e PCA2) e os ambientes teste são agrupados pelos escores PCA1 e PCA2. Os genótipos vencedores para cada grupo são identificados numa tabela de genótipos x ambientes com as produtividades preditas com base no modelo AMMI2. Por este motivo este gráfico é melhor entendido como uma ferramenta para apresentar conclusões, do que para descobrir padrões de “que genótipo vence onde?”, enquanto descobrir esses padrões é o interesse primário deste tipo de análise (Yan et al., 2007).

Segundo Yan et al. (2007) o poder discriminante e a representatividade visual do GGE biplot são ferramentas eficazes para avaliação de locais-teste, o que pode levar à identificação de locais-teste representativos e discriminantes.

No Brasil, o método GGE biplot ainda é pouco difundido e existem poucos trabalhos que comparam a eficiência dos métodos AMMI e GGE biplot para análises de adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental, utilizando dados de ensaios de avaliação de híbridos de milho em vários ambientes (locais e safras agrícolas).

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, Sept. 1964.

ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interaction: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations**. Rome: FAO, 2002. 115 p.

AZZALINI, A.; COX D.R. Two new tests associated with analysis of variance. **Journal of the Royal Statistical Society B**, London, v. 46, n. 2, p. 335-343, Apr. 1984.

BAKER, R. J. Tests for crossover genotype-environmental interactions. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 45, n. 2, p. 405-410, Apr. 1988.

BECKER, H. C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, n. 3, p. 835-840, Dec. 1981.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Stemma, 2002. 369p.

BRASIL, E. M. **Comparação de métodos no estudo da interação de genótipos com ambientes em milho (*Zea mays* L.)**. 1990. 181p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia,GO.

CARAMORI, P. H. **Zoneamento agrícola do estado do Paraná**. Londrina: IAPAR, 76 p. 2003.

CHAPMAN, S.C.; COOPER, M.; HAMMER, G.L.; BUTLER, D. Genotype by environments interactions affecting grain sorghum II. Frequencies of different seasonal patterns of are related stress are related to location effects on hybrid yields. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 51, n. 2, p. 209-222, Mar. 2000.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001. 1183 p.

CIMMYT. **International Maize and Wheat Improvement Center**. 2008.
Disponível em: <<http://www.cimmyt.org>>. Acesso em: 20 set. 2008.

CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M. S.; CROSSA, J. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. **Theoretical Applied Genetics**, Stuttgart, v. 84, n. 1/2, p. 161-172, June 1992.

CROSSA, J. Statistical analysis of multilocations trials. **Advances in Agronomy**, Newark, v. 44, n.1, p. 55-85, Nov. 1990.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of errors variances. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 2, p. 406-415, Mar. 1997.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; SAYRE, K.; ORTIZ-MONASTERIO R. A., J.I. Shifted multiplicative model fusion method for grouping environments without cultivar rank change. **Crop Science**, Madison, v. 35, n.1, p. 54-62, Jan. 1995.

CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M. S.; BYRNE, P. A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank change. **Theoretical Applied Genetics**, Stuttgart, v. 85, n. 5, p. 577-586, Jan. 1993.

CRUZ, C .D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

DE LACY, I. J.; COOPER, M. Pattern analysis for the analysis of regional variety trial. In: KANG, M. S. (Ed.) **Genotype-by-environment interaction of plant breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University, 1990. p. 301-334.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução a análise AMMI. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. (Série Monografias, 9).

EBDON, J. S.; GAUCH, H. G. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of National Turfgrass Performance Trials: II. Cultivar Recommendations. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 497-506, mar./abr. 2002.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, Jan. 1966.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Embrapa Milho e Sorgo. **Resultados dos ensaios nacionais**. 2008. Disponível em: <<http://www.cnpms.embrapa.br/ensaio/index.php>>. Acesso em: jan. 2008.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. 487p.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal Agricultural Research**, Collingwood, v. 14, n. 6, p. 742-754, Nov. 1963.

GAIL, M.; SIMON, R. Testing for qualitative interactions between treatment effects and patient subsets. **Biometrics**, Arlington, v. 41, n. 2, p. 361-372. June 1985.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. New York: Elsevier, 1992. 278p.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying Mega-Environments an targeting genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 311-326, Mar. 1997.

HORNER, T. W.; FREY, K. J. Methods of determining natural areas for oat varietal recommendations. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 49, p. 313-315, June 1957.

KANG, M. S.; MAGARI, R. New developments in selecting for phenotypic stability in crop breeding. In: KANG, M. S.; GAUCH JR., H. G. (Ed.). **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. Cap. 1, p. 1-14.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis: where do we stand? **Crop Science**, Madison, v. 26, p. 894-900, Sept. 1986.

LÖFFLER, C. M.; WEIN, J.; FAST, T.; GOGERTY, J.; LANGTON, S.; BERGMAN, M.; MERRIL, B. COOPER, M. Classification of maize environments using crop simulation and geographic information systems. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 5, p. 1708-1716, Sept. 2005.

- MARANHA, F. G. C. B. **Estratificação ambiental para avaliação de genótipos de algodoeiro no estado de mato grosso**. 2005. 79p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queirós, Piracicaba, SP.
- OLIVEIRA, A. B.; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 3, p. 357-364, mar. 2003.
- OUYANG, Z.; MOWERS, R.P.; JENSEN, A.; WANG, S.; ZHENG, S. Cluster analysis for genotype x environment interaction with unbalanced data. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 5, p. 1300-1305, Sept. 1995.
- PACHECO, R. M.; DUARTE, J. B.; ASSUNÇÃO, M. da S.; NUNES JÚNIOR, J.; CHAVES, A. A. P. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Brasília, v. 33, n. 1, p. 23-27, jan. 2003.
- PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 170p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO.
- PATERNIANI, E. Interação de genótipo x ambiente em climas tropicais e subtropicais. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16. Belo Horizonte. **Anais...**Campinas: Fundação Cargill, 1986. p. 378-382.
- POLLAK, L. M.; CORBETT, J. D. Using GIS datasets to classify maize-growing regions in Mexico and Central America. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 85, n. 6, p. 1133-1139, Nov. 1993.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, Arlington, v. 15, n. 3, p. 469-485, Sept. 1959.
- RUNGE, E.C.A. Effects of rainfall and temperature interactions during the growing season on corn yield. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 60, n. 5, p. 503-507, Sept. 1968.

RUSSEL, W. K.; ESKRIDGE, D. A.; TRAVNICEK D. A.; GUILLEN-PORTAL, F. R. Clustering environments to minimize change in rank of cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 858-864, May 2003.

SAMONTE, S. O. P. B.; WILSON, L. T.; MCCLUNG, A. M.; MEDLEY, J. C. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 6, p. 2414-2424, Nov./Dec. 2005.

SETIMELA, P.; CHITALU, Z.; JONAZI, J.; MAMBO, A.; HODSON, D.; BÄNZIGER, M. Environmental classification of maize-testing sites in the SADC region and its implication for collaborative maize breeding strategies in the subcontinent. **Euphytica**, Wageningen, v. 145, n. 1/2, p. 123-132, Sept. 2005.

TERASAWA JÚNIOR., F.; VENCOVSKY, R.; KOEHLER, H. Environment and genotype genotype-environment interaction in maize breeding in Paraná, Brazil. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 1, p. 17-22, Dec. 2008.

TOLER, J. E. **Patters of genotypic performance over environmental arrays**. Clemson: Clemson University, 1990. 154 p. Thesis (Ph. D.) – Clemson University.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.14, n.2, maio 1992.

WEI, J.; LÖFFLER, C.M.; PETERSON, R.; DORMAM, P. Validation of CERESMaize simulation model for hybrid performance prediction using site specific observations. In: ASA, CSSA e SSSA INTERNATIONAL ANNUAL MEETINGS, 2002, Madison. **Abstract...**Madison: WI, 2002. 1 CD-ROOM.

WHITE, J.W.; CORBETT, J.D.; DOBERMAN, N. Insufficient geographic characterization and analysis in the planning, execution and dissemination of agronomic research. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 76, n. 1, p. 45-54, June 2002.

WRICKE, G.; WEBER, W.E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: W. de Gruyter, 1986. 406p.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, May/June 2000.

YAN, W., KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643–655, Mar./Apr. 2007.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 80, n. 3, p. 388-393, May 1988.

CAPÍTULO 2

USO DOS MÉTODOS AMMI E GGE BILOT PARA AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO E ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL

O capítulo 2 será transcrito em formato de artigo e encaminhado para submissão ao Periódico Científico **Pesquisa Agropecuária Brasileira** com o seguinte título:

Uso dos métodos AMMI e GGE biplot para avaliação de híbridos de milho e estratificação ambiental.

Rogério Lunezzo de Oliveira⁽¹⁾, Renzo Garcia Von Pinho⁽²⁾, Márcio Balestre⁽¹⁾ e Denys Vitor Ferreira⁽¹⁾

⁽¹⁾Departamento de Biologia, ⁽²⁾Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras, Caixa Postal 3.037, CEP 37.200-000. Lavras, MG. E-mail: rlunezzo@yahoo.com.br, renzo@ufla.br, marciobalestre@hotmail.com, denysgeneze@yahoo.com.br

1 Resumo

O objetivo desse trabalho foi avaliar a estabilidade, adaptabilidade e estratificação ambiental, por meio dos métodos AMMI e GGE biplot, utilizando dados de ensaios de avaliação de híbridos de milho, e comparar a eficiência destes métodos. Para isso, utilizaram-se dados obtidos da avaliação de vinte e três híbridos de milho em onze locais e duas safras agrícolas, 2005/2006 e 2006/2007. Os dados foram submetidos primeiro às análises de variância e, em seguida, às análises de adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental por meio dos métodos AMMI e GGE biplot. O híbrido 15 foi o mais produtivo. Porém, os híbridos 10 e 16 foram os que apresentaram a melhor combinação entre adaptabilidade e estabilidade, considerando a análise dos gráficos AMMI2 e GGE biplot respectivamente. A estratificação promoveu uma redução de até 28% no número de locais. O GGE biplot captou uma porção maior da soma de quadrados de (G)+(GxA), comparado ao modelo AMMI1, com um gráfico mais eficiente e de fácil interpretação, quando comparado ao gráfico AMMI2. Pelos resultados obtidos conclui-se que é possível reduzir o número de locais de avaliação, e que a análise GGE biplot foi mais eficiente que a análise AMMI.

Termos para indexação: Zea mays, interação genótiposxambientes, análise de componentes principais.

The use of AMMI and GGE biplot methods for evaluation of maize hybrids and environmental stratification.

2 Abstract

The objective of this work was to evaluate the stability, adaptability and environmental stratification analyses, through the AMMI and GGE biplot methods, using trials data from maize hybrids evaluations, and to compare the efficiency of these methods. For that, data obtained from the evaluation of twenty-three maize hybrids in eleven sites and two agricultural harvests, 2005/2006 and 2006/2007, were used. The data were submitted, first, to variance analyses and following that, to the adaptability, stability and environmental stratification analyses, through the AMMI and GGE biplot methods. Hybrid 15 was the highest yielding. However, hybrids 10 and 16 were those that presented the best combination between adaptability and stability, considering the analysis of the AMMI2 and GGE biplot graphs respectively. The stratification promoted a reduction of up to 28% in the number of locals. The GGE biplot captured a larger portion of the sum of the squares of (G)+(GxA) compared to the AMMI1 model, with a more efficient and of easy interpretation graph, when compared to the AMMI2 graph. By checking the results it is concluded that it is possible to reduce the number of evaluation sites, and that the GGE biplot analysis was more efficient than the AMMI.

Index Terms: Zea mays, genotypes by environments interaction, principal components analysis.

3 Introdução

A interação genótipos por ambientes (GxA) dificulta a identificação de genótipos superiores tanto na seleção quanto na recomendação de cultivares, pois, na sua presença, os genótipos apresentam comportamento diferenciado nos ambientes avaliados, ou seja, há a possibilidade de os melhores genótipos em um determinado ambiente não o serem em outros.

Nos programas de melhoramento de milho, os genótipos são submetidos a diferentes ambientes e a interação GxA tem papel importante na manifestação fenotípica. Assim, essa interação deve ser estimada para avaliar o seu efeito tanto nas fases de avaliação quanto de recomendação desses genótipos. A interação GxA pode ser reduzida utilizando-se cultivares específicas para cada ambiente ou usando cultivares com ampla adaptabilidade e boa estabilidade ou estratificando a região considerada em sub-regiões com características ambientais semelhantes, dentro das quais a interação passa a ser não significativa (Allard & Bradshaw, 1964; Ramalho et al., 1993).

Existem várias metodologias para avaliação da interação GxA. No entanto, os métodos de maior uso são os baseados em regressão simples e múltipla, tais como os apresentados por Finlay & Wilkinson (1963) e Eberhart & Russell (1966). Observa-se na literatura (Zobel et al., 1988; Duarte & Zimmerman, 1994) que esses métodos não têm sido satisfatórios na explicação do comportamento de determinados genótipos.

Apesar do emprego generalizado, os métodos baseados em regressão possuem limitações que têm sido freqüentemente relatadas na literatura. Crossa (1990) argumenta que a análise de regressão linear não é informativa se a linearidade falha, é altamente dependente do grupo de genótipos e ambientes incluídos, e tende a simplificar modelos de resposta, explicando a variação causada pela interação em uma única dimensão, quando na realidade ela pode ser bastante complexa. Acrescenta-se aqui o fato de esses procedimentos, em

geral, não informarem sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas), dificultando explorar vantajosamente os efeitos da interação. Crossa (1990) sugere que a aplicação de métodos multivariados pode ser útil para melhor explorar as informações contidas nos dados. Recomenda, então, técnicas como a análise de componentes principais (ACP), a análise de agrupamentos e o procedimento AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), que estão ganhando grande aplicabilidade nos últimos anos. Uma detalhada descrição da metodologia AMMI é encontrada em Gauch (1992), Ebdon & Gauch (2002) e Duarte & Vencovsky (1999).

Uma das vantagens do método AMMI é a representação num único gráfico, denominado biplot, dos efeitos de interação para cada genótipo e cada ambiente. O modelo AMMI tem sido utilizado também para estratificação ambiental, sendo que a estratificação com base nos genótipos vencedores tem sido mais eficiente que outros métodos de estratificação (Pacheco, 2004).

Recentemente, uma modificação da análise AMMI convencional, proposta por Yan et al. (2000), denominada de GGE biplot, tem sido utilizada para estudo da interação $G \times A$. A análise GGE agrupa o efeito de genótipo, que é um efeito aditivo na análise AMMI, com a interação $G \times A$, efeito multiplicativo e submete estes efeitos a um modelo multiplicativo de regressão para locais (SREG - *Sites Regression*). A principal vantagem dessa técnica em relação à análise AMMI, reside no fato de que o método GGE biplot explica sempre uma parcela intermediária da soma de quadrados de genótipos (G) + interação ($G \times A$) em relação aos modelos AMMI1 (com um componente principal) e AMMI2 (com dois componentes principais), tornando a representação gráfica mais acurada que o modelo AMMI1 e de maior praticidade que o modelo AMMI2, além de apresentar, no mesmo biplot, uma estratificação ambiental baseada nos genótipos vencedores, semelhante à do modelo AMMI (Yan et al., 2000).

Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a estabilidade, adaptabilidade e estratificação ambiental, por meio dos métodos AMMI e GGE biplot, utilizando dados de ensaios de avaliação de híbridos de milho, e comparar a eficiência destes métodos.

4 Material e Métodos

Foram utilizados dados de produtividade de grãos provenientes de ensaios finais de avaliação de híbridos de milho, cedidos pela empresa Monsanto. Os ensaios foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados, com três repetições na safra 2005/2006 e duas repetições na safra 2006/2007. Os experimentos foram conduzidos em onze localidades, nas duas safras agrícolas, totalizando vinte e dois ambientes, distribuídos entre os estados de Minas Gerais, São Paulo, Paraná, Goiás, Mato Grosso do Sul, Bahia e Distrito Federal (Tabela 1). As parcelas foram constituídas de quatro fileiras de 5,0m, sendo que a área útil da parcela foi de 7,5 m². Foram avaliados 23 híbridos, cuja descrição não foi fornecida pela empresa. Por esse motivo, os híbridos foram identificados por número de 1 a 23.

Para avaliação da variabilidade genética entre os tratamentos (híbridos) e da precisão experimental, foi realizada análise de variância para cada ambiente (análises individuais). Antes de realizar a análise conjunta, foi testada a homogeneidade das variâncias residuais, através da relação entre o maior e o menor quadrado médio residual (QMR) das análises individuais, conforme proposto por Cruz & Regazzi (1997). Em seguida realizou-se uma análise conjunta, conforme Ramalho et al. (2000), considerando os efeitos de genótipo e ambiente como fixos. As análises de variância foram realizadas por meio do pacote computacional SAS v 8.0 (SAS Institute, 2000).

Uma vez constatada a presença de interação GxA (teste F significativo), procedeu-se à análise de estabilidade, que permite mensurar a adaptação e a

estabilidade produtiva de cada híbrido sob teste. Tal avaliação foi feita utilizando os métodos AMMI e GGE biplot com o objetivo de comparar a eficiência destes métodos. A análise AMMI foi realizada por meio do software Estabilidade, desenvolvido por Ferreira & Zambalde (1997), enquanto que a análise GGE biplot foi realizada por meio do pacote computacional SAS v 8.0 (SAS Institute, 2000), utilizando um programa escrito por Burgueño et al. (2001).

A análise AMMI segundo Zobel et al. (1988), combina em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos (g_i) e de ambientes (a_j), e componentes multiplicativos para o efeito da interação GxA (ga_{ij}). Nesse modelo, além dos termos convencionais de um modelo de análise conjunta de variância, como média geral, efeito de genótipos, ambiente e erro experimental, os demais termos resultam da análise de componentes principais (ACP) aplicada a matriz de interações. Assim, o modelo que descreve a produtividade média de um genótipo i num ambiente j foi dado por:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + r_{ij} + \varepsilon_{ij},$$

em que: \bar{Y}_{ij} é a produtividade média do genótipo i no ambiente j , μ é a produtividade média geral, g_i é o efeito do genótipo i , a_j é o efeito do ambiente j , λ_k é o k -ésimo autovalor do eixo da (ACP), γ_{ik} é o escore do i -ésimo genótipo no eixo k da (ACP), α_{jk} é o escore do j -ésimo ambiente no eixo k da (ACP), r_{ij} é o desvio da interação não explicado pelos componentes principais retidos (porção ruído), n é o número de eixos ou de componentes principais retidos para descrever o padrão da interação GxA, ε_{ij} é o erro experimental médio associado à observação, assumido como independente $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$.

Dependendo do número n de termos (eixos ou componentes principais) retidos para descrever o padrão da interação, o modelo é denotado por AMMI0,

AMMI1, ..., AMMI n . Em AMMI0, nenhum eixo é ajustado, em AMMI1 ajusta-se apenas o primeiro eixo de interação, e assim por diante até AMMI n que é o modelo onde todos os componentes principais são ajustados (Duarte & Vencovsky, 1999).

Para a escolha do modelo AMMI, foi adotado o critério “posdictivo” através do teste F_R proposto por Cornelius et al. (1992). A estatística F_R , sob a hipótese nula de que não haja mais do que n termos determinando a interação, tem uma distribuição F aproximada com f_2 graus de liberdade e $GL_{\text{Erro médio}}$. Sob esta hipótese, o numerador da expressão apresentada a seguir ($SQ_{G \times A}$ para o resíduo AMMI) é, aproximadamente, uma variável qui-quadrado (Piepho, 1995).

$$F_{R,n} = (SQ_{G \times A} - \sum_{k=1}^n \lambda_k^2) / (f_2 QM_{\text{Erro médio}}) ; \text{ com: } f_2 = (g - 1 - n) (a - 1 - n),$$

em que: $SQ_{G \times A}$ é a soma de quadrados da interação $G \times A$, $\sum_{k=1}^n \lambda_k^2$ é o somatório dos autovalores dos n primeiros componentes principais ajustados, g é o número de genótipos avaliados, a é o número de ambientes e n é o número de componentes principais ajustados.

Assim, um resultado significativo pelo teste sugere que pelo menos um termo multiplicativo ainda deve ser adicionado aos n já ajustados. Logo, F_R pode ser visto como um teste para a significância dos $n+1$ primeiros termos da interação (similar ao teste de falta de ajuste em regressão linear). Observa-se que para $n=0$ (quando nenhum termo multiplicativo é ajustado) o teste é equivalente ao F para a interação $G \times A$ global, na análise de variância conjunta, que é um teste exato. Nota-se também que os graus de liberdade do numerador de F_R é igual aos graus de liberdade para toda a interação menos os graus de liberdade atribuídos por Gollob (1968) para os n primeiros termos. Conclui-se, portanto, que a aplicação de F_R é equivalente ao teste do resíduo AMMI para interação $G \times A$.

A interpretação da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e ambientes foi feita com base na análise gráfica biplot - AMMI. Segundo Duarte & Vencovsky (1999), o termo biplot refere-se a um tipo de gráfico contendo duas categorias de pontos ou marcadores, um referindo-se a genótipos e outro a ambientes.

A interpretação do biplot, quanto à interação GxA é feita observando, para o(s) eixo(s) de interação, a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes. Assim, escores baixos (próximos de zero) representam genótipos e ambientes que contribuirão pouco para a interação e são caracterizados como estáveis. Num biplot AMMI2, genótipos e ambientes estáveis (com pequena contribuição para a SQ_{GxA}) serão aqueles cujos pontos situam-se próximos à origem, ou seja, com escores praticamente nulos para os dois componentes principais de interação (IPCA1 e IPCA2).

Para realizar a estratificação dos ambientes foi utilizada a metodologia AMMI com abordagem nos genótipos vencedores, como proposto por Gauch (1992) e Gauch & Zobel (1997). Na realização deste estudo os agrupamentos foram obtidos por meio das estimativas de interação dos modelos AMMI1 e AMMI2. Assim, os estratos foram definidos pelo genótipo vencedor. Neste contexto, cada genótipo com uma ou mais vitórias, ou seja, o genótipo com as maiores médias de produtividade em um ou mais ambientes determina um estrato ambiental.

As estimativas de produtividade (produtividade nominal) de cada genótipo, vencedor ou não, para o modelo AMMI1 em cada ambiente foram obtidas por meio da equação:

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_i + (IPCA1_i \times IPCA1_j),$$

em que: \hat{Y}_{ij} é a média do genótipo i sobre todos os ambientes, \bar{Y}_i é a média do i -ésimo genótipo na matriz de interação, $IPCA1_i$ e $IPCA1_j$ são os escores do genótipo i e do ambiente j no primeiro eixo da interação ($IPCA1$).

Dessa forma, a produtividade de cada genótipo em cada ambiente \hat{Y}_{ij} pode ser representada por uma função linear simples (linha reta) do escore ambiental $IPCA1_j$, com intercepto \bar{Y}_i e inclinação igual ao escore genotípico ($IPCA1_i$). O ponto de cruzamento entre duas dessas linhas, quando referentes a dois genótipos vencedores, define uma transição entre estratos. Esse ponto de cruzamento equivale a um escore de ambiente que faz com que a diferença entre as estimativas \bar{Y}_i obtidas pelas equações dos dois genótipos vencedores seja igual a zero (Pacheco, 2004). A estratificação com base no modelo AMMI2 foi realizada conforme descrito por Pacheco (2004).

Com o objetivo de verificar a eficiência do método SREG 2, denominado por Yan et al. (2000) como GGE biplot (*Genotype and Genotypes by Environments Interaction*), em explicar o efeito de genótipos (G) + interação (GxA) em relação à análise AMMI, realizou-se a análise GGE por meio do pacote computacional SAS v 8,0 (SAS Institute, 2000) considerando o modelo simplificado para dois componentes principais:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu_j = \lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1} + \lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2} + \rho_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij},$$

em que: \bar{Y}_{ij} é a média de produtividade do cultivar i no ambiente j , μ_j é a média do ambiente j , $\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$ é o primeiro componente principal (PCA1), do efeito de genótipos (G) + interação (GxA), $\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$ é o segundo componente principal (PCA2), do efeito de genótipos (G) + interação (GxA), λ_1 e λ_2 são os autovalores associados ao PCA1 e ao PCA2, γ_{i1} e γ_{i2} são os escores do PCA1 e do PCA2, respectivamente, para genótipos, α_{j1} e α_{j2} são os escores do PCA1 e

do PCA2, respectivamente, para ambientes, ρ_{ij} é o resíduo da interação genótipo x ambiente, também conhecido por ‘ruído’, correspondente aos componentes principais não retidos no modelo e $\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o residual do modelo com distribuição normal, com média zero e variância σ^2/r (onde σ^2 é a variância do erro entre parcelas para cada ambiente e r é o número de repetições).

O gráfico GGE biplot é construído a partir dos dados da decomposição das médias empíricas, apresentando graficamente qual é o genótipo com melhor desenvolvimento (Yan et al., 2000). Para analisar as respostas, é feito um polígono unindo os pontos dos genótipos mais afastados da origem em cada quadrante, sendo que todos os outros genótipos estarão incluídos dentro do polígono formado. Posteriormente, é traçada uma perpendicular para cada lado do polígono com relação à origem e, assim, os ambientes e genótipos são separados em setores. Cada setor representa um estrato ambiental, no qual, o genótipo localizado no vértice do polígono, representa o genótipo campeão para este setor ou estrato ambiental. Os genótipos em cada setor são os que apresentam o melhor desenvolvimento nos ambientes incluídos naquele setor.

As interpretações do gráfico “biplot” são feitas segundo a direção e longitude dos vetores. As médias empíricas para os genótipos (\bar{Y}_{ij}) são explicadas pelos escores referentes aos genótipos, no seguinte sentido: no gráfico biplot, quanto maior for o valor do escore do primeiro componente principal (PCA1), maiores são as médias dos genótipos, e se o segundo componente principal (PCA2) está próximo de zero, os genótipos são considerados como mais estáveis.

O gráfico biplot também pode indicar a existência de um ambiente ideal, dado por aquele que tem, no primeiro componente principal (PCA1), um escore alto, apresentando alta capacidade para discriminar os genótipos. Além disso, se

o segundo componente principal (PCA2) for próximo de zero, isso indica que o ambiente proporciona a maior produtividade média.

5 Resultados e Discussão

Após as análises de variância individual, foi obtida a relação entre o maior e o menor quadrado médio residual, que foi de 4,2. Portanto, pode-se inferir que as variâncias residuais são homogêneas e a análise conjunta adequada, pois este valor foi inferior a sete, conforme foi considerado por Cruz & Regazzi (1997). A partir da análise conjunta (Tabela 2), foi constatado que a fonte de variação Genótipos foi significativa a 1% de probabilidade no conjunto dos 22 ambientes. Essa alta significância foi verificada, também, para ambientes, de onde se infere que o conjunto foi composto por ambientes distintos. Para a interação GxA, foi verificada alta significância ($p < 0,01$), o que indica que os genótipos apresentaram respostas diferenciadas em cada ambiente de avaliação. O coeficiente de variação da análise conjunta foi de 9,85%, demonstrando uma alta precisão experimental do conjunto de ensaios.

Para a escolha do modelo AMMI, foi adotado o critério “posdictivo” através do teste F_R de Cornelius et al. (1992), que testa o resíduo (ruído) de cada componente principal (IPCA) para a seleção de modelos mais preditivos e parcimoniosos. O critério preditivo de seleção de modelos por validação cruzada não foi adotado nesta análise, devido ao baixo número de repetições por ambiente na segunda safra (2006/2007). Segundo Taye et al. (2000) e Ortiz et al. (2001), com apenas duas repetições, não é possível utilizar a seleção preditiva do melhor modelo AMMI por validação cruzada.

Os resultados da análise AMMI (Tabela 3) mostram que o modelo AMMI2 foi altamente significativo e o seu resíduo também foi altamente significativo. Isso indica que há a necessidade de acrescentar mais componentes principais ao modelo para capturar o padrão dos dados. No entanto, para a

análise gráfica através do biplot AMMI, foram utilizados os escores dos dois primeiros componentes principais, pois com três ou mais componentes principais, a interpretação gráfica se torna impraticável.

Os dois primeiros componentes principais do modelo AMMI explicaram juntos, 34,02% da $SQ_{G \times A}$ (Tabela 3). Segundo Zobel et al. (1988), a regressão linear explica, na maioria das vezes, apenas uma pequena porção da $SQ_{G \times A}$. Os autores relataram que enquanto a análise AMMI explicou 71% $SQ_{G \times A}$, a análise pela regressão linear de Finlay & Wilkinson (1966) só o fez para 7,9%. Pereira & Costa (1998), comparando a estabilidade de produção de genótipos de batata, observaram que o modelo AMMI1 explicou 44,6% da $SQ_{G \times A}$, enquanto que a regressão linear explicou somente 19,5% desta soma de quadrados. Dessa forma, a explicação obtida pelos dois primeiros componentes principais da análise AMMI, neste trabalho, foi superior à explicação obtida pelos métodos baseados em regressão linear nos trabalhos citados.

A presença significativa de ruídos na $SQ_{G \times A}$, que é demonstrada pela significância do teste de F_R na Tabela 3, pode ser decorrente da variabilidade ambiental, o que contribui para diminuir o padrão adjacente à interação $G \times A$ nos primeiros eixos da análise de componentes principais. Annicchiarico (1997) relata que ambientes localizados em regiões tropicais são mais propensos à ocorrência de estresses ambientais.

Observa-se que os híbridos 1, 2, 4, 6, 10, 12 e 13 destacaram-se por apresentarem pontos próximos à origem do biplot AMMI2 (Figura 1). Isso indica que estes híbridos são os que menos contribuíram para a interação, sendo portanto os mais estáveis. No entanto, estes híbridos não foram os mais produtivos (Tabela 4).

Considerando o desempenho médio dos híbridos, em ordem decrescente de produtividade, estão os híbridos 15 ; 11 e 18 ; 16, 19 e 10 (Tabela 4). Desse modo, o melhor híbrido nos ambientes avaliados, considerando a adaptabilidade

e estabilidade, é o híbrido 10, pois está em terceiro lugar quanto à produtividade, e foi mais estável que os híbridos mais produtivos (Figura 1). Em contrapartida, os híbridos 3, 5, 7, 8, 12, 14, 15, 18, 22 e 23 representam os híbridos que mais contribuíram para a interação GxA, pois são os mais distantes da origem do biplot.

A estratificação ambiental com base nos genótipos vencedores, por meio do modelo AMMI1, dividiu os ambientes em dois grupos (Figura 2). No grupo 1 o genótipo vencedor foi o híbrido 18, sendo este grupo formado por cinco ambientes: Brasília (05/06), Chapadão do Sul (05/06), Iraí de Minas (05/06), Rio Verde (05/06) e Uberaba (05/06). No grupo 2 o genótipo vencedor foi o híbrido 15, sendo este grupo formado por dezessete ambientes: Barreiras (05/06 e 06/07), José Bonifácio (05/06 e 06/07), Passos (05/06 e 06/07), Presidente Olegário (05/06 e 06/07), Rolândia (05/06 e 06/07), Três Corações (05/06 e 06/07), Brasília (06/07), Chapadão do Sul (06/07), Iraí de Minas (06/07), Rio Verde (06/07) e Uberaba (06/07).

O grupo 1 foi composto por apenas uma safra de cinco locais. Porém, destes cinco locais, três (Brasília, Chapadão do Sul e Iraí de Minas) apresentaram escores ambientais do IPCA1 muito próximos. Isso indica que estes locais interferem de forma similar sobre o comportamento genotípico em geral, podendo ser utilizado apenas um destes locais no grupo. Desta forma, o grupo ficou composto dos seguintes locais: Chapadão do Sul, Rio Verde e Uberaba. No grupo 2, os dezessete ambientes que compõem o grupo estão distribuídos nos onze locais, dos quais seis estão presentes nas duas safras (Barreiras, José Bonifácio, Passos, Presidente Olegário, Rolândia e Três Corações). Porém, Barreiras e Presidente Olegário apresentaram escores ambientais do IPCA1 muito próximos, nas duas safras. Dessa forma, apenas cinco locais formaram o grupo 2, sendo estes: José Bonifácio, Passos, Presidente Olegário, Rolândia e Três Corações.

Considerando o modelo AMMI2, foram formados três grupos. No grupo 1 o genótipo vencedor foi o híbrido 15, sendo este grupo formado por quatorze ambientes: Barreiras (05/06), Brasília (05/06 e 06/07), Iraí de Minas (05/06), José Bonifácio (05/06 e 06/07), Passos (05/06 e 06/07), Presidente Olegário (05/06), Rio Verde (06/07), Três Corações (05/06 e 06/07) e Uberaba (05/06 e 06/07). No grupo 2 o genótipo vencedor foi o híbrido 18, sendo este grupo formado por quatro ambientes: Chapadão do Sul (05/06), Rio Verde (05/06), Rolândia (05/06) e Iraí de Minas (06/07). No grupo 3 o genótipo vencedor foi o híbrido 20, sendo este grupo formado por quatro ambientes: Barreiras (06/07), Chapadão do Sul (06/07), Presidente Olegário (06/07) e Rolândia (06/07).

Considerando o grupo 1, os quatorze ambientes que compõem o grupo estão distribuídos em nove locais, dos quais cinco estão presentes nas duas safras (Brasília, José Bonifácio, Passos, Três Corações e Uberaba). Porém, Brasília e Uberaba, apresentaram escores próximos nos dois componentes principais (IPCA1 e IPCA2), nas duas safras, isso indica que estes locais interferem de forma similar sobre o comportamento genotípico em geral, podendo ser utilizado apenas um destes locais no grupo (Figura 1). Dessa forma, apenas quatro locais permaneceram no grupo 1, sendo estes: Brasília, José Bonifácio, Passos e Três Corações. O grupo 2 foi composto por apenas uma safra de quatro locais. Sendo assim, este grupo ficou composto dos seguintes locais: Chapadão do Sul, Rio Verde, Rolândia e Iraí de Minas. O grupo 3 também foi composto por apenas uma safra de quatro locais, sendo que um deles (Chapadão do Sul), já compõe o grupo 2. Destes três locais restantes que compõem o grupo, dois apresentaram escores muito próximos nos dois componentes principais (IPCA1 e IPCA2). Por esta razão, apenas um destes locais permaneceu no grupo 3. Dessa forma o grupo 3 ficou composto apenas por Barreiras e Presidente Olegário.

Após a análise de estratificação ambiental com base nos genótipos vencedores, utilizando o modelos AMMI1 e AMMI2, verifica-se que o modelo AMMI2 apresentou um grupo a mais que o modelo AMMI1. Esses resultados concordam com os resultados obtidos por Maranhã (2005) na cultura do algodoeiro, no qual obteve-se um aumento no número de estratos formados quando se utilizou o modelo AMMI2, em duas das três safras analisadas. Em se tratando do número de locais avaliados, considerando os modelos AMMI1 e AMMI2, esses agrupamentos permitiram uma redução de 28% e 9%, respectivamente, no número de locais utilizados nos ensaios de avaliação de híbridos de milho. Resultados semelhantes foram obtidos por Pacheco (2004) e Maranhã (2005).

Essa redução no número de locais a serem utilizados em ensaios de avaliação futuros representa uma redução significativa no custo de obtenção de novos híbridos nos programas de melhoramento. Isto se deve ao fato da avaliação dos genótipos ser a etapa que demanda mais recursos do programa de melhoramento (Terasawa Júnior et al., 2008).

No método GGE biplot, foram apresentados os dois primeiros componentes principais (PCA1 e PCA2), derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipo (G) + interação (GxA). O primeiro componente principal (PCA1) indica a adaptabilidade dos genótipos, ou seja, é altamente correlacionada com a produtividade (Yan et al. 2000). Nesse sentido, pode-se observar que o híbrido 15 foi o mais adaptado aos ambientes de avaliação seguido dos híbridos 11, 18, 16 e 19 (Figura 3). O segundo componente principal (PCA2) indica a estabilidade fenotípica, ou seja, os genótipos com PCA2 mais próximos de zero seriam os genótipos mais estáveis (Yan et al. 2000). Assim, em ordem decrescente de estabilidade, os híbridos 6, 22, 16, 5, 12 e 3, apresentaram as maiores estabilidades (Figura 3). Analisando os dois componentes do gráfico, pode-se inferir que o melhor genótipo,

considerando adaptabilidade e estabilidade, foi o híbrido 16, pois esteve entre os mais estáveis e foi o terceiro híbrido mais produtivo (Tabela 4).

O GGE biplot também apresenta uma estratificação ambiental com base nos genótipos vencedores. Através da Figura 3 pode-se observar a formação de dois grupos de ambientes (também chamados de mega-ambientes), ou seja, ambientes delimitados por genótipos vencedores. Esses genótipos estão localizados nos vértices do polígono de linha seccionada azul e os mega-ambientes são separados por linhas seccionadas vermelhas, perpendiculares aos lados do polígono. Os híbridos 15 e 18 delimitam os mega-ambientes I e II respectivamente, ou seja, são os genótipos mais produtivos para os ambientes incluídos dentro de cada mega-ambiente.

O mega-ambiente I agrupou desesseis ambientes, distribuídos entre dez locais, dos quais, seis aparecem nas duas safras. Sendo assim, são recomendados, para futuros ensaios, estes seis locais: Iraí de Minas, José Bonifácio, Passos, Presidente Olegário, Rolândia e Três Corações.

O mega-ambiente II agrupou apenas seis ambientes: Brasília (05/06), Chapadão do Sul (05/06 e 06/07), Rio Verde (05/06), Uberaba (05/06) e Barreiras (06/07). Os ambientes Brasília (05/06), Chapadão do Sul (05/06) e Uberaba (05/06) foram plotados em pontos muito próximos. Sendo assim, destes três ambientes, foi mantido no mega-ambiente II somente Chapadão do Sul, pois este local apareceu neste mega-ambiente nas duas safras. O ambiente Barreiras (06/07) apresentou escores PCA1 e PCA2 próximos a zero, o que indica que este ambiente tem baixa capacidade de discriminar genótipos e baixa representatividade, respectivamente, portando pode ser excluído deste mega-ambiente (Yan et al., 2000). Após esta análise, dentro do mega-ambiente II, são recomendados para futuros ensaios, Chapadão do Sul e Rio Verde.

A composição dos grupos na estratificação realizada pelo método GGE biplot foi semelhante à obtida no modelo AMMI1. Deve-se salientar que,

somente com a continuidade desses estudos se poderá assegurar uma melhor caracterização dos grupos aqui identificados.

O GGE biplot, em se tratando do número de locais avaliados, permitiu uma redução de 28% no número de locais a serem utilizados em ensaios futuros, resultado igual ao obtido pelo método AMMI nesse trabalho. Quanto à eficiência da análise GGE biplot, esta conseguiu explicar 51,5% da soma de quadrados de (G) + (GxA), enquanto que o modelo AMMI1 explicou 48,5%. Essa superioridade da análise GGE biplot em relação ao modelo AMMI1 também foi observada em outros trabalhos (Yan et al. 2000, Ma et al. 2004 e Samonte et. al. 2005), porém com proporções de explicação maiores.

Considerando o modelo AMMI 2 para analisar a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos no mesmo gráfico, utilizando este modelo, é preciso montar um gráfico com três eixos (AMMI2 3D), sendo um eixo para a produtividade média, e os outros dois eixos constituem os dois componentes principais da interação (IPCA1 e IPCA2) (Pacheco et al., 2003). Dessa forma, a interpretação deste gráfico se torna complexa e de pouca praticidade e, por esse motivo, este gráfico não foi apresentado. Considerando a soma de quadrados de G + GxA, o modelo AMMI2(3D), explica 56,5%. O método GGE biplot explicou quase a mesma porção de G + GxA do modelo AMMI2(3D), em uma análise gráfica mais simples e prática.

Outra vantagem do GGE biplot em relação ao modelo AMMI1 é que os dois eixos do gráfico (PCA 1 e PCA 2) estão na mesma unidade, o que não ocorre com o modelo AMMI 1. Como resultado, a performance de um genótipo em um dado ambiente não pode ser visualizada com precisão no gráfico AMMI1, fato observado também no gráfico AMMI2 (3D). Logo, o gráfico do GGE biplot mostra não só a performance média e a estabilidade de cada genótipo, mas também a performance relativa de cada genótipo em cada ambiente (Yan et al., 2007).

6 Conclusões

1. É possível reduzir o número de locais para condução de ensaios futuros de avaliação de híbridos de milho.
2. O agrupamento obtido pelo método GGE biplot foi semelhante ao obtido pelo modelo AMMI1.
3. O método GGE biplot foi superior aos modelos AMMI1 e AMMI2 por explicar uma maior porção da soma de quadrados de $G + G \times A$, em relação ao modelo AMMI1, e por possuir uma análise gráfica mais simples e de maior praticidade, tanto para análise de adaptabilidade e estabilidade, quanto para estratificação ambiental.

7 Agradecimentos

Os autores agradecem à FAPEMIG pelo financiamento deste projeto, e também à empresa Monsanto do Brasil Ltda., na pessoa do Dr. Heyder Diniz Silva, pela concessão dos dados utilizados neste estudo.

8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, Sept. 1964.

ANNICCHIARICO, P. Joint regression vs AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. **Euphytica**, Wageningen, v. 94, n. 1, p. 53-62, Mar. 1997.

BURGUEÑO, J.; CROSSA, J.; VARGAS, M. **SAS programs for graphing GE and GGE biplots**. Biometrics and Statistics Unit, CIMMYT, INT. Mexico, 2001. 21p. Disponível em: <<http://www.cimmyt.org/biometrics/biplots.exe>>. Acesso em : 20 ago. 2008.

CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M.; CROSSA, J. Using the shifted multiplicative model to search for “separability” in crop cultivar trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v. 84, n. 1/2, p. 161-172, June 1992.

CROSSA, J. Statistical analysis of multilocations trials. **Advances in Agronomy**, Newark, v. 44, p. 55-85, Nov. 1990.

CRUZ, C. D., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 1997. 390 p.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução a análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. (Série Monografias, 9).

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. Adaptabilidade e estabilidade de rendimento de genótipos de feijoeiro comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 25-32, jan. 1994.

EBDON, J. S.; GAUCH, H. G. Additive Main Effect and Multiplicative Interaction Analysis of National Turfgrass Performance Trials: II. Cultivar Recommendations. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 497-506, Mar./Apr. 2002.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, Jan. 1966.

FERREIRA, D. F.; ZAMBALDE, A. L. Simplificação das análises de algumas técnicas especiais da experimentação agropecuária no Mapgen e softwares correlatos. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE INFORMÁTICA APLICADA À AGROPECUÁRIA E À AGROINDÚSTRIA, 1., Belo Horizonte, 1997. **Anais...** Belo Horizonte: SBI, 1997. p.285-291.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. **Australian Journal Agricultural Research**, Collingwood, v. 14, n. 6, p. 742-754, Nov./Dec. 1963.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials**: AMMI analysis of factorial designs. New York: Elsevier Science, 1992. 278p.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying Mega-Environments an targeting genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 311-326, Mar. 1997.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, Cambridge, v. 33, n. 1, p. 73-115, Jan. 1968.

MA, B. L., YAN, W.; DWYER, L. M.; FRÉGEAU-REID, J.; VOLDENG, H. D.; DION, Y.; NASS, H. Graphic Analysis of Genotype, Environment, Nitrogen Fertilizer, and Their Interactions on Spring Wheat Yield. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 96, p. 169-180, Jan. 2004.

MARANHA, F. G. C. B. **Estratificação ambiental para avaliação de genótipos de algodoeiro no estado de mato grosso**. Piracicaba, 2005. 79p. (Tese de Doutorado)–Escola Superior de Agricultura Luiz de Queirós.

ORTIZ, R.; MADSEN, S.; WAGOIRE, W. W.; HILL, J.; CHANDRA, S.; STOLEN, O. Additive mains effects and multiplicative interaction model for diallel-cross analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Stuttgart, v.103, n.6-7, p.1103-1106, May 2001.

PACHECO, R. M.; DUARTE, J. B.; ASSUNÇÃO, M. da S.; NUNES JÚNIOR, J.; CHAVES, A. A. P. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 33, n. 1, p. 23-27, jan. 2003.

- PACHECO, R. M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 170p. Tese (Doutorado em Agronomia)–Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO.
- PEREIRA, A. da S.; COSTA, D. M. da. Análise da estabilidade de produção de genótipos de batata no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 4, p.405-409, abr. 1998.
- PIEPHO, H.P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical Applied of Genetics**, Stuttgart, v. 90, n. 3-4, p. 438-443, Mar. 1995.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326 p.
- RUSSEL, W. K.; ESKRIDGE, D. A.; TRAVNICEK D. A.; GUILLEN-PORTAL, F. R. Clustering environments to minimize change in rank of cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 858-864, May 2003.
- SAMONTE, S. O. P. B.; WILSON, L. T.; MCCLUNG, A. M.; MEDLEY, J. C. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. **Crop Science**, Madison, v. 45, n.6, p. 2414–2424, Nov./Dec. 2005.
- SAS INSTITUTE. **SAS/STAT use's guide**. Cary, N.C.: SAS Institute, 2000.
- TAYE, G.; GETACHEW, T.; BEJIGA, G. AMMI adjustment for yield estimate and classification of genotypes and environments in field pea (*Pisum sativum* L.). **Journal of Genetics & Breeding**, Roma, v. 54, n. 3, p.183-191, July 2000.
- TERASAWA JR., F.; VENCOVSKY, R.; KOEHLER, H. Environment and genotype genotype-environment interaction in maize breeding in Paraná, Brazil. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 1, p. 17-22, Dec. 2008.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, May/June 2000.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P. L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-655, Mar./Apr. 2007.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 80, n. 3, p. 388-393, May 1988.

9 TABELAS

TABELA 1 Identificação e caracterização dos locais dos ensaios.

Nº de Referência	Locais	Safra	Latitude	Longitude	Altitude(m)
1	Barreiras-BA	2005/2006	12°12'00''S	45°00'00''W	452
2	Brasília-DF	2005/2006	15°48'00''S	47°54'00''W	1171
3	Chapadão do Sul-MS	2005/2006	18°48'00''S	52°37'12''W	790
4	Iraí de Minas-MG	2005/2006	18°58'48''S	47°27'36''W	951
5	José Bonifácio-SP	2005/2006	21°03'00''S	49°41'24''W	500
6	Passos-MG	2005/2006	20°42'36''S	46°36'00''W	800
7	Presidente Olegário-MG	2005/2006	17°34'48''S	46°24'36''W	947
8	Rio Verde-GO	2005/2006	17°48'00''S	50°54'00''W	715
9	Rolândia-PR	2005/2006	23°18'36''S	51°21'36''W	730
10	Três Corações-MG	2005/2006	21°43'12''S	45°14'24''W	960
11	Uberaba-MG	2005/2006	19°45'36''S	47°55'48''W	801
12	Barreiras-BA	2006/2007	12°12'00''S	45°00'00''W	452
13	Brasília-DF	2006/2007	15°48'00''S	47°54'00''W	1171
14	Chapadão do Sul-MS	2006/2007	18°48'00''S	52°37'12''W	790
15	Iraí de Minas-MG	2006/2007	18°58'48''S	47°27'36''W	951
16	José Bonifácio-SP	2006/2007	21°03'00''S	49°41'24''W	500
17	Passos-MG	2006/2007	20°42'36''S	46°36'00''W	800
18	Presidente Olegário-MG	2006/2007	17°34'48''S	46°24'36''W	947
19	Rio Verde-GO	2006/2007	17°48'00''S	50°54'00''W	715
20	Rolândia-PR	2006/2007	23°18'36''S	51°21'36''W	730
21	Três Corações-MG	2006/2007	21°43'12''S	45°14'24''W	960
22	Uberaba-MG	2006/2007	19°45'36''S	47°55'48''W	801

TABELA 2 Análise conjunta de variância da produtividade (kg/ha) de 23 híbridos de milho testados em 22 ambientes, nas safras 2005/2006 e 2006/2007.

FV	GL	QM	F	Pr>F
Genótipos (G)	22	21425460,19	23,73	0.0000
Ambientes (A)	21	112911230,78	125,06	0.0000
Bloco/ambiente	33	899645,52	1,00	0.4750
GxA	462	1970866,06	2,18	0.0001
Resíduo	726	902834,00		
Média (kg/ha)		9.649,7		
CV (%)		9,85		

TABELA 3 Análise de variância com desdobramento da interação GxA original pelo modelo AMMI, com as respectivas proporções da soma de quadrados da interação GxA acumulada em cada componente principal de interação da análise AMMI.

FV	GL	QM	F	Pr>F	F_R⁽¹⁾	Pr>F_R	%Prop. Ac.⁽²⁾
Interação(GxA)	462	1970866,06	2,18	0,000			
IPCA1	42	4743041,35	5,25	0,000	1,88	0,0000	21,88
IPCA2	40	2763497,84	3,06	0,000	1,75	0,0000	34,02
Resíduo	726	902834,00					

⁽¹⁾ Teste de F_R de Cornelius et al. (1992). ⁽²⁾ Proporção da soma de quadrados da interação GxA acumulada em cada componente principal de interação da análise AMMI .

TABELA 4 Média de produtividade (kg/ha) dos híbridos nos 22 ambientes avaliados.

Rank	Híbrido	Média (kg/ha)
1	15	11062 a
2	11	10554 b
3	18	10423 b
4	16	10246 c
5	19	10225 c
6	10	10192 c
7	23	10104 c
8	6	9979 d
9	20	9919 d
10	5	9732 d
11	8	9730 d
12	2	9566 e
13	14	9542 e
14	17	9504 e
15	9	9406 e
16	21	9375 e
17	13	9374 e
18	12	9360 e
19	4	9293 e
20	7	8852 f
21	22	8536 f
22	3	8525 f
23	1	8444 f

⁽¹⁾ Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

10 FIGURAS

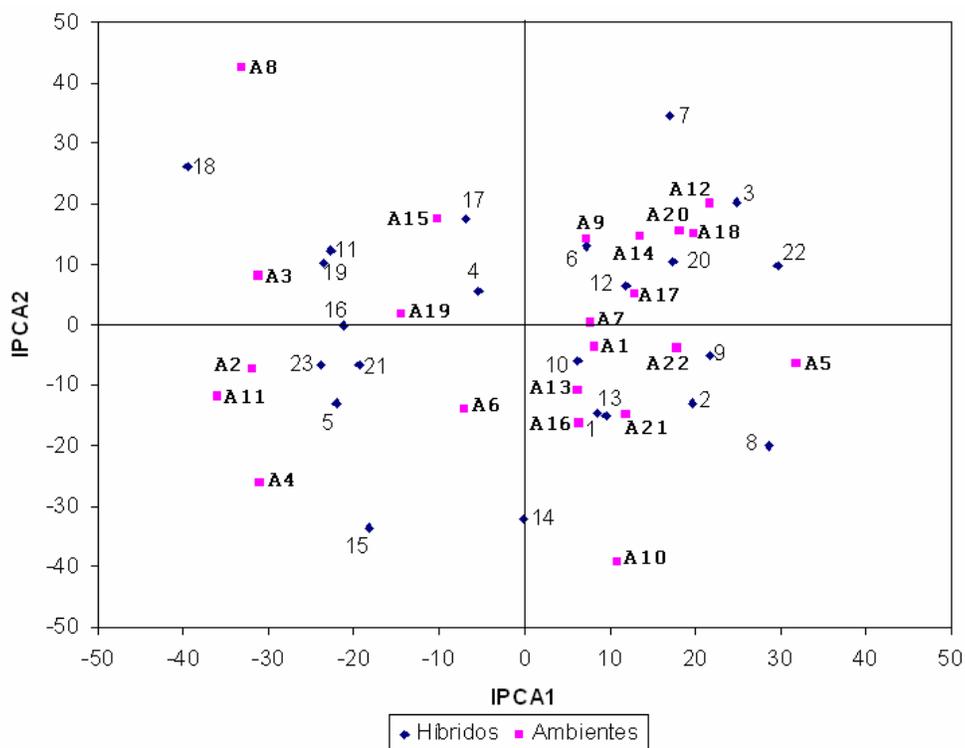


FIGURA 1 Biplot AMMI com os dois primeiros componentes principais de interação (IPCA1 e IPCA2), correspondente á representação de vinte e três genótipos e vinte e dois ambientes (números em negrito precedidos da letra A). A identificação dos ambientes, com os respectivos números de referência utilizados neste gráfico, estão na Tabela 1.

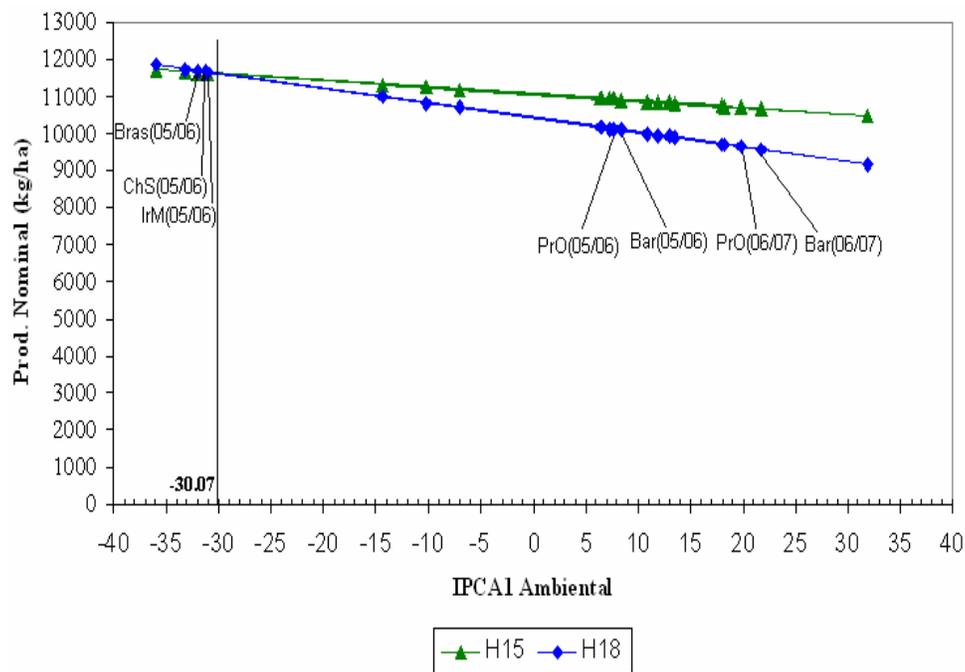


FIGURA 2 Estimativas de produtividade dos genótipos vencedores, expressas em função do escore AMMI1 dos ambientes (IPCA1j). O ponto de transição entre estratos corresponde ao escore ambiental -30,07. Os pontos identificados correspondem aos seguintes ambientes: Bras(05/06) – Brasília (05/06); ChS(05/06) – Chapadão do Sul (05/06); IrM (05/06) – Iraí de Minas (05/06); PrO(05/06) e (06/07) – Presidente Olegário (05/06) e (06/07); Bar(05/06) e (06/07) – Barreiras (05/06) e (06/07).

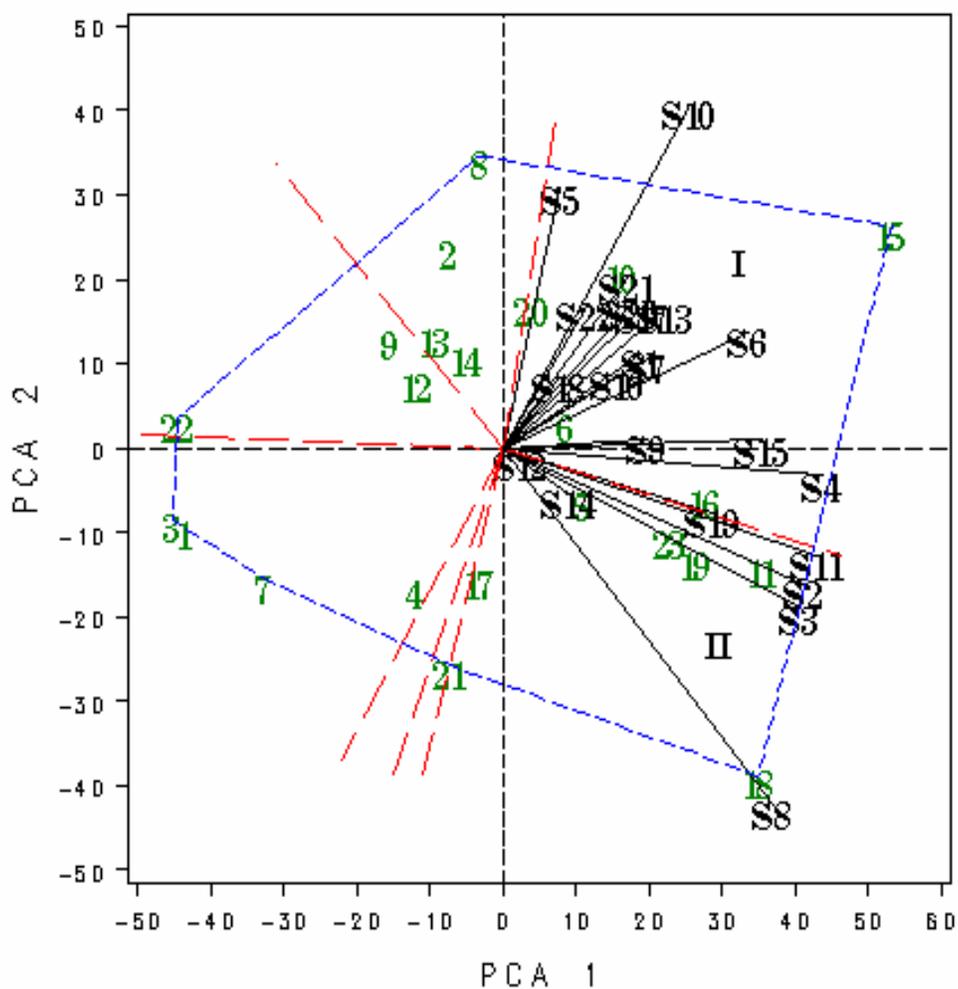


FIGURA 3 Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais de $G + G \times A$ (PCA1 e PCA2), correspondente à representação de vinte e três genótipos e vinte e seis ambientes (números precedidos da letra S). Os algarismos I e II, são usados para identificar os mega-ambientes I e II. A identificação dos ambientes, com os respectivos números de referência utilizados neste gráfico, estão na Tabela 1.