



**DIEYKSON NOSLIN ANTUNES CABRAL**

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOSX  
CORTES EM UM PROGRAMA  
REGIONALIZADO DE CANA-DE-AÇÚCAR**

**LAVRAS – MG**

**2016**

**DIEYKSON NOSLIN ANTUNES CABRAL**

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO CLONES X CORTES NA SELEÇÃO  
DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR DE UM PROGRAMA  
REGIONALIZADO**

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

Orientador  
Dr. José Airton Rodrigues Nunes

**LAVRAS – MG  
2015**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Cabral, Dieykson Noslin Antunes.

Implicações da interação clones por cortes na seleção de  
Genótipos de cana - de - açúcar de um programa regionalizado /  
Dieykson Noslin Antunes Cabral. – Lavras : UFLA, 2016.  
59 p. : il.

Dissertação (mestrado profissional) – Universidade Federal de  
Lavras, 2015.

Orientador: José Airton Rodrigues Nunes.  
Bibliografia.

1. AMMI1. 2. Interação genótipos x ambientes. 3. *Saccharum  
spp.* 4. Sugarcane. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

**DIEYKSON NOSLIN ANTUNES CABRAL**

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO CLONES X CORTES NA SELEÇÃO  
DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR DE UM PROGRAMA  
REGIONALIZADO**

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

APROVADA em 28 de Julho de 2015.

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves      UFLA

Dr. Adriano Teodoro Bruzi                      UFLA

Dr. José Airton Rodrigues Nunes  
Orientador

**LAVRAS - MG**

**2015**

À MINHA ESPOSA JULIANA MASTRELA, POR DIVIDIR COMIGO SEUS DIAS, PELO CONSTANTE INCENTIVO, PACIÊNCIA E COMPANHEIRISMO. AOS MEUS PAIS, JOSÉ NILSON E SUELY ANTUNES, PELO INCENTIVO, EXEMPLO DE RESPEITO E POR TEREM ME ENSINADO QUE TUDO É POSSÍVEL AOS QUE NUNCA DESISTEM.

ÀS MINHAS FILHAS, MARIA LUIZA (PIPOCA) E MARIA CLARA (CLARINHA), POR EXISTIREM E TORNAREM TODOS OS DIAS DE MINHA VIDA ESPECIAIS.

DEDICO

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Deus pela força e por ter colocado pessoas tão boas no meu caminho.

À minha esposa, Juliana Mastrela e filhas, Maria Luiza e Maria Clara que me apoiaram nos momentos de ausência.

A Meu Orientador, Prof. José Airton Rodrigues Nunes, pelos ensinamentos.

Ao Centro de Tecnologia Canavieira-CTC, por me oferecer esta oportunidade.

À Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Mestrado Profissional.

Aos seguintes grupos que apoiam a pesquisa e promovem de forma atuante, o crescimento deste país:

- Grupo Pedra, Unidade Ipê
- Grupo Coruripe, Unidade Iturama
- Usina Santa Adélia
- Grupo Raízen, Unidade Gasa
- Grupo Reduza, Unidade MADHU
- Usina Araporã
- Grupo São Martinho- Unidade Nova Fronteira
- Grupo Otávio Lage- Unidade Jalles Machado

Aos pesquisadores, Thiago Otávio Mendes de Paula e Arnaldo José Raizer, pelo apoio ao Projeto e por acreditarem em meu potencial.

Aos pesquisadores, Adalberto Moreira, José Leonel e Carlos Roberto Rubio, por me ensinarem que a dedicação é o principal combustível para alcançarmos os resultados.

## RESUMO

A interação genótipos por ambientes existente em cana-de-açúcar dificulta a identificação de genótipos superiores nas fases finais dos programas de melhoramento genético. Neste âmbito, os estudos são realizados para que sejam melhor elucidadas as interações existentes na cultura. Nestes estudos os métodos multivariados estão sendo vastamente utilizados em virtude de sua alta capacidade de capturar maior proporção dos efeitos estudados. Entre eles, o método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) tem se apresentado como uma boa ferramenta, pela sua fácil visualização gráfica dos genótipos superiores e correspondente estabilidade, além do agrupamento de megaambientes para fins de recomendação. Com o objetivo de identificar genótipos superiores, estáveis, megaambientes de recomendação e adaptação específica, além de interações inerentes à cultura, foram utilizados dados de TPH (toneladas de pol por hectare) das fases finais da série 2003 do Centro de Tecnologia Canavieira. Foram realizados dois cortes, o primeiro em cana planta, e o segundo em cana soca entre os anos de 2010 e 2011. A análise conjunta entre cortes foi significativa ao nível de 5% de probabilidade, para Ambientes (E), Genótipos (G) e Cortes (H), tanto quanto foi significativa para as interações GXE clássica, EXH, GXH e interação Tripla EXGXH, demonstrando grande diversidade na discriminação dos genótipos e dos ambientes, ao longo dos cortes. A média geral do ensaio foi 12,77 TPH (Toneladas de Pol há<sup>-1</sup>), e o CVE foi de 8,70%, a acurácia seletiva foi de 98,63% apresentando bons níveis de qualidade experimental. Os genótipos G4, G14 e G16 foram, estatisticamente, superiores aos padrões utilizados, porém não apresentaram boa estabilidade na média dos cortes pelo método AMMI. Houve adaptação específica entre os ambientes E7 e E5 com os genótipos G4 e G5, respectivamente. O agrupamento dos ambientes não foi concordante, ao longo dos cortes de forma geral, sendo exceção os ambientes E1 e E4 que apresentaram similaridades na discriminação dos genótipos.

Palavras-chave: AMMI. Interação genótipos x ambientes. *Saccharum spp.*

## ABSTRACT

The existing genotype by environment interaction in sugarcane makes difficult the identification of superior genotypes in the final stages of breeding programs. Besides, multivariate methods are widely used due to their high capacity to capture a greater proportion of studied effects for the existing interaction in this crop. Among these methods, the Additive Main Effects and Multiplicative Interaction (AMMI) has been found to be good tool due to its easy graphic display of superior genotypes, stability, as well as the mega-environments clustering for recommendation purposes. In this study, data about Pol Tons per Hectare (PTH) obtained in the final stages of the 2003 Serie of the Sugarcane Technology Center were used to identify superior genotypes, stable, mega-environments for recommendation, specific adaptation, as well as crop interactions. Two harvests were made between the years of 2010 and 2011, the first on plant sugarcane, and the second on the ratoon sugarcane. The combined analysis between harvests was statistically significant at 5% probability for the environment (E), genotype (G) and harvests (H), as well as for the following interactions: G×E, E×H, G×H and E×G×H; showing greater diversity in the genotypes and environments discrimination during harvests. The overall average was 12.77 PTH, the coefficient of variation was 8.70%, and the selective accuracy was 98.63%; showing great levels of experimental quality. The genotypes G4, G14 and G16 were statistically superior; however, they did not show good stability on the average of harvests. There was specific adaptation between the environment E7 with the genotype G4, as well as between E5 and G5. In general, the environments clustering was not consistent during harvests, with the exception of the environments E1 and E4, which showed similarities in the genotypes discrimination.

Key-words: AMMI. Genotype by environment interaction. *Saccharum* spp.

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 Representação gráfica dos escores do modelo AMMI1 versus as médias de 19 genótipos de cana-de-açúcar e dos 8 ambientes em primeiro corte (2009/2010) para o caráter toneladas de pol por hectare (TPH) .....41
- Figura 2 Representação gráfica dos escores do modelo AMMI1 versus as médias de 19 genótipos de cana-de-açúcar e dos 8 ambientes em segundo corte (2010/2011) para o caráter toneladas de pol por hectare (TPH) .....42
- Figura 3 Representação gráfica dos escores do modelo AMMI1 versus as médias de 19 genótipos de cana-de-açúcar e dos 8 ambientes na média dos dois cortes para o caráter toneladas de pol por hectare (TPH).....43
- Figura 4 Representação gráfica AMMI2 mostrando o primeiro e segundo eixo da interação (ACP1 X ACP2) para a variável TPH em colheita de primeiro corte de 19 genótipos avaliados em 8 ambientes na safra 2009/2010.....44
- Figura 5 Representação gráfica AMMI2 mostrando o primeiro e segundo eixo da interação(ACP1 X ACP2) para a variável TPH em colheita de segundo corte de 19 genótipos avaliados em 8 ambientes na safra 2010/2011.....45
- Figura 6 Representação gráfica AMMI2 mostrando o primeiro e segundo eixos da interação (ACP1XACP2) para a variável TPH conjunta de dois cortes de 19 genótipos avaliados em 8 ambientes na safra 2010/2011 .....46

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Unidades de plantio, codificação, classificação de solo, classificação ambiental, datas de plantio e datas de colheitas dos ensaios para a realização da análise de adaptabilidade e estabilidade.....	28
Tabela 2	Análises de variância individuais e conjunta para o carácter toneladas de pol por hectare para primeiro corte e segundo corte .....	34
Tabela 3	Médias dos Genótipos e Testemunhas (TPH há <sup>-1</sup> ) e médias dos ambientes (TPH há <sup>-1</sup> ) submetidos ao teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade em primeiro corte .....	35
Tabela 4	Médias dos Genótipos e Testemunhas (TPH há <sup>-1</sup> ) e médias dos ambientes (TPH há <sup>-1</sup> ) submetidos ao teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade em segundo corte .....	37
Tabela 5	Genótipos e Testemunhas (marcados com *) e médias ajustadas dos dois cortes (TPH há <sup>-1</sup> ), médias dos ambientes (TPH há <sup>-1</sup> ) e médias gerais dos genótipos .....	38

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	12
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	15
<b>2.1</b>	<b>A cana-de-açúcar, Origem, Aspectos Botânicos, Agronômicos e econômicos</b> .....	15
<b>2.2</b>	<b>A interação genótipos X ambientes (GxE) em cana-de-açúcar em função dos ciclos produtivos</b> .....	19
<b>2.3</b>	<b>Estudo da interação genótipos X ambientes (GxE) pela Abordagem AMMI</b> .....	23
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	28
<b>3.1</b>	<b>Experimentos</b> .....	28
<b>3.2</b>	<b>Análises estatísticas</b> .....	29
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	32
<b>5</b>	<b>CONCLUSÃO</b> .....	48
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	49

## 1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é cultivada em vários estados brasileiros numa ampla diversidade de solos e clima. Portanto, a recomendação varietal, para as áreas de cultivo, é um fator de grande preocupação dos programas de melhoramento desta cultura. A grande extensão dos plantios, aliada ao mau posicionamento varietal, pode acarretar em perdas de produtividade e, conseqüentemente, perda da rentabilidade ao empresário rural.

Os melhoristas, preocupados com a assertividade de manejo de suas variedades comerciais, lançam mão de estratégias como a regionalização das fases iniciais dos programas de melhoramento e, em fases finais, do plantio de vários ensaios em inúmeras localidades, anos e safras. Entretanto, a interação genótipos x ambientes (GxE) em cana-de-açúcar, assim como em diversas culturas, é fator que dificulta a identificação de clones superiores que aliem elevada produção e estabilidade aos diversos ambientes de cultivo.

Ao longo dos anos, diversas ferramentas analíticas têm sido desenvolvidas, com intuito de isolar e melhor descrever o efeito da interação GxE e, assim, auxiliar na minimização do risco de recomendação. Algumas delas subsidiam os melhoristas na estratificação dos ambientes, permitindo o zoneamento agrônômico (GARBÚGLIO; FERREIRA, 2015; MURAKAMI et al., 2004). Outros métodos, ao lidar com a interação, objetivam a identificação dos genótipos fenotipicamente estáveis. Neste contexto existem vários métodos para os diferentes conceitos de estabilidade apresentados na literatura (BECKER; LEON, 1988; CUBERO; FLORES, 2002; FERREIRA et al., 2006; LIN; BINNS, 1988).

No que concerne aos métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade, destaca-se o método AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) por modelar a interação GxE de forma mais realista e

condizente com a natureza multivariada do fenômeno (FALCONER; MACKAY, 1996; GAUCH, 2013; GAUCH; ZOBEL, 1988).

O método AMMI combina a técnica da análise de variância com a análise de componentes principais para proceder à decomposição e, por conseguinte, separação da variação atribuída ao efeito da interação GXE, em parte devido ao verdadeiro padrão da interação GxE e outra relacionada com o ruído (GAUCH, 2013). Além disso, é possível, adicionalmente, realizar a representação gráfica dos escores genotípicos e ambientais resultantes da análise AMMI em biplots. Uma vez que a análise AMMI seja bem justificada, a análise gráfica torna-se bastante informativa, pois permitirá interpretações práticas para fins de melhoramento, como visualizar a interrelação dos ambientes, bem como possíveis adaptabilidades específicas existentes entre determinados genótipos e ambientes.

Por ser uma cultura semiperene, na cultura da cana-de-açúcar tem sido descrita uma grande quantidade de interações GxE. Logicamente é exaustivamente reconhecida a interação genótipos por ambientes clássica que, no caso intrínseco a esta cultura, são adicionados os efeitos dos cortes. Leite (2011) comenta que as combinações de locais, épocas de cortes e anos agrícolas são consideradas como diferentes ambientes, além de que a caracterização e recomendação dos clones promissores é um ponto chave para o sucesso dos programas de melhoramento.

Entretanto existe na cultura, além da interação clássica, uma complexidade de interações já relatadas em vários trabalhos, identificando a interação genótipos por cortes (BASTOS et al., 2007; KIMBENG; ZHOU; SILVA, 2009; MELO et al., 2006; ZENI-NETO et al., 2008); genótipos por épocas de cortes, entre ambientes e momento de colheita (GILBERT et al., 2006).

Os efeitos da interação genótipos x cortes na cultura da cana-de-açúcar são altamente significativos, demonstrando um comportamento particular dos genótipos, ao longo dos cortes (MELO et al., 2006), o que pode distorcer a informação obtida pelos melhoristas e levar a erros de recomendação. O estudo da complexidade do comportamento do clone, ao longo dos cortes, pode trazer informações sobre sua adaptação geral ou específica aumentando a confiança para sua adoção em nível comercial.

Algumas estratégias podem ser adotadas para a redução das interações em cana-de-açúcar, algumas em nível experimental, reduzindo o erro associado, como, por exemplo, a escolha de uma boa área experimental (plana e homogênea), adoção de altos níveis de qualidade nas colheitas e amostragens, observação sobre a qualidade de muda utilizada, sobre a sulcação, controle de pragas, adubação e manejo em geral. Estes pontos, apesar de parecerem básicos são em muitos momentos negligenciados pelos técnicos, permitindo que os genótipos forneçam padrões de produtividade não necessariamente associados aos efeitos genéticos e, sim, pela forte intervenção ambiental.

Outra estratégia que deve minimizar o efeito da interação é o bom planejamento realizado, aumentar o número de colheitas, escolher ambientes representativos, emprego de delineamentos experimentais apropriados, adoção de procedimentos estatísticos acurados e condizentes para melhor explorar os dados experimentais.

Objetivou-se neste trabalho estudar o comportamento de genótipos, ao longo de dois cortes, utilizando o procedimento AMMI num programa regionalizado de cana-de-açúcar e, além disso, identificar ambientes estáveis, ao longo dos cortes, identificar adaptações específicas entre os genótipos e ambientes e identificar clones estáveis e com alta produtividade média.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 A cana-de-açúcar, Origem, Aspectos Botânicos, Agronômicos e econômicos

A cana-de-açúcar é uma planta monocotiledônea, alógama e semiperene pertencente à família *Poaceae*. Seus atuais cultivares são híbridos interespecíficos e, nas constituições genéticas, participam as espécies *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. sinense*, *S. barberi*, *S. robustum* e *S. edule* (JADOSKI et al., 2010).

A origem da cana-de-açúcar, ainda, é muito controversa, no entanto a maioria das citações indica que seja originada do sudeste da Ásia; Cesnik e Miocque (2004) afirmam que a teoria mais aceita especifica o arquipélago da Polinésia como ponto de origem da cultura.

Para Fauconnier e Bassereau (1970), a migração ocorrida entre 8000 A.C. e 6000 A.C expandiu a cana-de-açúcar pelo sudeste da Ásia até o norte da Índia, em razão de grande valor energético contido nos colmos, os quais serviam de fonte de reserva para de viagens e migração.

Cesnik e Miocque (2004) comentam que, por volta de 500 A.C., os persas guardavam o segredo da fabricação do açúcar que, posteriormente, era comercializado aos romanos. A cultura foi introduzida em grande parte pelas conquistas Árabes, na Palestina, Egito, Sicília, Espanha e Marrocos disseminando o cultivo, às margens do mar Mediterrâneo, a partir do século 8.

Nas Américas, a cana-de-açúcar foi introduzida na segunda expedição de Cristóvão Colombo, em 1493, em que foram trazidos 17 feixes que foram plantados em Santo Domingo, tornando-se, posteriormente, o centro irradiador para os plantios em Cuba, México e Peru (CESNIK; MIOCQUE, 2004).

Já, no Brasil, a cultura foi introduzida em 1512 (COSTA, 1958) por Martin Afonso de Souza, na então Companhia de São Vicente, hoje estado de São Paulo (BACHI, 1985). Atualmente é cultivada, numa ampla faixa de latitude e altitude, desde aproximadamente 35° S a 30° N e desde o nível do mar até 1.000 metros, respectivamente (RODRIGUES, 1995).

Reconhecida por sua alta capacidade fotossintética, esta planta C4 tem seu melhor desempenho em regiões de clima tropical (CAMARA, 1993; MATSUOKA, 1996), permanecendo ativa em uma amplitude térmica entre 20° a 45°C (ANDRADE; CARDOSO, 2004), além de apresentar alta taxa de aproveitamento no uso da água (ROCKSTROM et al., 1999; YATES; TAYLOR, 1986).

Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB (2013a), na safra 2013/14, a área cultivada como cana-de-açúcar que foi colhida e destinada à atividade sucroalcooleira foi de 8.799.150 mil hectares, distribuídos em todos os estados brasileiros conforme suas características. O estado de São Paulo permanece como o maior produtor com 51,31% da área plantada (4.515.360 hectares), seguido por Goiás com 9,3% (818.390 hectares), Minas Gerais 8,0% (781.920 hectares), Mato Grosso do Sul 7,09% (624.110 hectares), Paraná 7,04% (620.330 hectares), Alagoas 5,02% (442.590 hectares) e Pernambuco com 3,25% (286.030 hectares).

Já, para a safra 2014/2015, a CONAB (2013b) estimou uma produtividade média de 72,44 toneladas de colmos/ha, uma produção de açúcar de 38.25 milhões de toneladas de açúcar, 12.44 bilhões de litros de etanol anidro e 15.08 bilhões de litros de etanol hidratado.

A principal utilidade da cultura, em escala comercial, está associada ao mercado sucroalcooleiro, associada ao fornecimento de sacarose, fibra, energia, alimentação animal, produção de etanol, produção de leveduras, óleos fúseis, entre outros.

Segundo Silva (2012), o bom desempenho da cana-de-açúcar, no cenário econômico-social brasileiro, deve-se, em parte, à eficiência dos programas de melhoramento que têm concentrado esforços para o lançamento de novas variedades com características agronômicas que atendam as demandas do mercado sucroalcooleiro.

Raizer e Vencovsk (1999) declaram que o objetivo do programa de melhoramento de cana-de-açúcar é a melhoria da qualidade agrícola e características industriais, as variedades e técnicas de cultivo, tão quanto apresentar maior resistência a pragas e doenças.

O processo produtivo da cana-de-açúcar tem passado por constantes modificações em sua história recente, a procura por novas fronteiras agrícolas tem sujeitado as novas variedades a extremos climáticos desde geadas em algumas regiões a clima desértico em outras. Graças à eficiência dos programas de açúcar nacionais e grande número de variedades disponíveis, tem-se variedades adaptadas que atendem esta ampla variedade de ambientes (BRESSIANE; LANDELL; BURNQUIST, 2006).

As variedades, também, estão expostas a novas pragas e doenças como o exemplo da ferrugem alaranjada diagnosticada no Brasil em 2009 (BRASIL, 2015); a novas variações às técnicas de manejo; plantio irrigado ou sequeiro, plantio mecanizado ou manual, orgânico ou tradicional.

Historicamente, diversas variedades que foram de importância econômica deixaram de ser plantadas em função de doenças, como por exemplo, a NA56-79, em decorrência do carvão, SP70 1143, em decorrência de ferrugem marrom, A SP716163, em decorrência da síndrome do amarelecimento foliar e, recentemente, a RB72454 em função da ferrugem alaranjada (BRAGA JUNIOR, 2011).

Entretanto a cultura apresenta bases genéticas que podem minimizar ou até extinguir estas dificuldades. Ana-Durai et al. (2015), estudando a

variabilidade genética existente em cana-de-açúcar para as características de produtividade, de qualidade e resistência para fatores de estresses bióticos e abióticos, concluíram que, uma vez bem realizada a escolhas dos genitores, a variabilidade existente permite ganho genético nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar na Índia.

No Brasil, vários programas de melhoramento de cana-de-açúcar têm apresentado sucesso no ganho genético. Perecin et al. (2009), no período compreendido entre 1994 e 2006, obtiveram ganho anual de 1,16% em TCH e 1,28 em TPH, em primeiro corte; no segundo corte, os ganhos foram 0,53% e 1,43%, respectivamente. Braga-Junior, Raizer e Selegato (2013) descrevem um ganho de 1,5% ao ano em produtividade, avaliando fases finais do programa de variedades CTC; eles, ainda, concluíram que o uso de variedades mais modernas é uma importante ferramenta para o ganho de produtividade.

No Brasil, vários esforços têm sido destinados à estratificação de áreas de produção de cana-de-açúcar em megaambientes ou regiões, utilizando dados comerciais e experimentais de vários anos, considerando dados climáticos de solo e de manejo cultural, por meio de análise de impactos sobre a produtividade da cultura (LEITE, 2011).

Os programas de melhoramento nacionais como CTC, IAC, RIDESA, entre outros, adotaram a regionalização dos programas de melhoramento como estratégia seletiva, com o objetivo de minimizar os efeitos do cultivo continental desta cultura no Brasil.

Leite (2011), avaliando cinco séries de fases finais no período compreendido entre 2002 e 2007, identificou um ganho genético de 0,7% e 1,1% para TCH e TPH, respectivamente, (estimados para cinco cortes), quando a recomendação de genótipos de adaptação regional foi comparada à recomendação de genótipos de adaptação ampla a todas as regiões.

## **2.2 A interação genótipos X ambientes (GxE) em cana-de-açúcar em função dos ciclos produtivos**

As contribuições do ganho genético em cana-de-açúcar dependem do genótipo, do ambiente e da interação genótipos por ambientes (GXE), para a maioria das características de interesse econômico.

A interação ocorre em virtude da inconsistência do desempenho dos genótipos nos vários ambientes, acarretando em diferentes respostas dos genótipos frente às mudanças ambientais (GUERRA, 2010; MOLL; STUBER, 1974) estas mudanças podem ser atribuídas aos locais de plantio, anos, ciclo da cultura, fertilidade do solo, estações do ano entre outros (PARFITT, 2000).

Para Cruz e Carneiro (2003), a interação genótipos x ambientes (G x E) refere-se à alteração no desempenho relativo dos genótipos, em virtude das diferenças de ambiente e constitui-se num dos maiores problemas dos programas de melhoramento de qualquer espécie, seja em uma fase de seleção ou em uma de recomendação de cultivares. Entre as alternativas para minimizar esse problema está a escolha de variedades com ampla adaptação e boa estabilidade

Kang e Miller (2002) pontuam que traços quantitativamente herdáveis, tais como TCH (Toneladas de colmos por hectare) e TPH (Toneladas de sacarose por hectare), o valor genotípico e seus relativos rankings podem ser alterados de um ambiente para outro.

Allard e Bradshaw (1964) assinalam a resposta relativa dos genótipos em relação à variação dos ambientes em dois tipos: previsível e imprevisível. A primeira categoria inclui todos os fatores permanentes do ambiente (tipo de solo, nutrição, clima etc.) A segunda categoria inclui as flutuações variáveis do ambiente (manejo, pragas e regime de chuvas).

Em análise às categorias propostas por Allard e Bradshaw (1964), conclui-se que os preceitos da experimentação é um ponto que deve ser

observado em cana-de-açúcar, é importante dispor de estratégias que visam mitigar os erros sobre os ensaios, tais como: controle da área de plantio, qualidade nas amostragens tecnológicas, colheita, controle de pragas, manchas de solo etc. Vale salientar que, por mais que disponhamos de ferramentas estatísticas modernas, elas não extinguem os erros associados ao ambiente e fenotipagem inflacionando, conseqüentemente, o resíduo das análises de variância.

Aumentar a qualidade experimental pode significar ganhos na captação genotípica o que otimiza o processo seletivo e reduz custos, uma vez que, bem estruturado, podem-se diminuir o número de ensaios, avaliações entre outros.

Milligan (1994), avaliando ensaios finais do programa de melhoramento na Louisiana USA, conclui que o número de locais testados pode ser reduzido de 13 para 10 ainda mantendo 96% de repetibilidade na produtividade de sacarose.

Cruz e Carneiro (2003) citam que a interação genótipos por ambientes podem ser classificadas como simples e complexa, podendo ser dita como simples, quando existe variabilidade dos genótipos ao longo dos ambientes, porém, não é evidenciada a alteração no ranking relativo; já, na interação complexa, existe a variabilidade e a alteração no ranking é presente.

Na cultura da cana-de-açúcar como a maioria dos traços ligados à produtividade possui caráter poligênico e a esmagadora maioria dos trabalhos apresentam interação de natureza complexa. Ramalho, Santos e Zimmermann (1993) comentam que a interação complexa entre genótipos pode diminuir a eficiência do programa de melhoramento, porque a seleção é baseada, normalmente, sobre a média dos ambientes, enquanto a recomendação das variedades comerciais é realizada em nível específico.

Vários estudos pelo mundo têm encontrado significativa interação de genótipos por ambientes em cana-de-açúcar (ARCENEUX; HEBERT, 1943; BISSESSUR et al., 2000; BULL; HOGARTH; BASFORD, 1992; GLAZ;

MILLER; KANG, 1985; KANG et al., 1987; MILLIGAN et al., 1990; MIRZAWAN et al., 1994).

Kimberg e Rattey (2001) identificaram que as interações genótipos x ambientes dificultam as decisões sobre a seleção, pois quando ela é presente, a definição de um genótipo elite torna-se condicional a um ambiente pelo qual ele foi avaliado podendo não apresentar o mesmo desempenho em outro ambiente (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Gilbert et al. (2006) observaram forte interação da época de colheita para TCH e TPH, já Bull, Hogarth e Basford (1992) verificaram que a interação GXE em cana-de-açúcar pode ser tão grande a ponto de reduzir os ganhos de seleção de uma estação central de pesquisa.

No Brasil, vários trabalhos têm sido feitos com o objetivo de avaliar os efeitos da interação GXE e facilitar a identificação de genótipos superiores (BASTOS et al., 2007; COSTA, 2012; GUERRA et al., 2009; LANDELL et al., 1999; MELO et al., 2006; RAIZER; VENCOVSK, 1990; SILVEIRA et al., 2012). Nestes trabalhos, em sua quase totalidade, é verificada a presença da interação GXE, sendo claramente diagnosticada a importância das ferramentas analíticas para a descrição, tanto do comportamento dos genótipos, quanto dos ambientes testados.

Para Costa (2012), uma variedade de cana-de-açúcar é considerada ideal, quando apresenta alta média de produção, mas baixa flutuação em seu desempenho, quando submetida a várias condições ambientais. Os componentes da interação podem ocorrer entre genótipos x ambientes, genótipos x locais, genótipos x safras e genótipos x locais x safra.

Apesar da maioria dos trabalhos possuírem foco sobre a relação GXE, outras interações têm sido pontuadas por diversos autores na cultura. Este fato pode ocorrer por se tratar de uma cultura semiperene, plantada em uma ampla diversidade de ambientes e com genoma complexo.

Mirzawan et al. (1994) encontraram forte interação entre clones x locais e citam que a análise retrospectiva indicou mudanças na associação entre os ambientes, as quais correspondem com mudanças nos ambientes durante o transcorrer dos experimentos. Segundo os autores, cada local apresentou um padrão de discriminação entre os clones, sugerindo que, em alguns aspectos, as interações clones X locais e clones X anos foram representativas por meio dos anos e que o potencial de aplicação destes resultados trazem ganhos de eficiência ao programa de melhoramento de cana-de-açúcar.

Melo et al. (2006), analisando dados de quatro safras entre os anos de 1999 e 2003, na zona de Mata de Pernambuco, encontraram interação altamente significativa entre clones X cortes, para os caracteres TPH, TCH, PC (pol % corrigido), FI (Fibra), PZA (Pureza) e PB (Brix). Santos (2008), avaliando 15 genótipos em 13 locais em fase final do programa RIDESA, também, encontrou forte interação entre genótipos e cortes. Kimbeng, Zhou e Silva (2009) identificaram a interação genótipos x safra em cana-de-açúcar como o componente de variância mais importante nas análises, realçando a importância de teste para capacidade da soqueira.

Metodologias estatísticas de fácil interpretação e com seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade, também, têm sido desenvolvidas, buscando-se a seleção de genótipos com elevados rendimentos em diferentes ambientes de plantio. Bastos et al. (2007) sugerem que ganhos substanciais por seleção podem ser alcançados aumentando-se o número de anos de cultivo sobre os quais os genótipos são testados.

Zeni-Neto et al. (2008), considerando a correlação de valores entre os ciclos de primeiro corte, segundo corte e terceiro cortes, observaram a presença de interação genótipos x ciclos, sugerindo que, para alguns genótipos, o desempenho pode ser diferente, dependendo do ciclo da cultura.

São inúmeras as metodologias aplicadas ao estudo da interação GXE, podemos citar, por exemplo, os estudos, de Wrick (1965), utilizando o método da ecovalência; Eberhart e Russel (1966), baseados na regressão linear não segmentada; Cruz, Torres e Vencovsky (1989), baseados na regressão linear Bisegmentada; Toler (1990), baseado na regressão não linear; Nunes, Ramalho e Abreu (2005), baseados na análise gráfica dos dados; Annichiarico (1992) e Lin e Binns (1988), entre outras.

Entretanto, atualmente, os métodos multivariados têm apresentado maior destaque no meio científico, sendo as metodologias GGEbiplot e AMMI mais descritas nos trabalhos científicos (PEIXOTO, 2013).

Vários estudos têm demonstrado a eficiência da análise AMMI na estratificação dos genótipos, dos ambientes e, também, de sua interação na cultura da cana-de-açúcar. Na África do Sul, Ramburan (2011), estudando o efeito do regime de chuvas, na interação GXE, encontraram fortes fatores ambientais de interação, Na Índia, foram verificados padrões de interação, Bajpai e Kumar (2005), no Brasil, em inúmeros trabalhos identificaram interações na cultura, promovendo a indicação de cultivares altamente responsivas, indicando a melhoria de produtividade em regiões específicas (FERNANDES JÚNIOR et al., 2013; GUERRA, 2010; ROSA, 2008; SILVEIRA et al., 2012).

### **2.3 Estudo da interação genótipos X ambientes (GxE) pela Abordagem**

#### **AMMI**

Os ensaios de campo são os mais comuns e importantes na pesquisa agrícola, tipicamente avaliando um determinado número de genótipos em um determinado número de ambientes, sempre para traços aditivos ligados à produtividade. Novos modelos estatísticos, para a análise efetiva da

produtividade a campo, têm sido assunto de considerável desenvolvimento e discussão (GAUCH, 2013).

Nos ensaios com foco em produtividade, com objetivo de selecionar genótipos superiores no programa de melhoramento ou recomendação varietal possuem dois problemas fundamentais, a interação e o ruído (GAUCH; ZOBEL, 1996).

O modelo AMMI (*additive main effects and multiplicative interaction*) combina análise de variância para o genótipo e principais efeitos do ambiente com análises dos componentes principais da interação GXE (GAUCH; ZOBEL, 1996) demonstrados a seguir:

$$Y_{ger} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_n \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge} + \varepsilon_{ger} \quad (1)$$

Em que  $Y_{ger}$  é o valor médio observado do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente, sendo seu efeito obtido com parâmetros aditivos e multiplicativos.

Segundo Duarte e Vencovsk (1999), a parte aditiva é representada por  $\mu + \alpha_g + \beta_e$  em que:  $\mu$  é a média geral dos experimentos,  $\alpha_g$  é o desvio do genótipo em função da média e  $\beta_e$  é o desvio do ambiente em função da média.

Já, a parte multiplicativa corresponde à interação GXA sendo composta por:  $\sum_n \lambda_n \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge}$  em que:  $n$  é o rank  $k$  do componente principal;  $\lambda_n$  é o valor singular do  $n$ -ésimo componente principal da interação (ACP),  $\gamma_{gn}$  é o vetor singular do genótipo para o  $n$ -ésimo CP,  $\delta_{en}$  é o vetor singular do ambiente e do  $n$ -ésimo CP e  $\rho_{ge}$  é o erro do ajuste do modelo multiplicativo.

Por fim,  $\varepsilon_{ger}$  corresponde ao erro experimental médio. O detalhamento da interação G x A é feito pela decomposição da soma dos quadrados original ( $SQ_{GxA}$ ), em uma porção denominada padrão ou Signal  $SS_{gxe}$  e outra chamada ruído ou noise  $SS_n$  a qual corresponde a respostas indeterminável ou não predicáveis (CROSSA, 1990; GUERRA, 2010). Este método possui

reconhecida capacidade para estimar a produtividade com mais acurácia do que com os dados de entrada tratando-se da partição GXE da interação (GAUCH, 1992).

A partição  $SS_{gxe}$  permite a identificação da parte da soma dos quadrados relacionada à interação genótipos por ambientes (CROSSA, 1990), sendo obtida após o descarte da partição  $SS_n$ , associada aos erros experimentais (DUARTE; VENCOSK, 1999; GUERRA, 2010), resultando em grande melhoria da preditividade genotípica (OLIVEIRA et al., 2008).

A análise AMMI não tem objetivo de recuperar toda a  $SQ_{GxA}$ , mas somente a porção devida aos efeitos da interação  $GxA$ , enquanto descarta variações os ruídos (DUARTE; VENKOVSKY, 1999). Desta forma, a variância genética pode ser explicada por diferentes modelos do AMMI, que podem ser: AMMI0, o qual não inclui nenhum eixo ou interação, AMMI1, que inclui somente o primeiro eixo da interação, AMMI2 que inclui os dois primeiros eixos da interação e assim por diante (CORNELIUS; CROSSA; SEYEDSADR, 1996).

O modelo a ser seguido é determinado pelo número de eixos que serão empregados na análise. Um dos procedimentos adotados, na definição do número de eixos, para explicar o padrão relacionado à interação, consiste na determinação de graus liberdade associados à parcela da soma de quadrados que é devida à interação relacionada a cada modelo da análise AMMI (AMMI0, AMMI1, AMMI2, ..., AMMI $n$ ). Em sequência, obtém-se o quadrado médio correspondente a cada parcela (ou modelo) e, na sequência, é obtido um teste F, avaliando-se a significância de cada componente em relação ao quadrado médio do erro (SILVA; BENIN, 2012).

A significância do teste F determina o modelo a ser empregado nas análises. Duarte e Vencovsk (1999) citam em seu trabalho vários métodos pelos quais o teste f é realizado (GAUCH, 1988; GAUCH; ZOBEL, 1988; GOLLOB, 1968; MANDEL, 1971; PIEPHO, 1995, 1999), entretanto os mesmos citam

como método mais utilizado o de Gollob (1962), em função de sua facilidade operacional.

Os escores dos componentes principais da interação para cada genótipo (IPCA Interaction Principal Component Analysis OU ACP) demonstram a sua contribuição para a interação GxE. O genótipo com menor valor é o mais estável (SILVA; DUARTE, 2006).

Gauch e Zobel (1988) comentam que a maior porcentagem da interação genótipos x ambientes encontra-se retida nos primeiros eixos da interação e, nos eixos subsequentes, estes valores reduzem gradualmente, tão logo, para que tenhamos um maior ganho de acurácia na informação; é importante que a maioria dos padrões estruturais da  $SS_{gxe}$  sejam capturados nos primeiros eixos. Esta implicação, também, gera saídas gráficas mais simples e, conseqüentemente, de compreensão mais fácil.

Como já comentado, o AMMI além de quantificar a contribuição de cada genótipo e ambiente, também, promove uma fácil interpretação gráfica dos resultados pela técnica biplot (KEMPTON, 1984). Por meio desta técnica, a identificação de locais homogêneos pode rapidamente promover a seleção cultivares produtivas com ampla adaptabilidade ou Megaambientes (REDSHAW; GOVENDER; SMIT, 2002), tão bem como delimitar o zoneamento agrônômico de cultivares com específica adaptabilidade (SILVEIRA et al., 2012). Estas informações podem suportar a tomada de decisões quanto ao posicionamento de novos ensaios e permitir a duplicação de locais similares.

Vários estudos têm levantado importantes informações, dispendo mão da ferramenta analítica AMMI em cana-de-açúcar. Rosa (2008) verificou que o efeito do ambiente causou mais parte da interação para os caracteres TCH, POL% e FIBRA%, os autores, também, pontuam que a análise AMMI permitiu

discriminar a interação GXE e demonstrando-se como uma análise promissora na cultura.

Guerra (2010) concluiu que foi possível identificar clones precoces de cana-de-açúcar com adaptação específica a determinados ambientes; eles, também, verificaram importantes informações quanto à estratificação ambiental e até mesmo indicando, por meio dos dados, um local para realização de ensaios de fases iniciais. Silveira et al. (2012) verificaram, pela análise de variância de TPH, em dois cortes em nove ambientes, que os efeitos ambientais atribuíram 73,36% do total de SS, 12,01% para efeitos genotípicos e 14,63% para os efeitos da interação, indicando que os ambientes foram diversos, com grandes variações entre as médias, causando a maior variação em TPH.

Mattos (2012) concluiu que a metodologia captou mais de 70% da soma de quadrados e foi útil na identificação de genótipos de adaptabilidade específica. Fernandes Júnior et al. (2013), dispendo mão do método, encontraram clones promissores em termos de estabilidade e adaptabilidade e alta produtividade, além de verificarem um local com alta estabilidade.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Experimentos

Foram realizados oito experimentos na Região Centro-Sul do Brasil compondo a rede de avaliação do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) nos seguintes locais: L1- Usina Araporã Bioenergia, município de Araporã- MG; L2-Usina Jalles Machado, município de Goianésia-GO;L-3 Usina Nova Fronteira, município de Quirinópolis-GO; L4 Usina Ipê, município de Nova independência-SP; L-5 Usina Iturama, município de Iturama-MG; L6 Usina Santa Adelia, município de Perreira Barreto-SP; L7- Usina Gasa, município de Andradina-SP; L8- Usina Madhu, município de Promissão-SP (Tabela 1).

Tabela 1 Unidades de plantio, codificação, classificação de solo, classificação ambiental, datas de plantio e datas de colheitas dos ensaios para a realização da análise de adaptabilidade e estabilidade

Cód.	Unidade	Data de Plantio	Data de Colheita		Solo <sup>1</sup>	Amb. <sup>2</sup> Prod.
			Corte 1	Corte 2		
L1	Araporã Bioen.	16/03/2009	17/09/2010	22/08/2011	LVdf1.1	B-IV
L2	Jalles Machado	10/03/2009	17/05/2010	20/05/2011	LVAAd1.4	C-V
L3	Nova Fronteira	18/03/2009	27/09/2010	24/08/2011	LVdf1.1	B-IV
L4	Ipê	07/04/2009	28/07/2010	19/06/2011	LVE3.3	C-III
L5	Iturama	27/04/2009	07/05/2010	17/06/2011	LVD3.1	D-IV
L6	Santa Adelia	06/05/2009	09/06/2010	16/06/2011	LVAAd3.4	D-III
L7	Gasa	02/06/2009	27/07/2010	20/06/2011	LVE3.1	C-III
L8	Madhu	27/03/2009	21/07/2010	05/07/2011	PVAAd3.1	C-II/III

<sup>1</sup> Conforme classificação brasileira de solos (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 2006)

<sup>2</sup> Classificação em Ambientes de produção (CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA - CTC, 2012).

A classificação edafoclimática do ambiente de produção ocorreu seguindo os padrões determinados pelo CTC (Tabela 1) para ambiente de produção: A-ambiente de alta capacidade produtiva até E-ambiente de baixa capacidade produtiva; e para clima: I- ambiente de baixa limitação climática até VII ambiente de altíssima limitação climática. Quanto ao tipo de solo, foi utilizado o padrão nacional de classificação de solos.

Nos experimentos foram avaliados 15 clones e 4 testemunhas genótipos em validação nas colheitas do 1º Corte e 2º Corte . O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados completos, com três repetições, em parcelas de 4 linhas de 20 metros de comprimento.

Foram considerados os dados da característica toneladas de Pol/ hectare (TPH), aferido por meio da metodologia descrita por Oliveira et al. (2008):  $TPH = (TCH \times PCC) / 100$ , em que: TCH: toneladas de colmos por hectare, obtido pela pesagem direta da parcela por meio de colheita mecanizada; PCC: Pol por cento cana (teor de sacarose nos colmos em %), obtido pela análise tecnológica de 10 colmos aos quatro dias antes da colheita.

### 3.2 Análises estatísticas

Foram realizadas as análises de variância individuais e conjunta. Para a análise individual dos dados foi utilizado o seguinte delineamento.

$$Y_{ijk} = \mu + E_k + B_{j(k)} + G_i + GE_{ik} + \varepsilon_{ijkl} \quad (2)$$

Para a análise conjunta, envolvendo os ambientes para cada corte, adotou-se o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + E_k + B_{j(k)} + G_i + GE_{ik} + \varepsilon_{ijkl} \quad (3)$$

Em que:

$Y_{ijk}$ : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco do k-ésimo ambiente;  $\mu$ : constante associada a todos os dados,  $E_k$ : efeito do k-ésimo ambiente;  $B_{j(k)}$ : efeito do j-ésimo bloco no k-ésimo ambiente;  $G_i$ : efeito do i-ésimo genótipo;  $GE_{ik}$ : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o k-ésimo ambiente;  $\varepsilon_{ijkl}$ : erro experimental associado à  $Y_{ijk}$ , assumido independente, homocedástico e normalmente distribuído.

Para a análise conjunta, envolvendo todos os ambientes e os dois cortes, adotou-se o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + E_k + B_{j(k)} + G_i + GE_{ik} + GB_{ij(k)} + C_l + BC_{j(k)l} + EC_{kl} + GC_{il} + GEC_{ikl} + \varepsilon_{ijkl} \quad (4)$$

Em que:

$Y_{ijk}$ : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco do k-ésimo ambiente na l-ésima corte,  $\mu$ : representa a média geral do ensaio;  $E_k$ : efeito do k-ésimo ambiente;  $B_{j(k)}$ : efeito do j-ésimo bloco no k-ésimo ambiente;  $G_i$ : efeito do i-ésimo genótipo;  $GE_{ik}$ : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o k-ésimo ambiente;  $GB_{ij(k)}$ : erro associado à interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo bloco no k-ésimo ambiente;  $H_l$ : efeito da l-ésima Corte;  $BC_{j(k)l}$ : erro associado à interação do j-ésimo bloco do k-ésimo ambiente com o l-ésima corte;  $EC_{kl}$ : efeito da interação k-ésimo ambiente com a l-ésima corte;  $GC_{il}$ : efeito da interação do i-ésimo genótipo com a l-ésima corte;  $GEC_{ikl}$ : efeito da interação entre o i-ésimo genótipo com o k-ésimo ambiente e a l-ésima corte,  $\varepsilon_{ijkl}$ : erro experimental associado à  $Y_{ijkl}$ , assumido independente, homocedástico e normalmente distribuído.

A significância dos efeitos foi aferida pelo teste F-Snedecor. Foram estimadas as acurácias seletivas de cada ensaio (por local e corte), conforme Resende e Duarte (2007) e o coeficiente de variação experimental. Em seguida

as médias foram submetidas ao teste de Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade.

Para proceder ao estudo detalhado das interações envolvendo genótipos, foi empregado o método *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction* (AMMI), conforme modelo a seguir (GAUCH, 1988).

$$Y_{ik} = \mu + G_i + E_k + \sum_n \lambda_n \gamma_{in} \delta_{kn} + \rho_{ik} + \varepsilon_{ik} \quad (5)$$

Em que:

$Y_{ik}$ : é o valor médio observado do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $\mu$ : média geral;  $G_i$ : efeito principal do genótipo  $i$ ;  $E_k$ : efeito principal do ambiente  $k$ ;  $\lambda_n$ : valor singular do  $n$ -ésimo componente principal associado à matriz de interação (ACP);  $\gamma_{in}$  elemento do autovetor associado ao genótipo  $i$  para o  $n$ -ésimo ACP;  $\delta_{kn}$  elemento do autovetor associado ao ambiente  $k$  para o  $n$ -ésimo ACP;  $\rho_{ik}$ : ruído associado à interação  $GE_{ik}$  e  $\varepsilon_{ik}$ : erro experimental médio. Para a determinação de qual modelo AMMI deve ser associado aos dados foi utilizado o teste de Gollob (1968).

A partir das análises AMMI foram determinados os escores e gerados os gráficos biplots.

Todas as análises foram realizadas no software estatístico R versão 3.0.2 (R CORE TEAM, 2012) e foram utilizados os pacotes: lme4 (BATES; MAECHLER; BOLKER, 2012); Agricolae (MENDIBURU, 2013); Mass (VENABLES; RIPLEY, 2002); Pbkrttest (HALEKOH; Højsgaard, 2014); Car (FOX; WEISBERG, 2011) e lsmeans (LENTH, 2013).

#### 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os ensaios em primeiro corte apresentaram valores de acurácia entre 0,65 e 0,97 (Tabela 2), sendo esta considerada moderada a muito alta segundo Resende e Duarte (2007). Já, para o segundo corte, a acurácia apresentou menor amplitude de variação (0,87 a 0,96) sendo considerada de alta a muito alta. As estimativas dos coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) médio para o caráter toneladas de pol por hectare (TPH) reforçaram a precisão experimental alcançada nos referidos ensaios. Para o primeiro corte, a estimativa do Coeficiente de variação ambiental ( $CV_a$ ) foi de 10,18% e, em segundo corte, esta estimativa foi de 14,2% (Tabela 2). Vale ressaltar que a característica em questão é de natureza quantitativa e, portanto, altamente influenciada por fatores ambientais.

Houve diferença significativa entre os genótipos ( $P < 0,05$ ) nas análises em primeiro corte, segundo corte e análise conjunta (Tabela 2). Este resultado indica a existência de variabilidade genética para o caráter TPH, demonstrando a chance de obter ganho com a seleção. Ademais, esta significância, aliada à significância dos efeitos de cortes e locais (Tabela 2), perfaz-se importantes para fins de estudo da interação genótipos com cortes e locais.

As testemunhas G1 (CTC2), G2 (CTC4), G18 (RB867515) e G19 (SP813250) discriminadas com \* são variedades de reconhecido desempenho comercial e tiveram médias entre 12,97 e 13,66 TPH. Os genótipos G16 (14,95), G5(13,72), G4(14,53) e G14(14,43) apresentaram médias gerais superiores em relação à melhor testemunha SP813250, com ganhos compreendidos entre 0,43% a 9,44%. Entretanto, estatisticamente, somente os genótipos G4, G14 e G16 foram superiores aos padrões ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste de Scott-Knott (Tabela3).

Estatisticamente, o local L3 (Quirinópolis-GO) apresentou-se superior aos demais, os locais L1(Itumbiara-GO), L2 (Goianésia-GO) e L8 (Promissão-SP) formaram um segundo grupo, outro terceiro grupo é formado por L4 (Nova independência), L6 (Perreira Barreto-SP) e L7 (Andradina-SP) foi o local com pior desempenho produtivo.

Os locais posicionados nos estado de Goiás (L1, L2, L3) e Minas (L5) são caracterizados pelo período chuvoso, geralmente, compreendido entre o final de setembro se estendendo até as primeiras semanas de abril. Neste período a cultura apresenta a maior parte de seu ganho de biomassa em virtude das altas precipitações e temperaturas altas. Já, o período de estiagem, entre o final de abril e início de setembro, coincide com a entressafra das unidades de processamento, auxiliando a logística de colheita e maturação da cana-de-açúcar. Por outro lado, os solos de baixa fertilidade e o longo período de estiagem reduzem a produtividade de TCH (componente de maior peso na formação do TPH), ao longo da safra agrícola, além de acarretarem em perdas na qualidade industrial. Problema este acentuado por perdas com isoporização.

Os locais, no estado de São Paulo (L4, L6, L7 e L8), são caracterizados por uma melhor distribuição das chuvas ao longo da safra e períodos indutivos menos acentuados o que reduz as perdas de TCH, quando comparados aos locais posicionados em Goiás e Minas. Estes ambientes, também, possuem temperaturas mais amenas e menor intensidade luminosa, reduzindo o potencial da cultura; as médias dos locais tiveram uma amplitude de variação de 6,5 TPH, demonstrando uma grande diversidade produtiva.

A interação altamente significativa entre locais e genótipos (Tabela 2) é coincidente com os dados obtidos por Landel (1999) demonstrando uma resposta específica de clones a locais distintos.

Tabela 2 Análises de variância individuais e conjunta para o carácter toneladas de pol por hectare para primeiro corte e segundo corte

Fonte de Variação	GL	F-Calculado		
		C. Planta	C. Soca	Conjunta
Locais (L)	7	61,69**	67,99**	79,11**
Genótipos (G)	18	47,00**	36,17**	36,9**
Interação GxE	126	3,06**	3,46**	3,30**
Cortes (C)	1	-	-	2473,77**
Interação ExC	7	-	-	70,69**
Interação CxG	18	-	-	48,87**
Interação ExGxC	126	-	-	3,12**
Média Geral		16,36	9,17	12,77
Acurácia Mínima		0,65	0,87	
Acurácia Máxima		0,97	0,96	
CV Exp.		10,18	14,2	8,70

\*\* diferenças significativas a 1% de probabilidade pelo teste F

A variação significativa, associada à colheita (primeiro vs segundo cortes), pode em parte ser explicada pelos efeitos edafoclimáticos associados ao ano safra assim como a efeito genético associado à habilidade de brotação de soqueira. Vários autores descreveram a existência da interação CxG, encontrando até mesmo interações entre o momento de colheitas e genótipos (GILBERT et al., 2006; RAMBURAN, 2011, 2014; ZHOU et al., 2011).

Os resultados encontrados estão em concordância com o trabalho de Melo et al. (2006) em que os genótipos apresentaram uma resposta diferencial para variável TPH frente aos cortes. Os autores comentam que a existência de alto grau de variabilidade genética em cana-de-açúcar pode assegurar ao melhorista aplicação de métodos de melhoramento adequados com perspectivas favoráveis à seleção de plantas promissoras.

No primeiro corte, os genótipos G1 (CTC2), G3, G4, G5, G12, G14 e G16 foram, estatisticamente, superiores aos demais (Tabela 03). Um número tão

grande de genótipos, na primeira classe, deve-se por não existir o efeito de brotação de soqueira, nos demais cortes, este grupo tende a ser reduzido ou até mesmo sofrer alteração no ranking, sendo um comportamento comum, intrínseco às fases de melhoramento da cultura. Em relação aos locais de teste, o ambiente L3 foi superior aos demais e L5 L6 e L7 foram menos produtivos.

Tabela 3 Médias dos Genótipos e Testemunhas (TPH há<sup>-1</sup>) e médias dos ambientes (TPH há<sup>-1</sup>) submetidos ao teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade em primeiro corte

<b>Genótipo</b>	<b>L1</b>	<b>L2</b>	<b>L3</b>	<b>L4</b>	<b>L5</b>	<b>L6</b>	<b>L7</b>	<b>L8</b>	<b>Média</b>
<b>G1*</b>	20,03	20,08	25,62	18,73	15,30	14,28	15,43	16,31	18,22 <b>a</b>
<b>G2*</b>	21,36	16,52	19,08	20,30	14,75	13,62	14,26	16,76	17,08 <b>b</b>
<b>G3</b>	19,62	17,96	23,92	21,07	15,21	15,67	17,54	23,63	19,33 <b>a</b>
<b>G4</b>	20,82	16,60	26,68	21,15	16,65	16,41	16,92	21,09	19,54 <b>a</b>
<b>G5</b>	21,94	18,17	24,29	23,68	16,41	15,17	15,96	19,20	19,35 <b>a</b>
<b>G6</b>	16,69	12,51	20,24	17,69	12,92	13,62	14,56	14,35	15,32 <b>c</b>
<b>G7</b>	16,25	13,76	16,90	18,17	12,89	11,08	11,90	17,57	14,82 <b>c</b>
<b>G8</b>	15,47	12,18	16,81	12,16	9,35	9,50	9,36	12,51	12,17 <b>d</b>
<b>G9</b>	19,10	13,81	22,09	18,62	13,66	15,56	14,66	15,14	16,58 <b>b</b>
<b>G10</b>	15,42	11,92	18,87	17,92	12,08	12,84	13,56	15,19	14,73 <b>c</b>
<b>G11</b>	15,25	11,25	17,66	14,57	10,84	13,47	13,51	17,46	14,25 <b>c</b>
<b>G12</b>	18,15	18,17	23,77	20,93	14,41	13,98	17,21	18,39	18,13 <b>a</b>
<b>G13</b>	15,21	15,90	13,78	15,94	10,79	12,27	10,60	13,12	13,45 <b>d</b>
<b>G14</b>	20,39	16,32	23,55	20,14	15,21	13,65	16,76	19,01	18,13 <b>a</b>
<b>G15</b>	15,40	14,32	13,06	13,70	6,94	9,86	10,36	17,49	12,64 <b>d</b>
<b>G16</b>	23,93	20,40	20,07	22,24	15,08	12,54	12,67	22,96	18,74 <b>a</b>
<b>G17</b>	18,34	12,10	18,15	17,67	12,71	11,53	12,02	15,68	14,78 <b>c</b>
<b>G18*</b>	17,71	16,50	22,39	16,01	11,67	14,25	13,69	17,57	16,22 <b>b</b>
<b>G19*</b>	20,05	18,84	20,56	17,87	14,25	14,43	17,00	16,29	17,41 <b>b</b>
<b>Média</b>	<b>18,48B</b>	<b>15,65C</b>	<b>20,39A</b>	<b>18,35B</b>	<b>13,22D</b>	<b>13,35D</b>	<b>14,10D</b>	<b>17,35B</b>	<b>16,36</b>

<sup>1</sup> Médias dos genótipos (minúsculas na coluna) e médias dos Ambientes (maiúsculas na linha), que apresentarem mesma letra, não diferiram estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-knott.

No segundo corte (Tabela 4), os genótipos G2\*(CTC4), G3, G4, G5 e G12 foram estatisticamente superiores, a inserção do Genótipo G2 (CTC4), neste grupo, já era esperado visto que se trata de um material comercialmente reconhecido pela alta longevidade de soqueira e, também, pela linearidade da produção ao longo dos cortes. Os genótipos G14 e, principalmente, G16 tiveram baixa eficiência no segundo corte, apresentando produtividade no cultivo de soqueira. O local L3 foi novamente o mais produtivo estatisticamente e o local L8 o menos produtivo.

Tabela 4 Médias dos Genótipos e Testemunhas (TPH há<sup>-1</sup>) e médias dos ambientes (TPH há<sup>-1</sup>) submetidos ao teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade em segundo corte

<b>Genótipos</b>	<b>L1</b>	<b>L2</b>	<b>L3</b>	<b>L4</b>	<b>L5</b>	<b>L6</b>	<b>L7</b>	<b>L8</b>	<b>Média</b>
<b>G1*</b>	7,73	10,78	13,47	8,85	13,78	12,00	8,22	4,69	9,94 <b>b</b>
<b>G2*</b>	12,77	12,87	15,75	9,67	11,58	12,28	7,31	5,21	10,93 <b>a</b>
<b>G3</b>	11,65	12,40	14,33	12,53	15,79	13,19	9,70	8,02	12,20 <b>a</b>
<b>G4</b>	9,33	13,29	14,66	8,21	13,58	13,73	10,37	6,20	11,17 <b>a</b>
<b>G5</b>	10,70	11,37	14,75	10,73	15,46	12,84	7,07	5,39	11,04 <b>a</b>
<b>G6</b>	6,14	10,13	9,80	8,86	11,21	8,56	7,54	4,87	8,39 <b>c</b>
<b>G7</b>	10,84	8,91	9,55	8,59	12,97	8,94	7,58	4,77	9,02 <b>c</b>
<b>G8</b>	7,46	8,73	9,93	7,30	5,82	9,21	3,95	2,93	6,92 <b>d</b>
<b>G9</b>	10,48	10,79	12,24	8,31	10,71	10,76	7,26	3,98	9,32 <b>b</b>
<b>G10</b>	7,34	6,86	13,01	10,59	8,17	7,55	5,17	6,08	8,10 <b>c</b>
<b>G11</b>	6,99	5,06	12,10	9,40	8,00	6,80	3,80	4,38	7,07 <b>d</b>
<b>G12</b>	10,04	12,80	13,19	9,53	11,84	12,59	9,01	6,08	10,63 <b>a</b>
<b>G13</b>	7,91	7,67	9,50	7,64	7,66	9,47	5,04	3,72	7,33 <b>d</b>
<b>G14</b>	11,12	12,40	12,19	8,63	5,98	14,56	7,84	4,02	9,59 <b>b</b>
<b>G15</b>	7,78	10,13	8,39	6,88	7,97	8,87	4,91	3,62	7,32 <b>d</b>
<b>G16</b>	9,52	8,57	11,02	7,77	10,52	9,65	6,33	4,13	8,44 <b>c</b>
<b>G17</b>	7,13	9,09	10,07	6,20	6,96	8,56	5,66	4,06	7,22 <b>d</b>
<b>G18*</b>	10,37	11,11	13,22	9,68	10,94	10,36	7,84	4,27	9,72 <b>b</b>
<b>G19*</b>	8,93	11,12	12,21	8,29	12,65	12,43	8,36	5,32	9,91 <b>b</b>
<b>Média</b>	9,17 <b>C</b>	10,22 <b>B</b>	12,07 <b>A</b>	8,82 <b>C</b>	10,61 <b>B</b>	10,65 <b>B</b>	7,00 <b>D</b>	4,83 <b>E</b>	9,17

<sup>1</sup>Médias dos genótipos (minúsculas na coluna) e médias dos Ambientes (maiúsculas na linha), que apresentarem mesma letra, não diferiram estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-knott.

Na média ajustada de dois cortes (Tabela 5), somente os genótipos G4 e G14 mantiveram-se superiores estatisticamente, entretanto recomenda-se que sejam realizados mais cortes na cultura uma vez que os genótipos apresentam uma resposta diferencial do primeiro corte para os demais. O local L3 foi o mais produtivo na média dos dois cortes e L5 e L8 os menos produtivos.

Tabela 5 Genótipos e Testemunhas (marcados com \*) e médias ajustadas dos dois cortes (TPH há<sup>-1</sup>), médias dos ambientes (TPH há<sup>-1</sup>) e médias gerais dos genótipos

<b>Genótipos</b>	<b>L1</b>	<b>L2</b>	<b>L3</b>	<b>L4</b>	<b>L5</b>	<b>L6</b>	<b>L7</b>	<b>L8</b>	<b>Média</b>
<b>G1*</b>	14,45	15,64	17,09	13,14	10,09	12,04	12,78	11,22	13,31 <b>b</b>
<b>G2*</b>	14,98	14,74	14,01	13,94	9,76	11,59	11,59	13,80	13,05 <b>b</b>
<b>G3</b>	13,46	11,89	16,56	12,51	9,07	12,80	13,14	15,54	13,12 <b>b</b>
<b>G4</b>	14,56	13,66	18,72	14,20	10,32	14,33	13,85	15,79	14,43 <b>a</b>
<b>G5</b>	16,26	13,17	15,92	14,43	11,25	14,09	11,41	13,27	13,72 <b>b</b>
<b>G6</b>	13,05	10,25	13,52	10,74	8,65	12,86	9,81	10,67	11,19 <b>c</b>
<b>G7</b>	12,89	12,80	14,75	13,59	9,48	12,14	12,35	13,81	12,73 <b>b</b>
<b>G8</b>	11,56	9,92	13,14	8,60	6,53	9,50	8,52	10,21	9,75 <b>d</b>
<b>G9</b>	13,86	9,89	18,32	13,23	8,84	13,87	13,53	13,13	13,09 <b>b</b>
<b>G10</b>	11,15	9,95	13,87	11,41	7,85	10,61	11,84	11,49	11,02 <b>c</b>
<b>G11</b>	11,51	10,89	13,66	10,45	7,48	12,25	11,04	13,49	11,35 <b>c</b>
<b>G12</b>	12,17	12,56	16,16	13,30	9,23	12,02	13,15	12,76	12,67 <b>b</b>
<b>G13</b>	12,03	14,84	12,89	12,08	7,74	12,87	10,69	10,43	11,70 <b>c</b>
<b>G14</b>	15,03	13,95	17,92	13,73	10,21	14,70	14,82	15,89	14,53 <b>a</b>
<b>G15</b>	13,96	15,06	13,13	11,70	7,48	12,09	11,38	14,57	12,42 <b>b</b>
<b>G16</b>	16,07	16,99	16,90	16,31	10,64	13,60	12,98	16,14	14,95 <b>a</b>
<b>G17</b>	14,54	13,78	15,50	12,37	9,05	13,14	11,69	13,19	12,91 <b>b</b>
<b>G18*</b>	13,70	13,72	16,37	11,93	7,97	13,73	12,40	13,97	12,97 <b>b</b>
<b>G19*</b>	14,17	15,75	16,50	13,11	9,78	13,32	14,06	12,61	13,66 <b>b</b>
<b>Média</b>	<b>13,65B</b>	<b>13,13B</b>	<b>15,52A</b>	<b>12,67C</b>	<b>9,02D</b>	<b>12,71C</b>	<b>12,16C</b>	<b>13,26D</b>	<b>12,77</b>

<sup>†</sup> Genótipos e ou ambiente com mesma letra não diferem pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Santos (2008), avaliando o TPH de 15 genótipos em 13 locais, encontrou diferenças altamente significativas para o colheita em todos os locais avaliados e encontrou interação GxC em 5 dos 13 locais avaliados. Raizer e Vencosky (1999), também, encontraram forte interação entre genótipos e cortes ao nível de clones, além de classificar essa como importante para o conhecimento dos valores genéticos da cultura.

Entretanto o objetivo deste trabalho não foi identificar as interações existentes (mesmo estas sendo importantes), mas, sim, do ponto de vista prático, identificar os genótipos que se mantêm estáveis e com alta média produtiva. Também identificar quais ambientes apropriados para a experimentação.

Pela contribuição relativa para a variação fenotípica total ( $G + E + GE$ ), observou-se uma forte contribuição do ambiente: (74,62%) em primeiro corte e (81,56%) na soca. A variação captada pelo efeito genotípico foi de 23,82% em primeiro corte e de 16,41% em segundo corte. A contribuição da interação  $G \times E$  foi de apenas 1,55% em primeiro corte e de 1,57% no segundo. Silveira et al. (2012), avaliando TPH em nove ambientes e dois cortes, também, encontraram grande contribuição dos efeitos ambientais (73,36%), contudo, a fração atribuída ao efeito da interação  $G \times E$  (14,63%) foi, em valor absoluto, superior à atribuída ao efeito de genótipos (12,01%).

Esta forte contribuição do ambiente para a variação fenotípica total pode indicar que os ambientes foram diversos, com grandes diferenças entre as médias, causando a maior parte da variação no TPH.

Para melhor compreender a interação envolvendo genótipos, buscou-se o detalhamento proporcionado pelo método AMMI. Espera-se que os primeiros eixos consigam capturar a maior parte da variação atribuída ao padrão da interação  $GE$  (signal) e que os eixos subsequentes modelem o ruído. Os dois primeiros componentes principais (ACP) explicaram 54,39% da variação da interação  $G \times E$  em primeiro corte (38,4% no primeiro eixo e 19,99% no segundo) e 67,70% variação  $G \times E$  em segundo corte (37,07% no primeiro C.P. e 30,63% no segundo). Guerra (2010), avaliando TPH, encontrou valores próximos (59,44% em primeiro corte 54,22% em segundo corte). O autor comenta que, apesar dos valores serem considerados baixos por Gauch (1988), a maior concentração da partição padrão, nos dois primeiros eixos, torna aceitável a utilização do modelo gráfico bidimensional AMMI2. Silveira et al. (2012),

também, avaliando TPH em dois cortes, encontrou uma explicação de 56,78% (34,36% no primeiro eixo e 22,42% no segundo eixo). Para a cultura de cana-de-açúcar existe uma vasta quantidade de trabalhos, associados a caracteres produtivos, que têm apresentado ACP'S significativos, além dos dois primeiros componentes principais, entretanto, com intuito de diminuir o ruído associado ao modelo, os autores têm se limitado a modelos AMMI1 e AMMI2 (FERNANDES JÚNIOR et al., 2013; GUERRA, 2010).

Na análise pelo modelo AMMI1, a abscissa representa os efeitos principais (média de TPH dos genótipos) e a ordenada representa o primeiro eixo da interação (IPCA1). Deste modo os genótipos com valores próximos à ordenada (próximo a zero) serão os mais estáveis dentro dos ambientes testados, pois contribuem menos para a interação GxE (FERNANDES JÚNIOR et al., 2013; SILVEIRA et al., 2012). Este modelo é mais utilizado para demonstrar o comportamento dos genótipos entre os ambientes tão quanto verificar graficamente seu potencial produtivo além de discriminar os ambientes produtivos.

Pelo biplot do modelo AMMI1(Figura 1), podem-se identificar como estáveis para primeiro corte os genótipos G8; G17, G19 ( SP81 3250), G3 e G5. No entanto, apenas G3 e G5 se mostraram com potencial produtivo, visto associarem média elevada em relação aos demais.

O clone G4 apresentou a maior produtividade em primeiro corte, entretanto apresentando uma estabilidade menor quando comparado ao G3 e G5. Os genótipos G14, G12, G1(CTC2) e G16, também, apresentaram altas médias produtivas, no entanto apresentaram estabilidade mediana a baixa.

Reia et al. (2011) comentam que uma vez que os vetores apresentem ângulos menores que 90° isso é indicativo de que os ambientes têm influência similar sobre os genótipos; ângulos maiores de 90°, não há correlação entre os ambientes e ângulos próximos de 180° entre si indicam fortes relações opostas.

Entretanto, como o objetivo do trabalho foi encontrar fortes associações na discriminação dos genótipos foram considerados como similares ambientes com ângulos de até  $25^\circ$ , aproximadamente.

Os ambientes L3, L1, L4 e L8 apresentaram maiores médias produtivas, respectivamente e os ambientes L5, L6, L7 foram os menos produtivos.

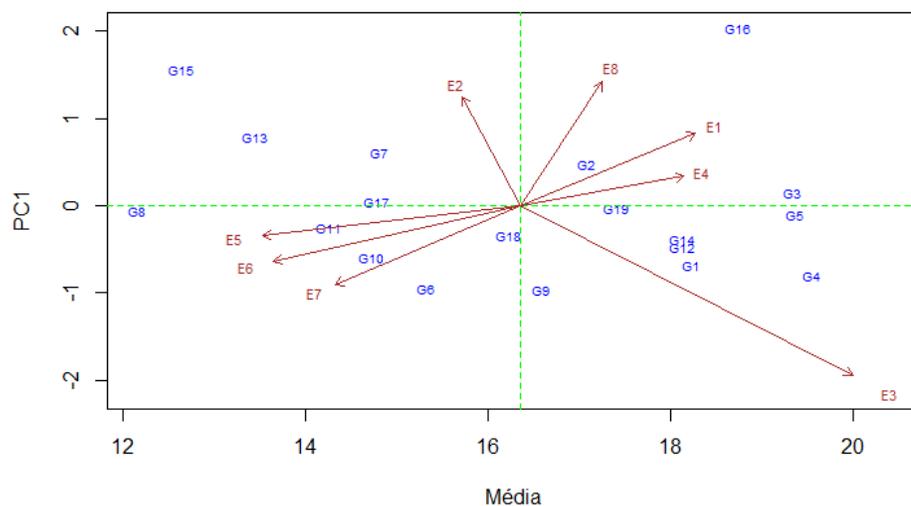


Figura 1 Representação gráfica dos escores do modelo AMMI1 versus as médias de 19 genótipos de cana-de-açúcar e dos 8 ambientes em primeiro corte (2009/2010) para o caráter toneladas de pol por hectare (TPH)

Já, no segundo corte (Figura 2), a análise AMMI1 demonstrou como clones estáveis os genótipos G16, G18 (RB867515), G19 (SP813250) e G4, este último apresentando alta média produtiva. Os genótipos G12, G2(CTC4), G5 e G3 apresentaram alta média produtiva, entretanto com estabilidade intermediária.

Os genótipos G3, G4 e G5 apresentaram médias produtivas maiores que todos os padrões (G1, G2, G18 e G19), tão quanto estabilidade intermediária. Observou-se, também, uma grande variação no comportamento produtivo dos



O padrão G18 (RB867515) apresentou alta estabilidade, sendo indicado como um bom ponto de direcionamento nos ensaios, principalmente, em fases iniciais do programa; os padrões G1(CTC2), G2 (CTC4) e G19 (SP81 3250) apresentaram altas médias produtivas, porém com moderada estabilidade.

Os genótipos G4, G14 e G16, também, apresentaram altas médias produtivas, entretanto, com baixa (G16) e média (G4, G14) estabilidade. O ambiente L3 apresentou alta média produtiva, assim como nos demais cortes, e o ambiente L5 o menor valor, o ambiente L4 foi o que apresentou maior estabilidade.

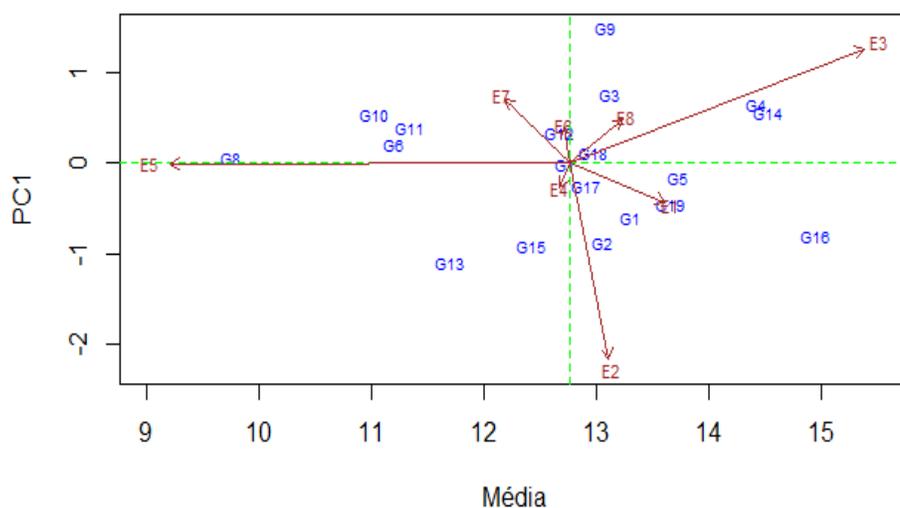


Figura 3 Representação gráfica dos escores do modelo AMMI1 versus as médias de 19 genótipos de cana-de-açúcar e dos 8 ambientes na média dos dois cortes para o caráter toneladas de pol por hectare (TPH)

Com base no biplot do modelo AMMI2, para os dados de TPH, em primeiro corte (Figura 4), observa-se que o genótipo G17 apresentou alta estabilidade fenotípica. Por outro lado, os genótipos G1(CTC2), G16 e G15 foram os que mais contribuíram para interação GxE sendo mais instáveis. Dentre

os genótipos que apresentaram alta média produtiva (Figura 1), o que apresentou maior estabilidade foi o G5, seguido dos genótipos G12 e G14. Em termos de adaptabilidade específica, pode-se destacar entre G10 e L6, G4 e L7 e G13 e L1.

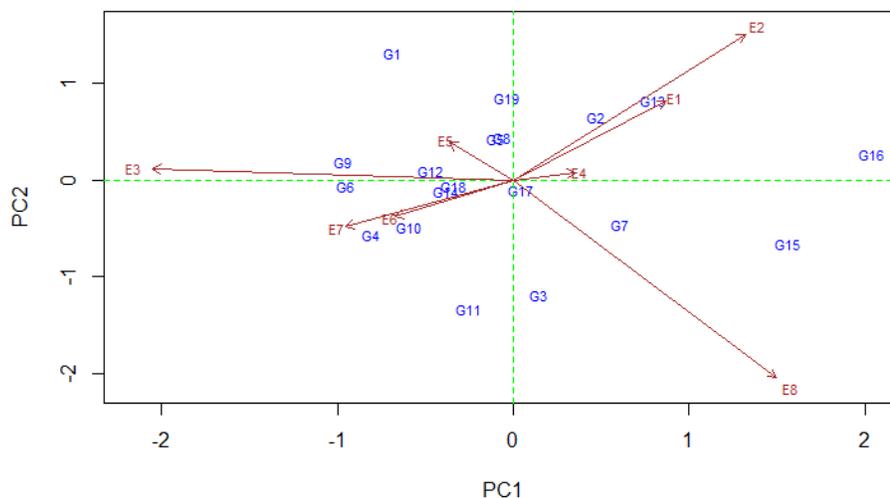


Figura 4 Representação gráfica AMMI2 mostrando o primeiro e segundo eixo da interação (ACP1 X ACP2) para a variável TPH em colheita de primeiro corte de 19 genótipos avaliados em 8 ambientes na safra 2009/2010

Entre os ambientes, o L4 foi o mais estável, seguido de L5, enquanto que os ambientes que mais contribuíram para a interação foram L3, L8 e L2. Houve similaridade no ordenamento dos genótipos para o primeiro corte entre os ambientes L6 e L7; entre os ambientes L4, L1 e L2 e, também, entre os ambientes L3 e L5.

No segundo corte, o padrão G18 (RB867515) apresentou maior estabilidade, possuindo uma menor contribuição para a soma de quadrados da interação GxE, seguidos dos genótipos G16, G9 e G13, respectivamente.

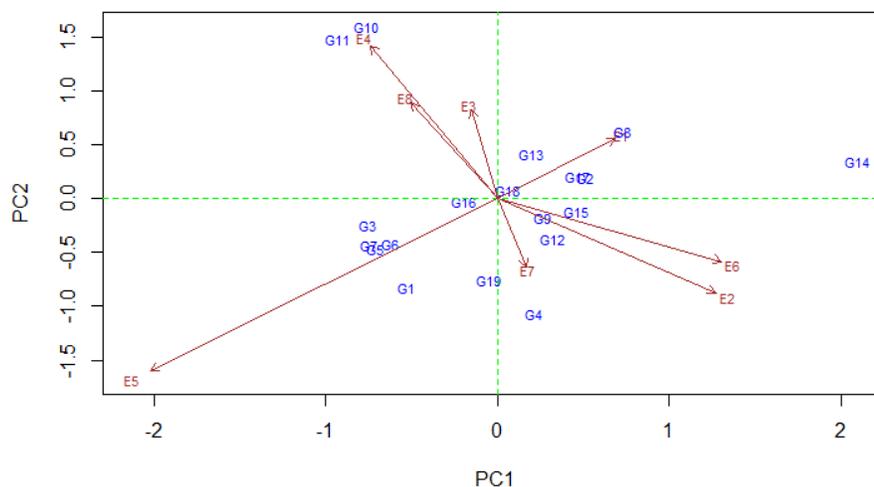


Figura 5 Representação gráfica AMMI2 mostrando o primeiro e segundo eixo da interação (ACP1 X ACP2) para a variável TPH em colheita de segundo corte de 19 genótipos avaliados em 8 ambientes na safra 2010/2011

Na colheita de segundo corte, os genótipos G10 e G11 apresentaram adaptabilidade específica com o ambiente L4, enquanto que os genótipos G19\* e G4 com o ambiente L7 e o genótipo G8 com o ambiente L1. A adaptabilidade específica entre G4 e L7 já havia ocorrido no primeiro corte indicando que este efeito pode ser estável ao longo dos cortes.

O ambiente mais estável foi o ambiente L7 e os mais instáveis foram L5, L4, L6 e L2. Os ambientes E4 e E5 apresentaram resultados muito divergentes em relação ao corte de primeiro corte. O ambiente L2 novamente apresentou uma alta instabilidade, assim como em primeiro corte.

Houve similaridade no ordenamento dos genótipos em segundo corte entre os ambientes L6, L2 e L7. Também foi verificada similaridade entre os ambientes L4, L8 e L3. Somente os ambientes L6 e L7 se apresentaram similares nos dois cortes.

Pelo biplot da análise conjunta dos dois cortes, tem-se uma informação mais refinada do comportamento dos genótipos para fins de recomendação.

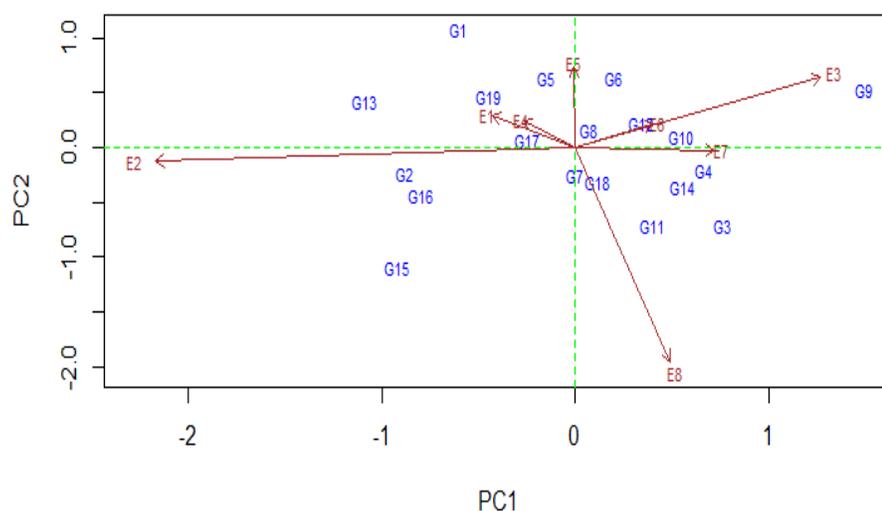


Figura 6 Representação gráfica AMMI2 mostrando o primeiro e segundo eixos da interação (ACP1XACP2) para a variável TPH conjunta de dois cortes de 19 genótipos avaliados em 8 ambientes na safra 2010/2011

O genótipo G8 foi o que apresentou maior estabilidade na média dos cortes, porém este não apresentou potencialidade comercial dado seu baixo desempenho produtivo. Os genótipos G4, G14, G16, apesar de apresentarem grande potencial produtivo (AMMI1), não tiveram uma boa estabilidade geral. Observou-se adaptabilidade específica entre L3 com G9, L7 com G4, L5 com G5, L1 com G19, L7 com G10 e L4 com G17. Os genótipos G9, G15, G1 e G13 foram os mais instáveis.

Os ambientes L4 e L5 foram os mais estáveis, podendo ser boas opções de locais para desenvolvimento de fases iniciais do programa, entretanto, estudos mais detalhados devem ser realizados para a confirmação desta tendência. Os ambientes L2, L3 e L8 foram os mais instáveis. Houve

similaridades na descrição dos genótipos entre os ambientes L6 com L3 e entre L1 e L4. Os ambientes L1 e L4 se apresentaram similares nos dois cortes e, caso seja confirmada esta tendência, pode-se manter um dos locais, reduzindo, assim, custos operacionais.

Os padrões de discriminação dos genótipos foram muito diferentes entre o primeiro e segundo cortes (planta e soca) salvo algumas exceções. É importante para que tenhamos informações com maior sobriedade e que os estudos em cana-de-açúcar adotem mais cortes. O genótipo G16 exemplifica o quanto a média pode mascarar o desempenho geral da cultura, pois, apesar de possuir alto desempenho em primeiro corte, seu potencial foi drasticamente reduzido no segundo corte em virtude de sua baixa brotação de soqueira, porém, na média dos dois cortes, este genótipo manteve alto desempenho produtivo, podendo induzir a uma recomendação errônea, a adoção de mais cortes traz mais confiabilidade aos dados obtidos, permitindo recomendação com maior assertividade.

## 5 CONCLUSÃO

Os genótipos G4, G14 e G16 apresentaram altas médias produtivas, no entanto, não apresentaram alta estabilidade pelo biplot AMM12.

A interação Clones X Cortes é expressiva na cultura da cana-de-açúcar.

O Genótipo G16 teve uma redução drástica no segundo corte, demonstrando baixa eficiência na brotação de soqueira, correspondendo com a visualização a campo.

O ambiente mais estável foi o ambiente E4 (Usina Ipê, Município de Nova independência-SP), podendo ser uma opção para desenvolvimento de fases iniciais do programa. Entretanto, esta tendência deve ser estudada por mais ciclos produtivos.

Houve adaptações específicas de vários genótipos em inúmeros locais, variando entre os cortes, entretanto as de maior importância comercial são as encontradas entre L7 e G4 e entre L5 e G5.

O efeito de corte foi altamente significativo, demonstrando um comportamento específico dos genótipos ao longo de cada corte.

Em geral os ambientes foram diversos, demonstrando uma boa malha experimental. Somente os ambientes L1 e L4 apresentaram associação na discriminação dos genótipos em todos os cortes.

## REFERÊNCIAS

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

ANA-DURAI, A. et al. Variability in breeding pool of sugarcane (*Saccharum* spp.) for yield, quality and resistance to diferente biotic and abiotic stress factors. **Sugar Tech**, Oxford, v. 17, n. 2, p. 107-115, Apr./June 2015.

ANDRADE, A. L. B.; CARDOSO, M. B. **Cultura da cana-de-açúcar**. Lavras: UFLA/FAEPE, 2004. 45 p.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics & Breeding**, Rome, v. 46, n. 1, p. 269-278, Mar. 1992.

ARCENEAUX, G.; HEBERT, L. P. A statistical analysis of varietal yields of sugarcane obtained over a period of years. **Agronomy Journal**, Madison, v. 35, p. 148-160, 1943.

BACCHI, O. O. S. **Ecofisiologia da cana-de-açúcar**. Piracicaba: IAA/Planalsucar, 1985. 20 p.

BAJPAI, P. K.; KUMAR, R. Comparations of methods for studying genotype x environment in sugarcane. **Sugar Tech**, Oxford, v. 74, n. 4, p. 129-135, 2005.

BASTOS, I. T. et al. Interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, dez. 2007.

BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B. **lme4**: linear mixed-effects models using S4 classes. R Package version 0.999999-0. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=lme4>>. Acesso em: 20 nov. 2013.

BECKER, H. C.; LEÓN, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Hamburg, v. 101, p. 1-23, 1988.

BISSESSUR, D. et al. Family: environment and genotype: environment interactions for sugarcane across two contrasting marginal environments in Mauritius. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 36, p. 101-114, 2000.

BRAGA-JUNIOR, R. **Censo varietal e de produtividade em 2011**. Piracicaba: Centro de Tecnologia Canavieira, 2011. 24 p.

BRAGA-JUNIOR, R.; RAIZER, A. J.; SELEGATO, S. M. Índices de eficiência no uso de variedades de cana-de-açúcar. **RPA News**, Ribeirão Preto, ano 12, n. 151/152, p. 25-29, jul./ago. 2013.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Abastecimento. **Ferrugem alaranjada**. Disponível em: <[http://www.agricultura.gov.br/arq\\_editor/file/ferrugem1.pdf](http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/file/ferrugem1.pdf)>. Acesso em: 28 maio 2015.

BRESSIANE, J. A.; LANDELL, M. G. A.; BURNQUIST, W. E. L. Melhoramento genético da cana-de-açúcar. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GÊNÉTICA E MELHORAMENTO, 23., 2006, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: ESALQ, 2006. p. 52-64.

BULL, J. K.; HOGARTH, D. M.; BASFORD, K. E. Impact of genotype\_ environment interaction on response to selection in sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Melbourne, v. 32, n. 6, p. 731-737, 1992.

CÂMARA, G. M. S. Ecofisiologia da cana-de-açúcar. In: CÂMARA, G. M. S.; OLIVEIRA, E. A. M. (Ed.). **Produção de cana-de-açúcar**. Piracicaba: ESALQ/FEALQ, 1993. p. 209-225.

CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA. **Censo varietal e de produtividade em 2012**. 2012. Disponível em: <<http://www.ctcanavieira.com.br/downloads/Censo2012.pdf>>. Acesso em: 28 maio 2015.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2004. 25 p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: cana-de-açúcar**, segundo levantamento, agosto/2013. Brasília, 2013a. Disponível em:

<[http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13\\_08\\_08\\_09\\_39\\_29\\_boletim\\_cana\\_portugues\\_-\\_abril\\_2013\\_1o\\_lev.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/13_08_08_09_39_29_boletim_cana_portugues_-_abril_2013_1o_lev.pdf)>. Acesso em: 13 jul. 2015.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. Brasília, 2013b. v. 1. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 10 mar. 2015.

CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; SEYEDSADR, M. S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed.). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. p. 199-234.

COSTA, C. Primeiras canas e primeiros açúcares no Brasil. **Brasil Açucareiro**, Rio de Janeiro, v. 3, p. 160-168, 1958.

COSTA, I. G. **Desempenho agroindustrial, adaptabilidade, estabilidade e divergência genética entre clones RB de cana-de-açúcar em Pernambuco**. 2012. 106 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2012.

CROSSA, J. Statistical analysis of multilocal trials. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 44, p. 55-85, 1990.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2<sup>a</sup> ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A. de; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, p. 567-580, 1989.

CUBERO, J. I.; FLORES, F. **Métodos estadísticos**: para al estudio de la estabilidad varietal em ensayos agrícolas. 2. ed. Sevilla: Novograf, 2002. 198 p.

DUARTE, J. B.; VENKOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise “AMMI”. Ribeirão Preto: FUNPEC, 1999. 60 p. (Série Monografias, 9).

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

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2. ed. Rio de Janeiro, 2006. 306 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4<sup>th</sup> ed. Longman: Malaysia, 1996. 464 p.

FAUCONNIER, R.; BASSEREAU, D. **Sugar cane**. Wallingford: La Carne a Sucre, 1970. 468 p.

FERNANDES JÚNIOR, A. R. et al. Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 208-216, 2013.

FERREIRA, D. F. et al. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne**, Lavras, v. 12, n. 4, p. 373-388, out./dez. 2006.

GARBUGLIO, D. D.; FERREIRA, D. F. FGGE method: description and application in data from maize cultivars. **Euphytica**, Wageningen, v. 204, n. 3, p. 723-737, Aug. 2015.

GAUCH, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, Washington, v. 44, n. 3, p. 705-715, Sept. 1988.

GAUCH, H. G. A simple protocol for AMMI analysis of yield trials. **Crop Science**, Madison, v. 53, n. 5, p. 1860-1869, 2013.

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

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Optimal replication in selection experiments. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 4, p. 838-843, 1996.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Predictive and post-dictive success of statistical analysis of yield trial. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 76, p. 1-10, 1988.

GILBERT, R. A. et al. The effect genotype, environment and time of harvest on sugarcane fields in Florida, USA. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 95, n. 2/3, p. 156-170, 2006.

GLAZ, B.; MILLER, J. D.; KANG, M. S. Evaluation of cultivar-testing environments in sugarcane. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 71, p. 22-25, 1985.

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

GUERRA, E. P. **Avaliação da adaptabilidade e estabilidade de clones precoces de cana-de-açúcar (*saccharum spp.*)**. 2010. 132 f. Dissertação (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2010.

GUERRA, E. P. et al. Stability and adaptability of early maturing sugarcane clones by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, p. 260-267, 2009.

HALEKOH, U.; HØJSGAARD, S. A kenward-roger approximation and parametric bootstrap methods for tests in linear mixed models - the R package pbkrtest. **Journal of Statistical Software**, Los Angeles, v. 59, n. 9, p. 1-30, 2014.

JADOSKI, C. J. et al. Fisiologia do desenvolvimento do estágio vegetativo da cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*). **Pesquisa Aplicada e Agrotecnologia**, Guarapuava, v. 3, n. 2, p. 169-176, 2010.

JOHN FOX AND SANFORD WEISBERG. **An {R} companion to applied regression**. 2<sup>nd</sup> ed. Thousand Oaks: Sage, 2011. Disponível em: <<http://socserv.socsci.mcmaster.ca/jfox/Books/Companion>>. Acesso em: 17 jul. 2015.

KANG, M. S. et al. Implications of confounding of genotype x year and genotype x crop effects in sugarcane. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 15, p. 349-355, 1987.

KANG, M. S.; MILLER, J. D. Genotype na ambientes interações for cane sugar yield and their implications in sugar cane breeding. **Crop Science**, Caracas, v. 27, n. 11, 2002. Disponível em: <[http://www.scielo.org.ve/scielo.php?pid=S0378-18442002001100007&script=sci\\_arttext&tlng=en](http://www.scielo.org.ve/scielo.php?pid=S0378-18442002001100007&script=sci_arttext&tlng=en)>. Acesso em: 10 ago. 2015.

KEMPTON, R. A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 103, p. 123-135, 1984.

KIMBENG, C. A.; ZHOU, M. M.; SILVA, J. A. Genotype x environment interactions and resource allocation in sugarcane yield in the Rio Grande Valley Region of Texas. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, Baton Rouge, v. 29, p. 11-24, 2009.

KINBENG, C. A.; RATTEY, A. R. Interpretation and Implications of genotype by environment interactions in advanced stage of sugarcane selection trials in central Queensland. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 53, n. 9, p. 1035-1045, Sept. 2001.

LANDELL, M. G. A. et al. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em latossolo roxo da região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 2, p. 269-280, 1999.

LEITE, M. S. O. **Análises multiambientais visando a recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar**. 2011. 72 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2011.

LENTH, R. V. **Lsmeans**: least-squares means. R package version 1.10-01. 2013. Disponível em: <<http://CRAN.Rproject.org/package=lsmeans>>. Acesso em: 22 jun. 2015.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A method of analyzing cultivars x location x year experiments: new stability parameter. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 76, p. 425-430, 1988.

MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Techometrics**, Oxford, v. 13, p. 1-18, 1971.

MATSUOKA, S. **Botânica e ecofisiologia da cana-de-açúcar**. Maringá: UFPR/SENAR, 1996. 93 p. Apostila.

MATTOS, P. H. C. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Estado do Paraná pelos métodos Ammi e GGE Biplot**. 2012. 53 p. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

MELO, L. J. O. T. et al. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 2, p. 197-205, 2006.

MENDIBURU, F. **Agricolae**: statistical procedures for agricultural research. R package version 1.1-4. Disponível em:  
<<http://CRAN.Rproject.org/package=lsmean>>. Acesso em: 25 jun. 2013.

MILLIGAN, S. B. Test site allocation within and among stages of a sugarcane breeding program. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 5, p. 1184-1190, 1994.

MILLIGAN, S. B. et al. Crop effects on broad-sense heritabilities and genetic variances of sugarcane yield components. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 2, p. 344-349, 1990.

MIRZAWAN, P. D. N. et al. Retrospective analysis of the relationships among the test environments of the southern Queensland sugarcane breeding programme. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v. 88, n. 6/7, p. 707-716, Aug. 1994.

MOLL, R. H.; STUBER, C. W. Quantitative genetics-empirical results relevant to plant breeding. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 26, p. 277-313, 1974.

MURAKAMI, D. M. et al. Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 1, p. 71-78, 2004.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Graphical method in studies of adaptability and stability of cultivars. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, Fort Collins, v. 48, p. 182-183, 2005.

OLIVEIRA, R. A. et al. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 9, n. 3, p. 269-274, 2008.

PARFITT, R. C. Genotype by environment interaction among secondary variety trials in the northern region of the South African sugar industry. In: SOUTH AFRICAN SUGAR TECHNOLOGISTS ASSOCIATION, 74., 2000, Durban. **Proceedings...** Durban: South African Sugar Association Experiment Station, 2000. p. 245-248.

PEIXOTO, L. S. **Proposta de análise de fatores na matriz G+GA via modelos mistos me multiambientes**. 2013. 110 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.

PERECIN, D. et al. Agronomic and genetic progress in sugar cane breeding program. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v. 27, n. 2, p. 279-287, 2009.

PIEPHO, H. P. Fitting a regression model for genotype-by-environment data on heading dates in grasses by methods for nonlinear mixed models. **Biometrics**, Washington, v. 55, n. 4, p. 1120-1121, 1999.

PIEPHO, H. P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical and Applied of Genetics**, Heidelberg, v. 90, n. 3, p. 438-443, 1995.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2012. Software.

RAIZER, A. J.; VENCOVSK, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 12, p. 2241-2246, dez. 1999.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa de plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.

RAMBURAN, S. A multivariate illustration and interpretation of non repeatable genotype X Environments interations in sugarcane. **Fields Crop Research**, Amsterdam, v. 157, p. 57-64, 2014.

RAMBURAN, S. Sugarcane cultivar X time of harvest interactions in South África. **Plant and Soil**, The Hague, v. 28, n. 2, p. 75-84, 2011.

REA, R. et al. AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela. **Sugar Tech**, Oxford, v. 13, n. 2, p. 108-113, June 2011.

REDSHAW, K. A.; GOVENDER, N.; SMIT, M. Investigating two statistical techniques used in the analysis of sugarcane variety trials. **Proceedings of the South African Sugar Technologists Association**, Mount Edgecombe, v. 76, p. 219-223, 2002.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

ROCKSTRÖM, J. et al. Linkages among water vapor flows, food production, and terrestrial ecosystem services. **Conservation Ecology**, Boston, v. 3, n. 2, 1999. Disponível em: <<http://www.ecologyandsociety.org/vol3/iss2/art5/>>. Acesso em: 10 jun. 2015.

RODRIGUES, J. D. **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Botucatu: UNESP - Instituto de Biociências, 1995. 99 p.

ROSA, C. O. **Interação de genótipos de cana-de-açúcar com ambientes no Estado de Goiás**. 2008. 48 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2008.

SANTOS, E. G. D. **Interação genótipos x locais em cana-de-açúcar e perspectivas de estratificação ambiental**. 2008. 63 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2008.

SILVA, G. C. **Diversidade genética e análise combinatória de cana-de-açúcar utilizando informações de pedigree e marcadores moleculares**. 2012. 112 p. Dissertação (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2012.

SILVA, R. R.; BENIN, G. Análises Biplot: conceitos, interpretações e aplicações. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 8, p. 1404-1412, ago. 2012.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 23-30, jan. 2006.

SILVEIRA, L. C. I. et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no Estado de Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 4, p. 587-593, abr. 2012.

TOLER, J. E. **Patterns of genotype performance over environmental arrays**. 1990. 154 f. Thesis (Ph.D.) - Clemson University, Clemson, 1990.

VENABLES, W. N.; RIPLEY, B. D. **Modern Applied Statistics with S**. 4<sup>th</sup> ed. New York: Springer, 2002. 498 p.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalens bei sommerweizen und hafer. **Pflanzenzucht**, Berlin, v. 52, p. 127-138, 1965.

YATES, R. A.; TAYLOR, R. D. Water uses efficiencies in relation to sugarcane yields. **Soil use and Management**, Oxford, v. 2, n. 2, p. 70-76, 1986.

ZENI-NETO, H. et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones precoces de cana-de-açúcar no Estado do Paraná. **Scientia Agraria**, Piracicaba, v. 9, n. 3, p. 283-289, 2008.

ZHOU, M. Components of genotype by environment interaction among SASRI regional breeding and selection programmes and their implications. In: SOUTH AFRICAN SUGAR TECHNOLOGISTS ASSOCIATION, 84., 2011, Durban. **Proceedings...** Durban: South African Sugar Sugarcane Research Institute, 2011. p. 363-374.