



ADEONE LIBÉRIO FILHO

**DISSIMILARIDADE DE AMBIENTES NO
MELHORAMENTO DO ALGODOEIRO**

LAVRAS – MG

2016

ADEONE LIBÉRIO FILHO

**DISSIMILARIDADE DE AMBIENTES NO MELHORAMENTO DO
ALGODOEIRO**

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

Orientador

Dr. João Cândido de Souza

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).**

Libério Filho, Adeone.

Dissimilaridade de ambientes no melhoramento do algodoeiro /
Adeone Libério Filho. – Lavras : UFLA, 2016.

68 p. : il.

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

Orientador: João Cândido de Souza.

Bibliografia.

1. GGE biplot. 2. Algodão. 3. Dissimilaridade. I. Universidade
Federal de Lavras. II. Título.

ADEONE LIBÉRIO FILHO

**DISSIMILARIDADE DE AMBIENTES NO MELHORAMENTO DO
ALGODOEIRO**

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

APROVADO em 06 de agosto de 2015.

Dr. Reginaldo Roberto Luders Bayer S/A

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves UFLA

Dr. João Cândido de Souza
Orientador

**LAVRAS - MG
2015**

Aos meus filhos Rafael e Isabela, pelo nosso amor em seu pleno significado que me norteia e me fortalece a superar os desafios pelo caminho.

À minha esposa Vaneça, pela força, carinho, compreensão e confiança nesta caminhada.

À minha mãe Divina, pelo exemplo de garra e honestidade.

À minha irmã Adiane, pela amizade, carinho e simplicidade.

A toda minha família pela paciência nos momentos de minha ausência

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus em primeiro lugar e sempre

À minha esposa Vaneça, pelo companheirismo

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), e ao Departamento de Biologia (DBI), pela oportunidade concedida para realização do Mestrado.

À companhia Bayer, pela concessão de disponibilidade de tempo, e fomento à pesquisa realizada.

Aos pesquisadores da Bayer Dr. Dario Mesquita e Dr. Reginaldo Luders, pela confiança, por ter acreditado e apoiado a minha vontade de realizar este mestrado.

Ao Professor João Cândido, pela orientação, confiança, incentivo e atenção durante este projeto.

Aos meus colegas de trabalho (Dr. Allan, Dr. Roberto, José Cruz, Rodrigo, José Júnior, Cleriston, Edina, Francisley, Claudiney, Nadson, Adair, Rones, Júlio, Cleuber, Antônio, Darci e Abel), sempre na minha ausência continuaram minhas atividades, em meu apoio.

Aos colegas de curso, em especial o Dieykson, grande companheiro nas horas de estudo.

A todos, muito obrigado !!!!

“A persistência é o caminho do êxito”

Charles Chaplin

RESUMO

Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a dissimilaridade de ambientes, a estabilidade e adaptabilidade fenotípica de genótipos de algodão (*Gossypium hirsutum* L.) por meio do método GGE biplot, utilizando dados de ensaios valor de cultivo e uso, (VCU). Foi utilizada a produção de algodão em kg/ha como variável resposta. Os ensaios foram conduzidos nos estados de Goiás, Bahia e Mato Grosso. Os dados foram obtidos a partir da avaliação de trinta genótipos de algodão em duas safras agrícolas, 2012/2013 e 2013/2014, e seis locais/ambientes: Trindade-GO/E1, Luís Eduardo Magalhães-BA/E2, Poxoréo-MT/E3, Barreiras-BA/E4, Correntina-BA/E5, Pedra Preta-MT/E6. Os dados foram submetidos primeiro às análises de variância individual e conjunta, em seguida, às análises gráficas com GGE, utilizando os gráficos “Discriminação vs Representatividade”; “Quem ganhou Onde”; “Média vs. Estabilidade”; “Ambiente Ideal”; “Genótipo ideal” para capturar o objetivo proposto. Houve a formação de dois mega-ambientes I e II, onde E3 e E6 foram similares, E2 é o ambiente ideal para seleção de genótipos superiores. Quanto aos genótipos, o G17, foi o mais estável, ideal para recomendação para os seis ambientes. O G19 teve alto desempenho, porém não é estável, apresenta adaptação específica, podendo ser recomendado para o mega-ambiente II. No entanto, necessita-se de mais repetibilidade da experimentação para tomada de atitudes quanto à eliminação de ambientes, de formação de mega-ambientes.

Palavras-chave: GGE biplot. Genótipos. Algodão. Dissimilaridade. Ambientes.

ABSTRACT

This work was conducted with the objective of evaluating environmental dissimilarity, and phenotypic stability and adaptability of cotton genotypes (*Gossypium hirsutum* L.) by means of the GGE biplot method, using data from Value of Cultivation and Use (VCU) trials. The cotton production in kg/ha was used as response variable. The trials were conducted in the states of Goiás (GO), Bahia (BA) and Mato Grosso (MT), Brazil. The data were obtained by means of the evaluation of thirty cotton genotypes in two harvests, 2012/2013 and 2013/2014, and six locations/environments: Trindade-GO/E1, Luís Eduardo Magalhães-BA/E2, Poxoréo-MT/E3, Barreiras-BA/E4, Correntina-BA/E5, Pedra Preta-MT/E6. The data were first submitted to individual and joint analyses of variance, and, subsequently, to graphical analyses with GGE, using the “Discrimination vs Representability”; “Who won Where”; “Mean vs Stability”; “Ideal Environment”; “Ideal Genotype” graphs to capture the proposed objective. The formation of two mega-environments, I and II, occurred, in which E3 and E6 were similar, E2 is the ideal environment for selecting superior genotypes. Regarding the genotypes, G17 was the most stable, ideal for recommendation for all six environments. G19 presented high performance, however, it is not stable, presenting specific adaptation, and can be recommended for mega-environment II. However, the decision of attitudes regarding environment elimination and the formation of mega-environments requires more experiment repeatability.

Keywords: GGE biplot. Genotypes. Cotton. Dissimilarity. Environments.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Gráfico GGE biplot com seis ambientes, evidenciando a relação entre os ambientes, na média das Safras 2012/2013 e 2013/2014	47
Figura 2	Gráfico GGE biplot “discriminação e representatividade” dos ambientes de testes na média das safras 2012/2013 e 2013/2014	48
Figura 3	GGE Biplot ‘which won where’ de 30 genótipos de algodão avaliados na média das safras 2012/2013 e 2013/2014	50
Figura 4	Gráfico GGE biplot ‘Mean vs. Stability’ para dados de produção de algodão em caroço de 30 genótipos avaliados nas safras 2012/2013 e 2013/2014	54
Figura 5	Gráfico GGE biplot exibindo o ambiente ideal na média das safras 2012/2013 e 2013/2014	55
Figura 6	Gráfico GGE biplot ‘ideal genotype’ para dados de produção de 30 genótipos de algodão avaliados na média das safras 2012/2013 e 2013/2014	57

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Relação dos genótipos de algodão (<i>Gossipium hirsutum</i> L.), estudadas nas regiões de Goiás, Mato Grosso e Bahia. Safras agrícolas de 2012/2013 e 2013/2014.....	30
Tabela 2	Descrição dos ambientes onde os ensaios foram conduzidos. Safras agrícolas 2012/2013 e 2013/2014.....	31
Tabela 3	Resumo das análises individuais dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha para os seis locais na safra 2012/2013	39
Tabela 4	Resumo das análises individuais dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha para os seis locais na safra 2013/2014.....	40
Tabela 5	Resumo da análise conjunta (com dois fatores) dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha dos seis locais na safra 2012/2013.....	41
Tabela 6	Resumo da análise conjunta (com dois fatores) dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha dos seis locais na safra 2013/2014.....	42
Tabela 7	Resumo da análise conjunta dos dados (com três fatores) de produção de algodão em caroço em Kg/ha, em todos os ambientes nas duas Safras.....	43
Tabela 8	Médias de produtividade em Kg/ha de algodão em caroço, agrupadas pelo teste de Scott- Knott proposto por Scott e Knott (1974).....	45

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1	A Importância do algodão	15
2.2	Melhoramento do algodoeiro no Brasil	15
2.3	Interação genótipos por ambientes	17
2.3.1	Estratificação ambiental	20
2.3.2	Adaptabilidade e estabilidade fenotípica	21
2.3.3	Metodologias para análises de adaptabilidade e estabilidade	22
3	MATERIAL E MÉTODOS	29
3.1	Genótipos	29
3.2	Locais ou ambientes	29
3.3	Avaliação e colheita dos experimentos	31
3.4	Análise dos dados	31
3.4.1	Análise individual	32
3.4.2	Análise conjunta por locais	33
3.4.3	Análise conjunta por locais e anos	33
3.4.4	Análise gráfica GGE Biplot	34
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
5	CONCLUSÃO	58
	REFERÊNCIAS	59
	APÊNDICES	67

1 INTRODUÇÃO

O principal objetivo de um programa de melhoramento é selecionar genótipos que representem algum tipo de ganho comparado aos genótipos em uso pelos agricultores, de consistente e elevada qualidade e produtividade fibra nos mais diversos ambientes.

Nesse contexto, a baixa eficiência na análise da interação genótipos por ambientes (G×E) pode representar problemas aos melhoristas, por reduzir a precisão de seleção de um ambiente para outro e posterior recomendação para vários ambientes. Para Duarte e Vencovsky (1999), isso dificulta a recomendação de cultivares para toda a população de ambientes amostrada pelos testes.

Em grandes programas de melhoramento, como o da Embrapa, que trabalha em clima tropical, procura-se uma combinação de estratégias, principalmente dividindo o país em regiões com prioridades diferentes. Assim, tem-se, atualmente, um programa voltado para o Semiárido do Nordeste e outro para as condições de Cerrado.

O exemplo do melhoramento do algodoeiro no cerrado, onde se tem núcleos de desenvolvimento em MT, GO e BA, além de áreas de testes em MS, TO, MA, PI, e RO. Essa estratégia é uma saída para atenuar o efeito da interação, conforme relata Bernado (2002), para ele os efeitos da interação (G×E) podem ser reduzidos dividindo-se o conjunto total de ambientes em subgrupos homogêneos.

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 subgrupos homogêneos, o

autor recomenda análises, por meio de agrupamentos hierárquicos e de componentes principais.

Para Chaves (2001), de todas as fases de um programa de melhoramento de plantas, a avaliação dos genótipos em diferentes condições ambientais representa, em geral, a mais trabalhosa e mais cara. Dessa forma, o tamanho do programa fica limitado pela capacidade de avaliação experimental dos genótipos. De acordo com o autor, qualquer ganho em eficiência, nessa fase, representa, portanto, um ganho em eficiência em todo o processo.

Com a análise de estratificação ambiental e dissimilaridade de ambientes, permite-nos tomar decisões acerca de descartes de ambientes, e identificar grupos de ambientes onde a interação GxE pode não ser significativa para o conjunto de genótipos disponíveis.

Para o programa de melhoramento de algodão da Bayer, essa caracterização proporcionará atitudes assertivas quanto a uma melhor alocação de recursos materiais, técnicos, e maior possibilidade de sucesso na identificação dos genótipos pela utilização de locais mais divergentes, (discriminativos e representativos).

Com a economia de pontos de teste, o programa pode investir no aumento do número de genótipos a serem avaliados ou na inclusão de novos locais, que possam trazer mais informações à avaliação do desempenho dos genótipos e interação GxE.

Dentre os diversos métodos utilizados na quantificação dos efeitos da interação G×E e estratificação ambiental, os mais empregados são aqueles baseados em regressão linear única, regressão bissegmentada, regressão não linear e métodos não paramétricos (GARBUGLIO, 2010).

Neste trabalho, iremos abordar o método proposto por Yan et al. (2000), uma técnica GGE biplot (*genotype main effects + genotype environment interaction*), que considera o efeito principal de genótipo mais a interação

genótipo e ambiente, o método agrupa o efeito aditivo do genótipo G com o efeito multiplicativo da interação GE, e submete-os à análise de componentes principais.

As análises são baseadas em gráficos biplot, representando, graficamente, uma matriz de dados. Este método é fortemente defendido em artigos recentes (BALESTRE, 2009; SILVA; BENIN, 2012; YAN, 2007, 2015; YAN; TINKER, 2005).

O estudo de Dissimilaridade de ambientes no melhoramento do algodoeiro, tem como objetivo identificar ambientes similares, locais mais discriminativos e representativos e genótipos de algodão mais estáveis e adaptados do programa de melhoramento da empresa Bayer S/A.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A Importância do algodão

O algodão está entre as mais importantes culturas de fibras no mundo, todos os anos, uma média de 35 milhões de hectares de algodão é plantada por todo o planeta e a demanda mundial tem aumentado gradativamente. Desde a década de 1950, há um crescimento anual médio de 2%. O comércio mundial do algodão movimentada, anualmente, cerca de US\$ 12 bilhões e envolve mais de 350 milhões de pessoas em sua produção, desde as fazendas até a logística, o descaroçamento, o processamento e a embalagem. Atualmente, o algodão é produzido por mais de 60 países, nos cinco continentes. Cinco países – China, Índia, Estados Unidos, Paquistão e Brasil – despontam como os principais produtores da fibra (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES DE ALGODÃO - ABRAPA, 2015).

Para a Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB (2014), o algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.) é uma das principais culturas anuais no Brasil, com uma área de 1,22 milhões de hectares e com a produção média nacional de 3817 kg/ha de algodão em caroço e nas últimas três safras, com volume médio próximo de 1,7 milhão de toneladas de pluma, tornando Brasil o terceiro país exportador e o primeiro em produtividade em sequeiro. O cenário interno também é promissor: somos o quinto maior consumidor, com quase 1 milhão toneladas/ano.

2.2 Melhoramento do algodoeiro no Brasil

O melhoramento do algodoeiro foi iniciado em 1921, com o Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), depois se iniciaram os

trabalhos com o Instituto Agronômico de Campinas (IAC), em 1924, em 1930 já existia uma rede pesquisas de órgãos federais e estaduais no nordeste. Mas com a introdução do bicudo *Anthonomus grandis* no Brasil levou-se à extinção de alguns programas, ficando apenas o programa da EMBRAPA. Já, nas décadas de 80 a 90, os trabalhos eram realizados pelo IAC e IAPAR e EMBRAPA e, a partir de 1995, empresas privadas começaram a investir no centro-oeste, como a Fundação Mato Grosso, CODETEC, em parceria com CIRAD e, posteriormente, multinacionais como a Bayer que se associou à CSD-Csiro da Austrália, Stoneville, e a Delta and Pine Land Co, que se associou à Monsanto e, por fim, o instituto Matogrossense do Algodão-IMA (FREIRE; MORELLO; FARIAS, 2011).

Para a eficiência e manutenção do sistema de produção, é exigido esforço do melhoramento genético, visando à oferta de cultivares cada vez mais especializadas e competitivas, em termos de produtividade e qualidade de seus produtos.

De acordo com Penna (1999), as cultivares modernas de algodão precisam atender às demandas de basicamente três setores da economia: produtor, às empresas de beneficiamento e à indústria de fiação/tecelagem. Segundo o autor, ao produtor interessam cultivares produtivos, de porte e maturação uniformes, resistentes às principais doenças e pragas que infestam as lavouras.

Nesse contexto, programas de melhoramento de algodão no Brasil têm seus principais objetivos atrelados a caracteres quantitativos. Vários pesquisadores identificam-os em potencial produtivo de pluma, resistência ou tolerância às principais doenças e elevada qualidade tecnológica da fibra (MORELLO et al., 2008).

Para Cia (2007), a precocidade; resistência ao acamamento; porcentagem de fibra e, para qualidade da fibra como: comprimento,

uniformidade, tenacidade, alongação, porcentagem de fibras curtas, índice de micronaire, maturidade e alto potencial genético à resistência de doenças e plantas com arquitetura visando à colheita mecânica, são as características necessárias para uma cultivar de algodão.

As pesquisas, visando ao melhoramento do algodoeiro, têm sido conduzidas de modo contínuo, modificando-se as prioridades, sempre que necessário, para atendimento às necessidades dos produtores e indústria.

De acordo com Moresco (2003), após 12 anos de pesquisa no estado do Mato Grosso, o melhoramento genético da Embrapa algodão produziu resultados positivos e significativos, refletindo estimativas de ganho genético médio para o caráter rendimento de fibra de 1,03%, e 3,93% para produtividade de algodão em caroço (Kg/ha) o que corresponde a um aumento de produtividade de 77 a 87 kg/ha/ano.

Segundo Carvalho (2008), há estimativas de que os programas de melhoramento têm proporcionado ganhos genéticos de 1,0 a 1,3% ao ano, em vários países do mundo, inclusive no Brasil.

Para Freire, Morello e Farias (2011) as ações ou estratégias dos programas devem considerar a melhor forma de explorar a variabilidade genética disponível, frente à diversidade de ambientes e suas interações.

2.3 Interação genótipos por ambientes

A interação dos genótipos por ambientes (GxE) é caracterizada quando o comportamento das raças, linhagens ou cultivares não são consistentes nos diferentes ambientes, isto é, a resposta de cada genótipo é específica e diferente de outros genótipos às alterações que ocorrem nos ambientes (RAMALHO et al., 2012b).

Com o grande número de caracteres trabalhados em programas de melhoramento no Brasil, haja vista a diversidade ambiental, mesmo em ambiente de cerrado, bem como a condição de cultivo em ambiente tropical, em época com elevada temperatura e umidade favorecendo a ocorrência de diversas doenças fúngicas e bacterianas e em função da natureza genética desses diversos caracteres, o melhoramento torna-se mais complexo, haja vista a necessidade de conciliar e melhorar, simultaneamente, características muitas vezes negativamente correlacionadas.

Segundo Chaves (2001), para que um dado genótipo, ou conjunto de genótipos, seja reconhecido como cultivar, deverá ter passado por avaliações em diversas condições ambientais, de forma a se ter mais segurança quanto ao seu desempenho, mesmo assim, poderá acontecer que, no ambiente específico da lavoura de um agricultor ocorram condições ambientais não enfrentadas por aquela cultivar em sua fase de teste.

Independente do caráter “alvo”, sua expressão decorre de componentes genéticos e ambientais, tal como na expressão $F = G + E + GE$, onde o valor fenotípico (F) é condicionado pelo componente genético (G), pelo componente ambiental (E) e pela interação genética x ambiental (GE), quando estiverem envolvidos dois ou mais ambientes.

Segundo Allard e 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 e também as variações ambientais determinadas pela ação do homem, tais como, época e densidade de semeadura, níveis de adubação e tratos culturais. As variações imprevisíveis são oscilações no clima, tais como: volume e distribuição das chuvas, variações da temperatura e outros (RESENDE; DUARTE, 2007). Mesmo com o procedimento de dissimilaridade de ambientes,

uma fração da interação ainda permanece, em razão da ocorrência de fatores incontroláveis dos ambientes, os mencionados anteriormente, contra os quais a estratificação não oferece eficácia (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

De acordo com Farias (2005), a interação GxE ocorre sempre quando o desempenho dos genótipos não é consistente nos vários locais, ou seja, reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos frente à variação ambiental.

A interação GxE não pode ser considerada pelos melhoristas apenas como um problema, mas sim, como uma oportunidade a ser aproveitada. Adaptações específicas de genótipos a ambientes podem fazer a diferença entre uma boa e uma excelente variedade (GAUCH; ZOBEL, 1996).

Para Duarte e Vencovsky (1999), se não houvesse a interação G×E, uma dada cultivar poderia se adaptar à maioria dos ambientes de cultivo (locais, safras, condições de clima e solo), de maneira que um único ensaio poderia ser a base para uma recomendação generalizada.

A interação GxE tem inúmeras implicações para os programas de melhoramento, principalmente em fases finais do processo de desenvolvimento de cultivares, é imprescindível o estudo da estabilidade e adaptabilidade dos genótipos disponíveis, fornecendo subsídios para futura indicação das condições mais apropriadas de cultivo dos materiais desenvolvidos (MORELLO et al., 2008).

Para a detecção da interação GxE, 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 (OLIVEIRA, 2009).

De acordo com Ramalho et al. (2012a), os meios de atenuar os efeitos da GxE são, primeiro é a identificar de cultivares específicas para cada ambiente, segundo zoneamento ecológico-estratificação de ambientes e terceiro identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica. Segundo o autor, a

primeira opção é, praticamente, inexecutável, restando somente as outras duas opções, sendo que a terceira tem sido a mais utilizada.

2.3.1 Estratificação ambiental

No Brasil, o algodoeiro é cultivado em diferentes condições ecológicas, as quais podem ser agrupadas em três grandes regiões: Cerrado, Meridional e Semiárido. Para Morello et al. (2008), a cotonicultura concentra-se, principalmente, no ecossistema dos Cerrados, onde se tem grandes diferenças em termos de temperatura, distribuição de chuvas, ocorrência de doenças e pragas e também um elevado nível tecnológico, destacando-se tanto em área cultivada, quanto em produção.

Nesse contexto, os procedimentos de estratificação ambiental são feitos para verificar se informações geradas em diferentes locais de avaliação são complementares ou redundantes.

De acordo com Chaves (2001), para a realização da estratificação ambiental, deve-se utilizar os próprios dados derivados dos ensaios de avaliação de cultivares nos diferentes ambientes, pois o pressuposto básico para esse procedimento, é o de que as diferenças entre ambientes não são totalmente aleatórias nem totalmente sistemáticas, buscando-se então, determinar a estrutura dessa variação, distribuindo-a entre e dentro das regiões. Segundo o autor, o primeiro passo para análise, consiste em se medir a similaridade ou dissimilaridade entre os ambientes, baseando-se na interação provocada com os genótipos.

Dessa forma, o melhoramento pode voltar-se para a exploração de genótipos de ampla adaptabilidade, oferecendo ao setor produtivo cultivares que se sobressaia em ampla faixa ambiental e/ou cultivares adaptadas a condições específicas, que podem ser adversas ou extremamente favoráveis (FELIPE;

DUARTE; CAMARANO, 2010). Para os autores a estratificação de uma região, ou seja, a sua subdivisão em zonas relativamente homogêneas (estratos), permite, além da identificação e recomendação de genótipos superiores em cada estrato, à eliminação de locais de teste redundantes, na rede de ensaios.

A Caracterização ambiental é, por sua vez, a estratificação de ambientes com base em similaridades e discrepâncias, torna-se fundamental para a adequada avaliação do germoplasma, com estimação de parâmetros genéticos e condução dos programas de seleção (FREIRE, 2011).

2.3.2 Adaptabilidade e estabilidade fenotípica

Este estudo é a alternativa que tem sido mais utilizada, existe uma série de metodologias para esse fim e, constantemente, surgem novas opções.

A primeira dificuldade que surge na aplicação dessas metodologias é a conceituação de estabilidade e, mais ainda, diferenciar estabilidade de adaptabilidade. Para Ramalho et al. (2012a), é preferível usar o conceito como o preconizado por Mariotti et al. (1976), isto é, a adaptabilidade é avaliada apenas pelo desempenho médio do genótipo. De acordo com os autores, esse conceito é semelhante à proposta de DARWIN quando discutia a evolução das espécies “É mais adaptado o indivíduo que deixa mais descendentes”, fazendo uma analogia à “maior produção de grãos por área”. Já, estabilidade avalia o comportamento dos genótipos frente às variações ambientais, que podem ser devidas a locais, anos ou outro fator qualquer.

Para um programa de melhoramento com objetivos de criar novas cultivares de ampla magnitude e recomendando-as de forma mais segura possível, é necessário um estudo detalhado acerca da adaptabilidade e da estabilidade dos cultivares, assim como de seus caracteres importantes economicamente.

De acordo com Vicente, Pinto e Scapim (2004), é imprescindível o conhecimento sobre a capacidade do genótipo em assimilar vantajosamente os estímulos ambientais (adaptabilidade), e a manutenção do rendimento em ambientes diversos (estabilidade), podendo avaliar os materiais com precisão para recomendação.

As análises de adaptabilidade e estabilidade são, portanto, procedimentos estatísticos que permitem, de algum modo, identificar as cultivares de comportamento mais estável e que respondam previsivelmente às variações ambientais.

A estimação dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica tem sido muito difundida entre os melhoristas de plantas, devendo sempre avaliar os novos genótipos antes de sua recomendação como cultivares.

2.3.3 Metodologias para análises de adaptabilidade e estabilidade

No momento, existem várias metodologias para a análise de adaptabilidade e estabilidade como os métodos de ecovalência, regressão linear e multivariada, porém, neste estudo, será abordada a análise gráfica do GGE Biplot proposto por Yan (2001). O método da ecovalência foi proposto por Wricke (1965), esse método é relativamente simples e bastante difundido entre os melhoristas europeus. Para ele, a estabilidade é estimada pelo quadrado da soma da interação GxE para cada genótipo em todos os ambientes.

A metodologia proposta por Eberhart e Russell (1966), inferem, que o cultivar ideal, é aquele com produção média alta, coeficiente de regressão igual a uma unidade e com desvio da regressão o menor possível, ou seja, aquele com resposta positiva à melhoria das condições de ambientes ($b_i = 1,0$) e de comportamento altamente previsível $\sigma_{di}^2 = 0$. Assim, a metodologia está em concordância com o conceito agrônomo de estabilidade. Essa metodologia,

pressupõe uma relação linear entre o comportamento de cada cultivar e o índice ambiental. De acordo com os autores, o genótipo ideal é aquele que apresenta alta produção média, coeficiente de regressão igual a 1,0 e desvio da regressão tão pequeno possível.

A Metodologia da regressão Linear Bissegmentada, proposta por Cruz, Torres e Vencovsky (1989), baseia-se em uma análise de regressão bissegmentada e tem como parâmetros de estabilidade e adaptabilidade à média (b_{0i}), a resposta linear aos ambientes desfavoráveis (b_{1i}), a resposta linear aos ambientes favoráveis ($b_{1i} + b_{2i}$) e o desvio da regressão σ^2_{di} , por esse modelo podemos detectar, se um tratamento tem comportamento diferente nos ambientes inferiores e superiores. Assim, temos indicação de que o tratamento é resistente a uma deterioração da qualidade ambiental, mas é responsivo, se as condições ambientais melhoram.

A metodologia proposta por Toler (1990), mostra que um dado genótipo, quando avaliado em uma gama elevada de ambientes, pode mostrar dois padrões de resposta, denominando-os de padrões convexo e côncavo. De acordo com o autor, uma resposta convexa ocorre quando o genótipo apresenta desempenho consistente em ambientes desfavoráveis, sendo considerado duplamente desejável. Por outro lado, uma resposta côncava está relacionada ao genótipo que apresenta sensibilidade abaixo da média ambiental e que é não responsivo acima dessas condições médias, sendo considerado duplamente indesejável.

O método proposto por Lin e Binns (1988), permite identificar quais as cultivares se aproxima do máximo na maioria dos ambientes, essa metodologia considera o desvio sempre em relação ao máximo ou a alguma testemunha. Ela estima o quadrado médio da distância em relação ao desempenho nos vários locais.

O método proposto por Annichiarico (1992), estima à probabilidade de uma determinada cultivar apresentar desempenho abaixo da média do ambiente

ou de qualquer padrão utilizado. Em realidade, ela estima o risco de sucesso na adoção de uma determinada cultivar pelos agricultores.

Para a aplicação dessa metodologia, as médias de cada cultivar são transformadas em porcentagens de médias dos ambientes. Posteriormente, é estimado o desvio padrão das porcentagens de cada cultivar.

Várias metodologias de análise de estabilidade utilizando análise multivariada têm sido propostas, como veremos a seguir.

O método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) descrito por Gauch e Zobel (1988), que associa um modelo aditivo e multiplicativo para explicar a interação, é empregado no estudo de estabilidade, fundamentando-se em uma análise multivariada. Embora seja considerado apenas um caráter na análise, na maioria dos casos com caracteres quantitativos como a produtividade, a análise se torna multivariada, pois estão duas variâncias de interesse genótipos e ambientes. O modelo a ser utilizado envolve o efeito aditivo dos genótipos (G) e ambientes (E) e multiplicativo de interação dos genótipos x ambientes (GE).

Um método didático é o “Método Gráfico” de Nunes, Ramalho e Abreu (2005) que utiliza gráficos polares onde os fenótipos inerentes à cada variável para um dado genótipo, geram gráficos com formato de “bola cheia” e “bola murcha”. O formato “bola cheia” descreve uma linhagem que tem comportamento acima da média para todas ou quase todas as variáveis. Já, o formato “bola murcha” remete à linhagem que se apresenta deficiente, ou seja, desempenho abaixo da média, para algumas das variáveis.

Atualmente, essas metodologias estão ganhando grande popularidade, por serem multivariadas e com interpretação gráfica das matrizes, tais como o GGE Biplot que é uma modificação da análise AMMI convencional, proposta por Yan et al. (2000), a qual tem sido utilizada para estudo da interação GxE. Essa metodologia é defendida por novos artigos publicados (BALESTRE, 2009;

BENIN, 2012; NOERWIJATI; PRAJITNO, 2014; YAN, 2001, 2007, 2015; YAN et al., 2000; YAN; TINKER, 2005) em razão da sua praticidade na análise e visualização. O método GGE biplot tem ampla aceitação, e seu uso, tem crescido ascendentemente em análises de experimentos duplo fatoriais.

O método biplot foi desenvolvido por Gabriel (1971), para representar, graficamente, resultados de análise de componentes principais ou de decomposição de valores singulares e, posteriormente, modificado por Yan et al. (2000), criando o GGE biplot.

Á análise GGE biplot agrupa o efeito de genótipo, que é um efeito aditivo na análise AMMI, com a interação GxE, efeito multiplicativo e submete esses efeitos a um modelo multiplicativo de regressão para locais (SREG - Sites Regression).

Para Yan (2001), o GGE biplot é um método eficaz que se baseia na análise de componentes principais (PCA), para explorar, totalmente, os ensaios multiambiente (METs), permitindo um exame visual das relações entre os ambientes de teste, genótipos e as interações genótipos por ambientes (GxE). Porém, no GGE biplot, ambos os eixos estão na mesma escala, portanto, o gráfico do GGE biplot mostra não só a desempenho médio e a estabilidade de cada genótipo, mas também a desempenho relativo de cada genótipo em cada ambiente (YAN, 2007).

Na metodologia GGE biplot, o cosseno do ângulo entre dois ambientes corresponde à correlação genética entre eles, outros tipos de biplots não apresentam essa propriedade (YAN, 2007), o que torna essa metodologia mais eficiente em relação a outras técnicas baseadas em biplot (YAN, 2011).

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 (GxE) 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, 2001).

De acordo com Gauch (2006) o modelo GGE biplot, não separa o efeito do genótipo (G) da interação genótipo ambiente (GxE), tal como a análise AMMI. Entretanto, Yang et al. (2009), discordam, pois melhoristas e fitotecnistas têm interesse em selecionar plantas com base no G e na GxE, simultaneamente.

Com os estudos estabilidade em híbrido de milho realizado por Alwala et al. (2010), indicou que a análise GGE biplot serviria como uma plataforma melhor, em comparação com o método de Eberhart e Russell (1966) para identificar híbridos de rendimento estáveis e produtivos.

Para Garbuglio (2010), o método GGE biplot tem se mostrado muito promissor no que se refere à facilidade na obtenção de informações sobre a adaptabilidade de genótipos e a composição de mega-ambientes, tendo por princípio o processo de regressão dos efeitos genotípicos associados aos efeitos de interação GxA.

Em sua revisão de conceitos e interpretação de GGE biplot Silva e Benin (2012), descreve o modelo GGE biplot com a seguinte sintaxe:

$y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \Phi_{ij}$, onde, Y_{ij} é o desempenho esperado do genótipo i no ambiente j ; μ é a média geral das observações; α_i é o efeito principal do genótipo i ; β_j é o efeito principal do ambiente j ; Φ_{ij} é a interação entre o genótipo i e o ambiente j .

Segundo Balestre (2009), em um estudo para avaliar a estabilidade e adaptabilidade da produtividade de grãos de híbridos comerciais, utilizando a análise gráfica, o GGE biplot foi superior ao AMMI1 uma vez que uma parte

maior da soma dos quadrados de $G + GE$ foi capturada e a precisão preditiva foi maior. De acordo com Voltas, López-Córcoles e Borrás (2005), o GGE biplot facilita à avaliação visual, principalmente no gráfico "quem ganha onde", e estas informações são úteis para recomendação de cultivares e identificação mega-ambientes.

Para Benin (2012), em um estudo de avaliação de diferentes níveis de manejo de cultivares de Trigo, as análises gráficas GGE biplot e AMMI1 simplificam e facilitam a visualização dos dados e são eficientes, em indicar cultivares adaptadas aos níveis de manejos. Em estudos com capacidade de combinação para melhorar a qualidade do arroz na china, os resultados do GGE biplot mostraram um bom potencial para identificar os pares adequados, grupos heteróticos e os melhores híbridos (FOTOKIAN; AGAHI, 2014).

Segundo Yan (2011), o GGE biplot pode ajudar os pesquisadores a entender melhor o seu ambiente- alvo, para estabelecer estratégias e testes de melhoramento de baixo custo, além de identificar genótipos superiores que são amplamente ou especificamente adaptados.

O método GGE biplot para dissimilaridade de ambientes demonstrou-se consistente, em um estudo realizado por Ramburam, Zhou e Labuschagne (2012), no sul da África com cana-de-açúcar. Com o estudo foram identificados locais redundantes, por meio das análises gráficas, ocorrendo à remoção dos locais e investimento em outros locais.

Um estudo comparativo para a estabilidade e adaptabilidade através de diferentes linhas de *Papaver somniferum* L., concluiu que o modelo GGE biplot proposto por Yan et al. (2000), é mais adequada para a análise de estabilidade do que outros modelos, em razão da facilidade de visualização de genótipos estáveis pela representação gráfica (SHUKLA et al., 2015).

Uma correlação entre diferentes modelos estatísticos no ranking de genótipos de trigo de inverno foi realizada por Roostaei, Mohammadi e Amri

(2014), e os autores concluíram que os métodos (Joint regression analysis; Yield stability (YSi) statistic; AMMI analysis e GGE biplot analysis) deram resultados semelhantes, mas, geralmente, na identificação de genótipos superiores, o GGE biplot era mais versátil e flexível, e proporcionou um melhor entendimento da interação GE, que os outros métodos.

Na revisão realizada, o método GGE biplot é bastante sugerido para a análise de estabilidade e dissimilaridade de ambientes, porém Hongyu (2015), sugere uma metodologia para ponderar o GGE, pois existem dois problemas segundo o autor, onde o modelo só pode ser utilizado para analisar dados MET (multiambientes), que tenham uma única característica, por exemplo, produção que está em todos os ambientes; e no conjunto de dados, cujos ambientes são heterogêneos.

Em um estudo realizado por Baxevanos (2008), mostrou-se que a metodologia do GGE biplot, foi eficiente para a separação dos locais de teste de ensaios de algodão, tanto para a sua capacidade de discriminação e representatividade, fornecendo informações úteis sobre a eficácia de cada local de teste para o desenvolvimento e / ou recomendação de cultivares com adaptação específica ou ampla.

Neste contexto, foi realizado um estudo por Xu et al. (2014), com o objetivo de avaliar a adequação da análise GGE biplot para avaliar locais de teste e investigação de possível diferenciação mega-ambiente de algodão na China, e no caso um grande número de locais ao longo de muitos anos, e concluíram que a análise GGE biplot é adequada para a aplicação da investigação mega-ambiente.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de produtividade de algodão em caroço provenientes de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), do programa de Melhoramento da Empresa Bayer.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições nas safras 2012/2013 e 2013/2014. Os experimentos foram instalados em seis localidades, nas duas safras agrícolas, totalizando doze ambientes, distribuídos entre os estados de Goiás, Mato Grosso e Bahia. As parcelas foram constituídas de duas fileiras de 10,0 m e 0,9 m entre fileiras, com área útil de 18,0 m² e uma população de 100.000 plantas/ha. A variável considerada foi à produtividade em algodão em caroço, medida em kg/ha. A condução experimental seguiu as recomendações técnicas indicadas para cada local.

3.1 Genótipos

A relação dos 30 genótipos de algodão utilizados, são apresentados na Tabela 1, foi composto por variedades comerciais e linhagens da companhia, todos suscetível a lepidópteros, para que não houvesse vantagens em relação ao manejo local.

3.2 Locais ou ambientes

Os locais da instalação dos experimentos estão apresentados na Tabela 2, estes fazem parte da rede de experimentos da Bayer, composto por uma estação base, localizada em Trindade-Go, e duas outras estações satélites, sendo

uma em Luís Eduardo Magalhães-BA, a segunda em Campo Verde-MT, e os outros três locais, são áreas de produtores parceiros da companhia.

Tabela 1 Relação dos genótipos de algodão (*Gossipium hirsutum* L.), estudadas nas regiões de Goiás, Mato Grosso e Bahia. Safras agrícolas de 2012/2013 e 2013/2014

Genótipo	Linhagens	Genótipo	Linhagens
1	BR07536-09-04	16	EB 3547
2	BR07559-07-16	17	EB 3552
3	BS 2106GL*	18	EB 360526
4	DP NuOpal RR*	19	EB 3813
5	EB 0401	20	EB 500313
6	EB 0403	21	EB 50040
7	EB 0521	22	EB 5925
8	EB 18213	23	FM 910
9	EB 210823	24	FM 944GL
10	EB 280574	25	FM 951LL
11	EB 324410	26	FM 966LL
12	EB 3274	27	FM 982GL
13	EB 3289	28	FM 993
14	EB 3432	29	FMT 705*
15	EB 3541	30	IMA 6001LL*

* Testemunhas comerciais que não são da Empresa Bayer.

Tabela 2 Descrição dos ambientes onde os ensaios foram conduzidos. Safras agrícolas 2012/2013 e 2013/2014

Ambiente	UF	Município	Latitude	Longitude	Alt.
E1	GO	Trindade	S 16° 37'31,3"	W 049° 32' 59"	703 m
E2	BA	Luís E. Magalhães	S 12° 04.875'	W 045° 55.435'	800 m
E3	MT	Poxoréo	S 15° 25.559'	W 054° 26.490'	692 m
E4	BA	Barreiras	S 11° 39.397'	W 046° 02.823'	815 m
E5	BA	Correntina	13° 24.456'	W 046° 06.594'	938 m
E6	MT	Pedra Petra	S 16° 45.304'	W 053° 59.388'	721 m

Alt. – Altitude; **UF** – Unidade Federativa;

3.3 Avaliação e colheita dos experimentos

As avaliações dos experimentos iniciaram no estágio reprodutivo, com caracterização de genótipos tolerantes/resistentes a doenças fúngicas, e, posteriormente, as avaliações de caracteres agrônômicos, (ciclo, aspecto visual e retenção de pluma). Após as avaliações, começaram as colheitas de amostras-padrão com vinte capulhos por parcela e posterior descarçamento das mesmas, com o objetivo de retirada da fibra para a análise de qualidade intrínsecas dos genótipos.

O processo de colheita foi todo mecanizado, realizado por colheitadeiras (Cotton Picker), e com descarregamento dos dados de produtividade diretamente em computadores, para posterior análise dos dados.

3.4 Análise dos dados

As análises foram realizadas com suporte computacional, desde comparações simples, múltiplas e análise gráficas, utilizando o software R.

3.4.1 Análise individual

Para o delineamento que os ensaios foram instalados, nas análises individuais, foi utilizado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij},$$

Em que:

Y_{ij} : observação da parcela que recebeu o genótipo i no bloco j ($i:1, \dots, 30$ e $j:1, 2, 3, 4$);

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo i ;

b_j : efeito do bloco j ;

e_{ij} : erro experimental associado à parcela que recebeu o genótipo i no bloco j .

Inicialmente, procedeu-se a análise de variância individual, com doze análises, referente aos seis experimentos em duas safras. Foi utilizado o procedimento Anova (AOV) do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2014). Antes de iniciar comparações múltiplas, realizou-se o teste homogeneidade das variâncias como proposto por Ramalho, Ferreira e Oliveira (2012). O teste utilizado visando a detectar dados discrepantes foi o da análise da razão do maior quadrado médio do erro (QME), pelo menor (QME) e eliminando os locais com razão > 7 , de acordo com Pimentel-Gomes e Garcia (2002), as análises individuais realizadas são apresentadas na Tabela 3 e Tabela 4.

3.4.2 Análise conjunta por locais

Para o delineamento ao qual os ensaios foram instalados, nas análises conjuntas com dois fatores, foi utilizado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + l_k + b_{j(k)} + g_i + gl_{ik} + e_{ijk},$$

Em que:

Y_{ijk} = observação da parcela que recebeu o genótipo i no bloco j no local k .

μ : média geral;

l_k = efeito do local k ;

$b_{j(k)}$: efeito do bloco j dentro do local k .

g_i : efeito do genótipo i ;

gl_{ik} : efeito da interação genótipos i por locais k ;

e_{ijk} : erro experimental associado à parcela que recebeu o genótipo i no bloco j e no local k ;

Os resultados das análises conjunta dos seis ambientes por safra são apresentados nas Tabela 5 e Tabela 6.

3.4.3 Análise conjunta por locais e anos

De acordo com o delineamento ao qual os ensaios foram instalados DBC, para as análises conjunta com três fatores, foi utilizado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijks} = \mu + a_s + l_k + b_{j(ks)} + g_i + la_{ks} + ga_{is} + gl_{ik} + gla_{iks} + e_{ijks},$$

Em que:

Y_{ijks} = observação da parcela que recebeu o genótipo i no bloco j no local k no ano s .

μ : média geral;

g_i : efeito do genótipo i ; $i=1,2,\dots,30$

b_j : efeito do bloco j ; $j=1,2,3,4$

l_k = efeito do local k ; $k=1,2,3,4,5,6$

a_s = efeito do ano s ; $s=1,2$

$b_{j(k)s}$ = efeito de blocos j dentro de locais k dentro de anos s ;

ga_{is} = efeito da interação genótipos i por anos s ;

gl_{ik} = efeito da interação genótipos i por locais k ;

al_{sk} = efeito da interação anos s por locais k ;

gal_{iks} = efeito da interação tripla entre genótipos i por locais k por anos s ;

e_{ijks} = erro experimental associado à parcela que recebeu o genótipo i no bloco j e no local k no ano s ;

Utilizando o software R, realizou-se a análise conjunta e o procedimento de Scott e Knott (1974), conforme Ramalho, Ferreira e Oliveira (2012), considerando todos os efeitos como fixo, os resultados são apresentados na Tabela 7 e 8, respectivamente.

3.4.4 Análise gráfica GGE Biplot

Com os dados balanceados, realizaram-se as análises gráficas com software GGE biplot de Yan e Kang (2003), geraram-se gráficos para múltiplas comparações de estabilidade, adaptabilidade, dissimilaridade de ambientes, e comparações entre genótipos, os modelos utilizados no software foram os seguintes:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \Phi_{ij},$$

Em que:

Y_{ij} = é o desempenho esperado do genótipo i no ambiente j;

μ = é a média geral das observações;

α_i = é o efeito principal do genótipo i;

β_j = o efeito principal do ambiente j;

Φ_{ij} = é a interação entre o genótipo i e o ambiente j;

Segundo o autor, apenas o efeito principal de genótipo G que está nos primeiros componentes (PC1) e da interação genótipos por ambientes GE que está no (PC2), são importantes, devendo ser considerados concomitantemente. O modelo GGE biplot não separa G da GE, mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, que podem ser visualizados na seguinte equação:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{i1} + g_{i2}e_{2j} + \varepsilon_{ij},$$

Em que:

Y_{ij} é o desempenho esperado do genótipo i no ambiente j;

μ é a média geral das observações;

α_i é o efeito principal do genótipo i;

β_j é o efeito principal do ambiente j;

$g_{i1}e_{i1}$ são denominados escores principais do genótipo i e ambientes j;

$g_{i2}e_{2j}$ são os escores secundários para o genótipo i e ambiente j;

ε_{ij} é o resíduo não explicado por ambos os efeitos.

O gráfico biplot no modelo GGE se dá por meio da dispersão simples de g_{i1} e g_{i2} para genótipos, e e_{1j} e e_{2j} para ambientes. O escore primário é obtido, por meio da decomposição de valor singular (SVD) dos valores em três matrizes, valores esses oriundos de uma tabela que apresenta genótipos e ambientes em três matrizes. A SVD é importante na análise biplot, pois permite computar os componentes principais e, também, fornece uma medida da variabilidade capturada por cada um dos componentes.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância individual são apresentados nas Tabelas 3 e 4, onde a média dos locais variam de 4.044 á 7.049 kg/ha de algodão em caroço, e o coeficiente de variação de 9,04% á 12,87%, acurácia de 66% á 86% aproximando-se do que é proposto por Resende e Duarte (2007). Segundo os autores o CV% ideal é $\leq 10\%$ e acurácia seletiva $\geq 90\%$. Esses resultados evidenciam que houve uma boa qualidade dos experimentos e alto potencial produtivo dos genótipos ao longo dos ambientes.

Na análise de variância conjunta (dois fatores), que são apresentados nas Tabelas 5 e 6, exibem-se as fontes de variação que foram significativas e a qualidade experimental com índices de CV% e acurácia seletiva, de acordo com a definição de Resende e Duarte (2007).

Os dados da análise de variância conjunta (tripla) dos locais nas duas safras são apresentados na Tabela 7, com média geral de 5.397 kg/ha de algodão em caroço, com boa qualidade experimental, e índices ideais, como é sugerido pelos os autores acima. Entretanto, as fontes de variação foram significativas ao teste F, a 5% de probabilidade, indicando que os genótipos têm diferentes potenciais produtivos e que os ambientes de avaliação também diferem quanto às condições ambientais ou de manejo cultural que influenciam o desenvolvimento e produtividade.

A significância da interação GxE, indica ainda, que os genótipos têm comportamento não consistente nos ambientes (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012), o que justifica o estudo mais aprofundado sobre o comportamento dos genótipos, para identificar a magnitude de interação com os ambientes, procurando alternativas para atenuar o seu efeito.

As médias dos genótipos foram agrupadas, para observação dos melhores desempenhos ao longo dos anos e ambientes. O teste SK que foi utilizado para o agrupamento, como recomendado por Scott e Knott (1974).

Os resultados são expostos na Tabela 8, observa-se, com o agrupamento, que os genótipos G19, G28 e G17, mantêm-se no primeiro grupo (A) nas duas safras e na média das safras. Para Ramalho et al. (2012a), quando há inversão frequente dos genótipos nos vários ambientes, a interação complexa assume grande importância, o que pode além de indicar a existência de genótipos especificamente adaptados a determinados locais, e podem indicar outros com adaptação ampla.

De acordo com Resende e Duarte (2007), a falta de correlação genética entre os tratamentos de um ambiente para outro é reflexo da interação do tipo complexa, o que dificulta a seleção e reforça a necessidade de avaliações em termos de adaptabilidade e estabilidade.

Tabela 3 Resumo das análises individuais dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha para os seis locais na safra 2012/2013

FV	GL	QM					
		E1	E2	E3	E4	E5	E6
GENÓTIPO	29	1091357*	1798116*	773737*	5210114*	1505228*	911742*
REP	3	982540*	148222	30684	1428251	382491	1682563*
ERRO	87	125920	437380	239845	774993	243522	372628
MÉDIA		5304	5580	5474	5573	5253	5891
CV%		6,69	11,85	8,94	15,79	9,39	10,36
ACURÁCIA		0,88	0,75	0,69	0,85	0,83	0,59

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 4 Resumo das análises individuais dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha para os seis locais na safra 2013/2014

FV	GL	QM					
		E1	E2	E3	E4	E5	E6
GENÓTIPO	29	2606681*	836558*	1142971*	1758617*	1035082*	820570*
REP	3	567101	671563	4461788*	1740107*	2052300*	341647
ERRO	87	340103	284034	328207	456151	322397	233124
MÉDIA		6446	4872	4868	7049	4410	4044
CV%		9,04	10,93	11,76	9,58	12,87	11,93
ACURÁCIA		0,86	0,66	0,71	0,74	0,68	0,71

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 5 Resumo da análise conjunta (com dois fatores) dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha dos seis locais na safra 2012/2013

FV	GL	SQ	QM
LOCAL (L)	5	31699585	6339917*
GEÓTIPO (G)	29	104370532	3598984*
L x G	145	223047953	1538262*
ERRO	522	190903065	365715
MÉDIA	5513		
CV%	10,9		
ACURÁCIA	0,89		

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 6 Resumo da análise conjunta (com dois fatores) dos dados de produção de algodão em caroço em Kg/ha dos seis locais na safra 2013/2014

FV	GL	SQ	QM
LOCAL (L)	5	853493289	170698658*
GENÓTIPO (G)	29	140153626	4832884*
L x G	145	9766287	673519*
ERRO	522	170869393	327336
MÉDIA	5281		
CV%	10,3		
ACURÁCIA	0,93		

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 7 Resumo da análise conjunta dos dados (com três fatores) de produção de algodão em caroço em Kg/ha, em todos os ambientes nas duas Safras

FV	GL	SQ	QM
LOCAL (L)	5	395748146	79149629*
GENÓTIPO (G)	29	215810193	7441731*
SAFRA (S)	1	19247169	19247169*
L X G	145	192390700	1326832*
G X S	29	28713965	990137*
L x S	5	489444728	97888946*
L x S x G	145	128317541	884949*
ERRO	1044	361772458	346525
MÉDIA	5397,00		
CV%	10,90		
ACURÁCIA	0,95		

* Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Diante dos pressupostos, um exemplo seria o G24, o mesmo apresentou um ótimo resultado na média dos ambientes na safra 2012/2013 ficando no grupo A, e já na safra 2013/2014 ficou no grupo C.

E em relação aos ambientes na safra 2012/2013, o E6 foi superior aos demais, 9,15% em relação média geral e em 5,5% comparado com segundo local E2 mais produtivo. Já, na safra 2013/2014, o E4 foi o que teve o melhor desempenho, superando a média geral, em 30% e em 9,3% o segundo local E1.

Na análise conjunta Tabela 7, pode-se observar que a SQ_{LXS} foi superior às demais fontes de variação, mas não podemos inferir que a interação é de alta magnitude. De acordo com Chaves (2001), a significância revela apenas que se tem razoável grau de certeza, que a variância dos efeitos da interação não é nula. Para comprovar a consistência dos genótipos e ambientes, iremos partir para análises gráficas com GGE biplot, dito anteriormente.

Nos resultados e discussão da análise gráfica dos trinta genótipos de algodão nos seis ambientes e nas duas safras é primordial a regra de interpretação. De acordo com Yan et al. (2000), no gráfico GGE biplot, são apresentados os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipo (G) + (GxE). O primeiro componente (PC1) indica a adaptabilidade dos genótipos, ou seja, é altamente correlacionada com a produtividade o que preconiza Ramalho et al. (2012a). O segundo componente (PC2) é correlacionado com interação.

Tabela 8 Médias de produtividade em Kg/ha de algodão em caroço, agrupadas pelo teste de Scott- Knott proposto por Scott e Knott (1974)

RANK	Safrá 2012/2013			Safrá 2013/2014			Conjunta		
	TRAT	MÉDIAS		TRAT	MÉDIAS		TRAT	MÉDIAS	
1	19	6042	A	19	5943	A	19	5992	A
2	28	6013	A	17	5762	A	17	5882	A
3	17	6002	A	9	5735	A	28	5845	A
4	24	5999	A	10	5701	A	15	5756	B
5	15	5975	A	28	5677	A	27	5724	B
6	13	5953	A	27	5665	A	10	5713	B
7	5	5820	B	16	5639	A	8	5709	B
8	8	5791	B	8	5627	A	22	5671	B
9	27	5783	B	18	5605	A	16	5661	B
10	22	5755	B	22	5587	A	13	5658	B
11	10	5725	B	15	5537	A	24	5595	C
12	23	5723	B	3	5450	B	5	5576	C
13	16	5683	B	12	5437	B	9	5567	C
14	3	5666	B	29	5429	B	3	5558	C
15	2	5603	B	13	5364	B	2	5481	C
16	12	5463	C	2	5359	B	18	5475	C
17	25	5433	C	21	5349	B	23	5469	C
18	9	5399	C	5	5331	B	12	5450	C
19	29	5370	C	23	5215	C	29	5399	C
20	20	5364	C	11	5194	C	21	5320	C
21	18	5345	C	24	5192	C	20	5221	D
22	21	5292	C	6	5170	C	25	5211	D
23	7	5253	C	20	5077	C	11	5204	D
24	6	5231	C	14	5057	C	6	5200	D
25	11	5214	C	25	4990	C	14	5101	D
26	14	5145	C	1	4891	D	4	4887	E
27	4	5107	C	4	4668	D	1	4852	E
28	30	4823	D	7	4371	E	7	4812	E
29	1	4812	D	30	4331	E	30	4577	F
30	26	4597	D	26	4094	E	26	4345	F

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

Para Hongyu (2015), a regra de interpretação é: 1) o desempenho de um genótipo e de um ambiente é melhor que a média, se o ângulo entre seu vetor e o

vetor do ambiente é $< 90^\circ$; 2) é pior que a média se o ângulo for $> 90^\circ$ (Porque o cosseno de um ângulo obtuso é menor que 0); e que está próximo da média, se o ângulo é aproximadamente ou igual a 90° .

Na Figura 1, é apresentada, graficamente, à disposição dos ambientes em cor azul, podendo ser observada a similaridade dos ambientes E3 e E6, de acordo com que relata Yan e Kang (2003). Os autores preconizam que o cosseno do ângulo entre dois ambientes corresponde à correlação genética entre eles. O que torna esta metodologia mais eficiente em relação a outras técnicas baseada em biplot (YAN, 2011). Também é possível observar o quanto E4 se discrimina em relação média dos ambientes, contribuindo para a significância da variação.

Na Figura 2, o gráfico apresenta a capacidade de representatividade nos ambientes de testes. De acordo com Hongyu (2015), o objetivo da avaliação “teste-ambiente” é identificar ambientes de teste que podem ser utilizados para selecionar genótipos superiores de forma eficaz para um mega-ambiente. Segundo o autor, um ambiente de teste “ideal” deve ser tanto de discriminação dos genótipos e representação do ambiente alvo.

Diante dessas informações, é possível verificar que os ambientes E1, E4 e E5, são os mais discriminantes, em razão do comprimento dos seus vetores, porém os mesmos têm grandes ângulos em relação ao eixo do ambiente-média (EAM). Neste contexto, estes ambientes devem ser utilizados para a seleção de genótipos de adaptação específica. Já, o ambiente E2 apresenta um ângulo pequeno em relação ao EAM, esse ambiente aproxima-se do ideal, é mais representativo, porém discrimina um pouco menos, em razão do tamanho do seu vetor, deve ser utilizado para a seleção de genótipos de ampla adaptação. O ambiente E6 e E3, discriminantes, porém, pouco representativos e muito similares, conforme afirma Freire (2011), seriam possíveis locais a serem eliminados da rede de experimentação, como é sugerido por Felipe, Duarte e Camarano (2010). Mas segundo Russell et al. (2003), a estratificação de

ambientes pela análise da interação (GxE) só possui aplicação no melhoramento, na presença de repetibilidade ao longo do tempo e 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. Para os autores, o que foi evidenciado no estudo em apenas duas safras, pode ser uma mudança de expressão dos fatores.

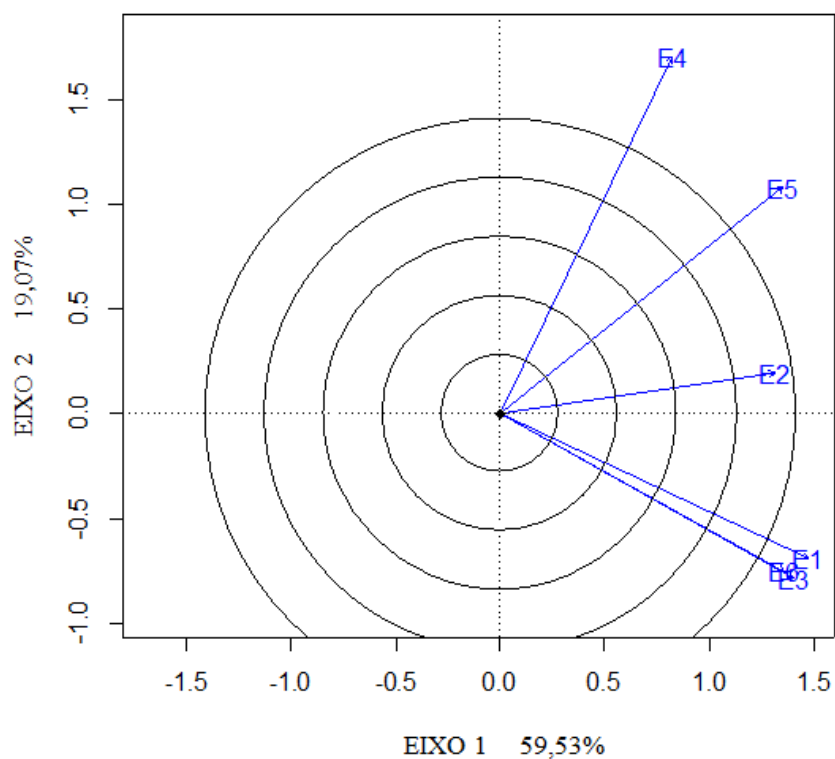


Figura 1 Gráfico GGE biplot com seis ambientes, evidenciando a relação entre os ambientes, na média das Safras 2012/2013 e 2013/2014

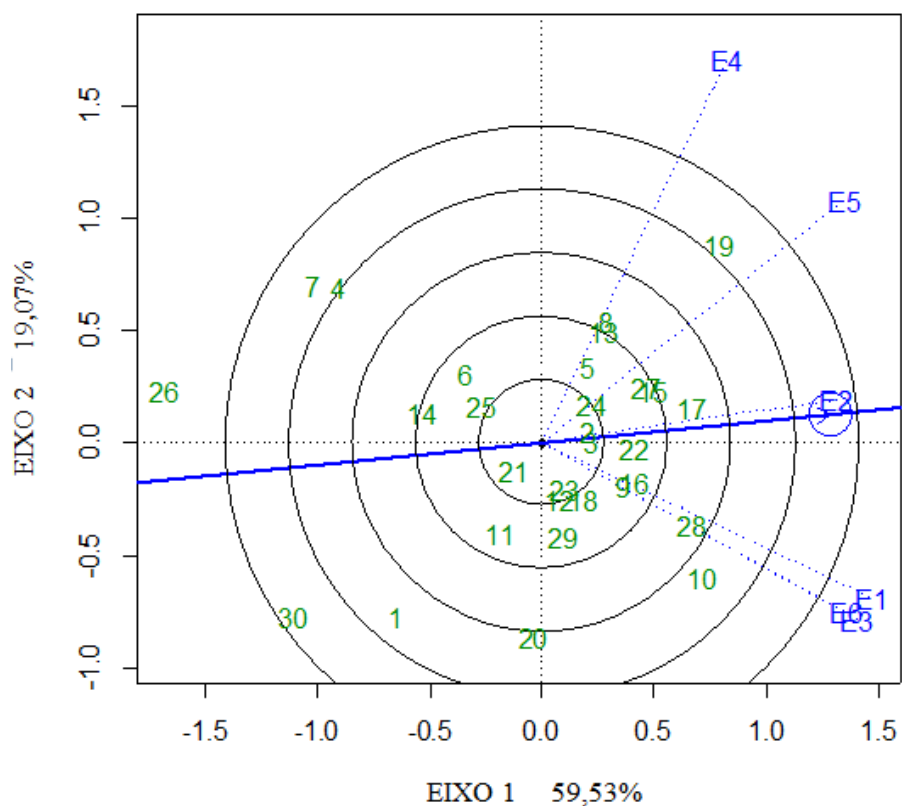


Figura 2 Gráfico GGE biplot “discriminação e representatividade” dos ambientes de testes na média das safras 2012/2013 e 2013/2014

Nessa ótica, seria necessário mais estudo ou repetibilidade dos experimentos para tomada de decisão de eliminar ou não, o local E6 ou E3.

Na Figura 3, apresenta-se um modelo de gráfico GGE biplot, muito utilizado, é definido em “quem venceu onde”. Nesse modelo ocorre formação de um polígono com os genótipos vencedores, dividindo o gráfico em setores formando os mega-ambientes. Segundo Yan et al. (2000), esse modelo é muito

útil para estudar a possível existência de mega-ambientes dentro de uma região produtora.

De acordo com Yan e Kang (2003), quando diferentes cultivares estão adaptadas a diferentes grupos de ambientes, e a variação entre grupos é maior do que dentro do grupo, tem-se a formação de um mega-ambiente.

Para Mattos (2012), o mega-ambiente são aqueles setores em que um ou mais ambientes estão contidos.

Na análise GGE biplot, quando se estuda mega-ambiente, a média no gráfico não está relacionada à média geral, mas sim, à média do mega-ambiente (YAN; TINKER, 2006). Portanto, a média de cada cultivar é comparada dentro do seu mega-ambiente.

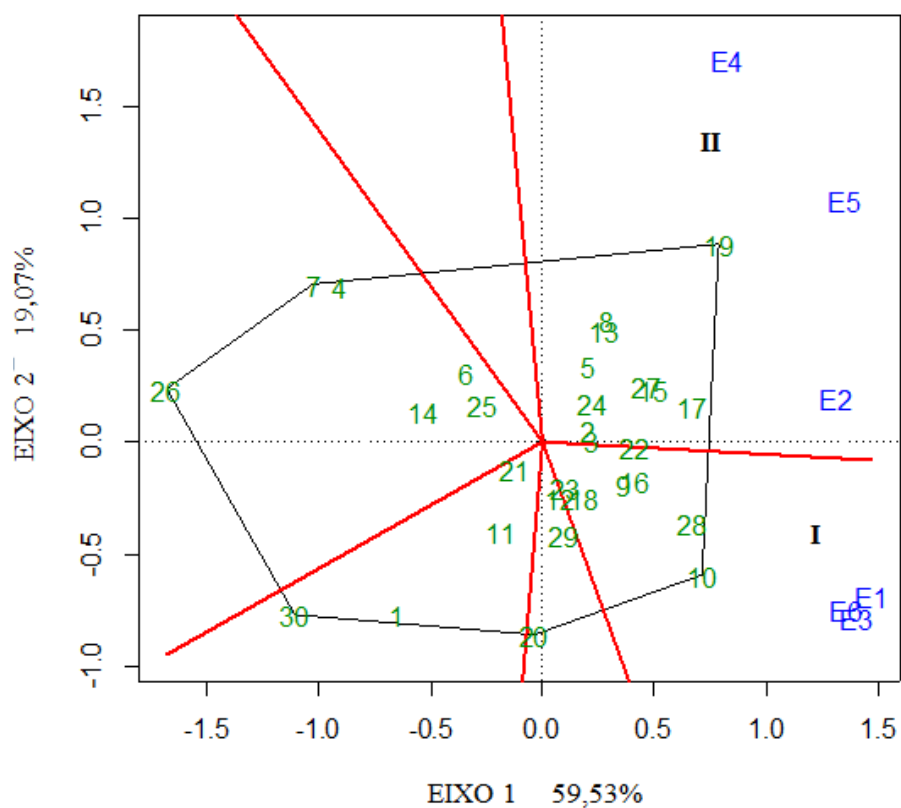


Figura 3 GGE Biplot 'which won where' de 30 genótipos de algodão avaliados na média das safras 2012/2013 e 2013/2014

Para Voltas, López-Córcoles e Borrás (2005), esse gráfico facilita muito a avaliação, para recomendar cultivares e identificar mega-ambientes.

Neste contexto, podemos inferir que o gráfico é composto por dois mega-ambientes, sendo o primeiro composto por E1, E3, E6, e o segundo composto por E2, E4, e E5. Outra interpretação possível é que os genótipos

localizados dentro de um mesmo setor são os mais adaptados àqueles ambientes dos setores.

Em resultados de estudo de comparação dos métodos de Eberhart e Russell e GGE biplot utilizando híbridos de milho, Alwala et al. (2010), concluem que a compartimentação de genótipos em vários setores, indica uma presença de interação significativa GE, e se esse agrupamento de locais for repetível ano após ano, os locais incluídos dentro de cada setor podem ser considerados como um mega-ambiente.

Continuando com a análise do gráfico “quem ganhou onde”, os genótipos vencedores foram G19 e G17, ideal para recomendação no mega-ambiente II, seguidos G10 e G28 ideal para recomendação no mega-ambiente I. E nos setores de G20, G30, G26, e G7, que não contêm ambientes, significa que esses genótipos não eram produtivos em nenhum ambiente, ou seja, esses genótipos são os piores, em relação à produtividade em alguns ou em todos os ambientes.

Na Figura 4, exibe-se o gráfico GGE biplot “Média versus Estabilidade”, é muito utilizado para estudo da estabilidade e adaptabilidade dos genótipos.

O gráfico é composto por uma reta EAM de cor verde, com uma seta, e uma reta também de cor verde quase na vertical do gráfico, sem setas, que define maior variabilidade de desempenho ou menor estabilidade, em ambos os sentidos. A visualização do rendimento é observada no eixo x, em que quanto mais à direita do centro (0) do biplot maior é o rendimento, e quanto mais à esquerda, menor o rendimento. Em relação à estabilidade, essa pode ser visualizada no eixo y, no qual quanto mais distante do centro (0) do biplot em ambos os sentidos menor é a estabilidade (GABRIEL, 1971; YAN; KANG, 2003). De acordo com Alwala et al. (2010), a estabilidade nos métodos comparados em seu estudo, é melhor previsto por resultados GGE biplot. O que

assegura mais ainda a opção desta metodologia, neste estudo com genótipos de algodão.

No estudo de comparação de métodos realizado por Hongyu (2015), o autor utilizou um gráfico com componentes principais, apresentando os valores PC1 de 39.35% e PC2 de 24.61%. Segundo o autor com esses valores dos componentes, o biplot explica apenas uma proporção da variação total, pois o valor do PC1 é pequeno em relação a PC2.

Para Oliveira (2009), quanto maior for o valor do escore do primeiro componente (PC1), maiores são as médias dos genótipos, e se o segundo componente (PC2) está próximo de zero, os genótipos são considerados como mais estáveis.

Em avaliações de cultivares de trigo, em diferentes níveis de manejo, Benin (2012) teve porcentagem de explicação acumulada para o ano agrícola de 2008 de 89,3% e em 2009 de 98,7% tais valores conferem elevada confiabilidade na explicação da variação total do desempenho do genótipo (G), mais a interação com o ambiente (GxE).

De acordo com Sinebo, Lakew e Feyissa (2010), os autores observaram correlação quase perfeita entre o rendimento de grãos e o PC1, confirmando a capacidade do PC1 representar a variável em estudo.

Interpretando o gráfico da Figura 4, onde o PC1 foi de 59,53% e PC2 19,07%, um total de explicação de 78,6% é possível predizer quais são os genótipos mais estáveis, em razão dos valores de PC1 e PC2.

Neste contexto, é possível inferir que o G19 teve o melhor desempenho em relação aos demais, estando bem próximo à posição do genótipo ideal, entretanto é pouco estável, e apresentou adaptação específica ao local E5 e E4. Já G17 e G28 tiveram um bom desempenho e é mais estável que G19, o G10 teve um bom desempenho, porém é pouco estável e apresentando uma adaptação específica aos locais E3, E6 e E1 como é preconizado por Mariotti et al. (1976).

Já, os G2, G3 e G22 também tiveram o desempenho acima da média e são os mais estáveis. No entanto, esses genótipos não se adequa ao conceito proposto por Yan (2011) e Yan e Tinker (2006), de “estabilidade elevada” onde o genótipo estável, é desejado apenas quando apresenta alta performance média.

Os genótipos G20>G21>G11>G25>G6>G14>G1>G4>G7>G30>26, tiveram os menores desempenho, posicionando-se abaixo da média, sendo os genótipos menos adaptados (RAMALHO et al., 2012a), porém, G21, G25 e G14 são estáveis. O Genótipo mais estável e adaptado baseado nos dados seria o que estivesse posicionado no círculo azul do eixo EAM, porém não tivemos genótipos com essas características.

De acordo com Mattos (2012), além da produtividade média, a estabilidade do genótipo é um ponto crucial a ser analisado. Quanto maior a projeção perpendicular do genótipo no eixo da reta EAM, maior é a instabilidade do genótipo, representando uma maior interação com os ambientes. Partindo desse pressuposto, levando em consideração apenas duas safras, pode-se eliminar os genótipos G20, G1, G4, G7, G30, pois são pouco estáveis e estão abaixo da média.

Na Figura 5, é projetado o gráfico do ambiente ideal, para Hongyu (2015), um “ambiente de teste ideal” é o centro dos arcos concêntricos, é o ponto positivo da EAM com uma distância da origem igual ao vetor mais longo de todos os ambientes.

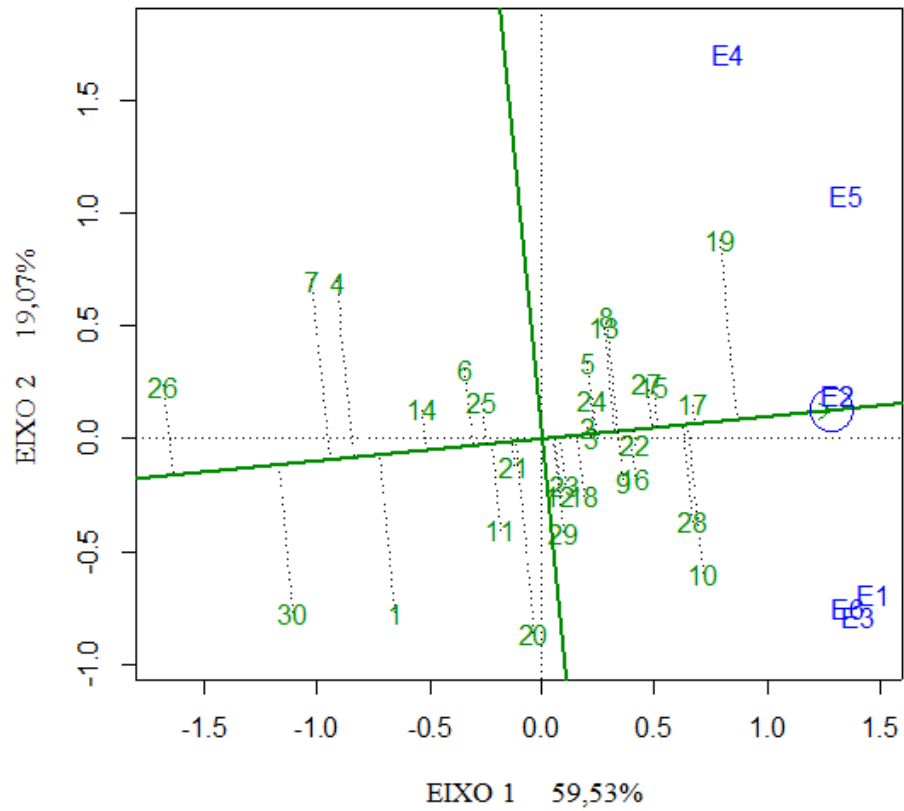


Figura 4 Gráfico GGE biplot 'Mean vs. Stability' para dados de produção de algodão em caroço de 30 genótipos avaliados nas safras 2012/2013 e 2013/2014

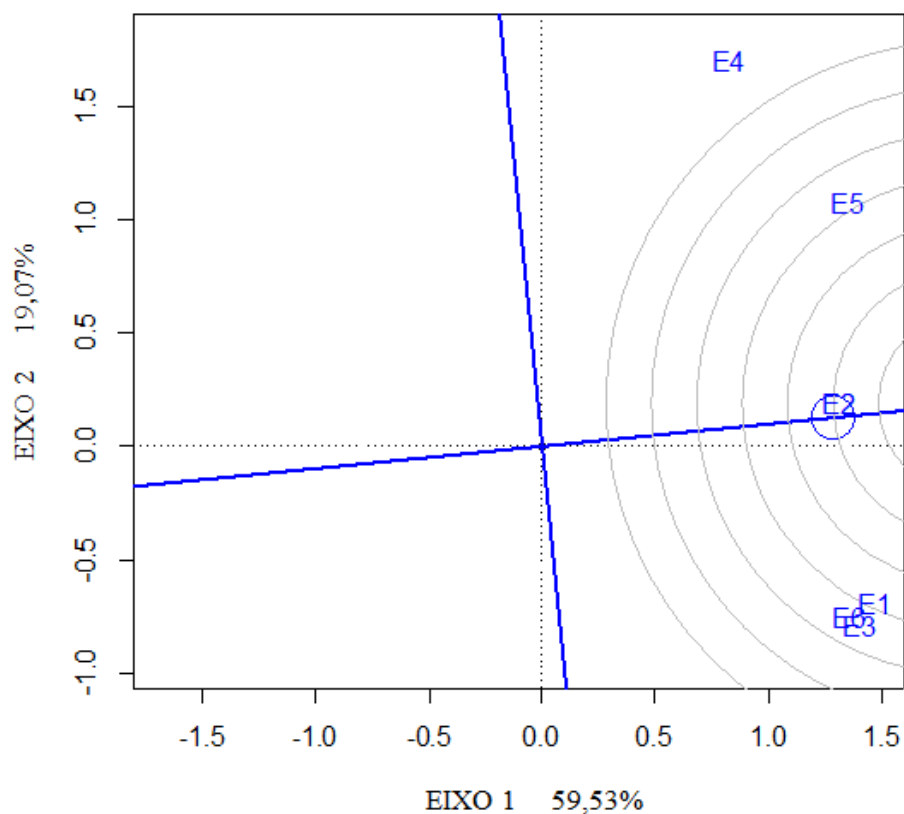


Figura 5 Gráfico GGE biplot exibindo o ambiente ideal na média das safras 2012/2013 e 2013/2014

De acordo com Yan e Rajcan (2002), o local mais desejável é aquele que estiver localizado o mais próximo possível no gráfico do ambiente ideal.

Segundo Mattos (2012), um ambiente ideal deve possuir um alto escore de PC1 (maior poder de discriminação de genótipos em termos de efeitos principais dos mesmos) e pontuação nula para PC2 (maior capacidade de representar todos os outros ambientes).

Diante do posicionamento dos autores acima, pode-se concluir que o ambiente ideal deve ser o mais discriminante e também o mais representativo do ambiente alvo. Avaliando os valores dos componentes principais, o Ambiente E2, é o mais próximo do ideal (discriminativo e representativo), seguido de E1, E3, E6, E5. Já E4 é o ambiente que não se aproxima do ideal, sendo um ambiente apenas discriminativo, útil para a seleção de genótipos específicos.

Para Alwala (2010), o GGE biplot além de identificar o ambiente ideal, tem sido eficaz para identificar genótipos superiores e estáveis, principalmente, quando testados em grande número de ambientes.

Na Figura 6, com título de GGE Biplot 'ideal genotype', como definido por Yan e Kang (2003), permite-nos realizar inferências quanto ao genótipo ideal.

Para Mattos (2012), um genótipo ideal deve possuir uma alta produtividade média e manter essa produtividade em todos os ambientes em questão. Segundo Hongyu (2015), um "genótipo ideal" está no centro dos círculos concêntricos, pode ser um ponto sobre o EAM, no sentido positivo e tem um comprimento do vetor igual aos vetores mais longos dos genótipos sobre o lado positivo do EAM, isto é, mais alto desempenho médio.

Dos trinta genótipos avaliados, o G17 é o próximo do ideal, seguido dos G22, G15. Os G19, G28 e G10 apresentaram médias altas, porém seu comportamento não é estável, e o G26 é mais distante do ideal.

Com os gráficos do GGE biplot foi possível visualizar três aspectos importantes, mais discutidos por Yan (2001). 1) relação entre genótipo e ambiente, permitindo o agrupamento de genótipos, ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes); 2) a inter-relação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável; 3)

a inter-relação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento (“ranking”) para os parâmetros de rendimento e estabilidade.

Com este estudo, podemos avaliar os materiais com precisão para a recomendação de cultivares, conforme sugerem (VICENTE; PINTO; SCAPIM, 2004).

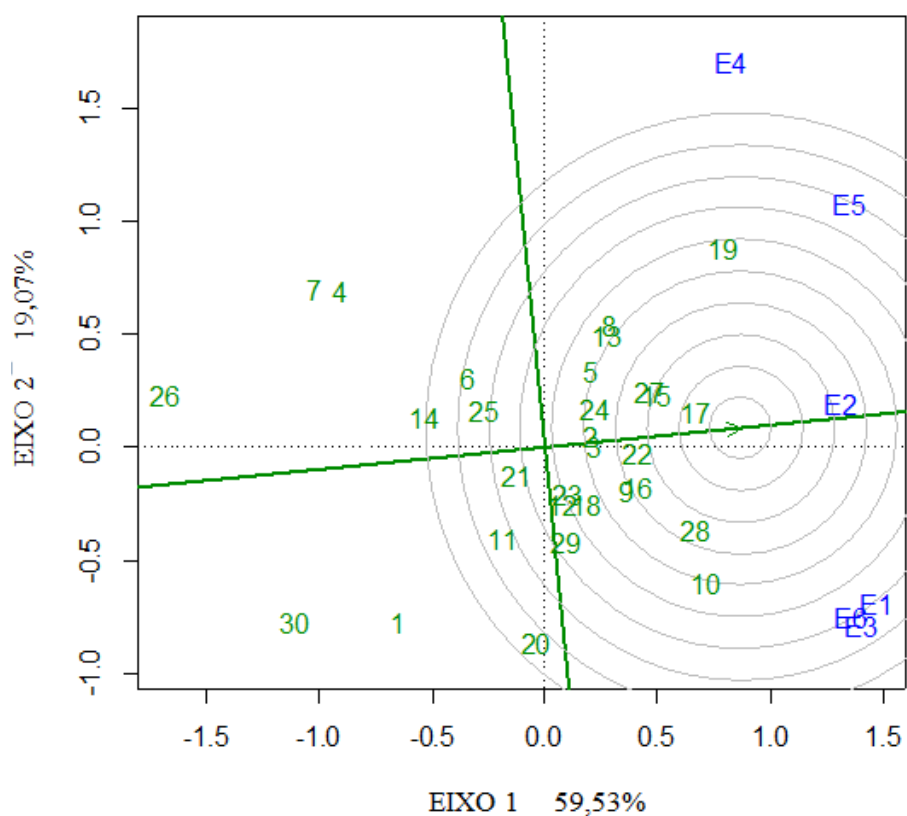


Figura 6 Gráfico GGE biplot ‘ideal genotype’ para dados de produção de 30 genótipos de algodão avaliados na média das safras 2012/2013 e 2013/2014

5 CONCLUSÃO

Diante do objetivo proposto de identificar ambientes similares, ambiente ideal e genótipos mais estáveis, utilizando a metodologia gráfica do GGE biplot, conclui-se que houve dissimilaridade entre os ambientes estudados exceto E3 e E6 nas safras 2012/2013 e 2013/2014. Houve a formação de dois mega-ambientes, praticamente os locais distribuídos nas regiões da Bahia e Mato Grosso, pois o ambiente de Goiás ficou no grupo de Mato Grosso. O ambiente E2 é um ambiente discriminativo e representativo, ideal para seleção de genótipos superiores. E G17, é o genótipo ideal para recomendação para os seis ambientes estudados, por ser o mais estável. O G19 tem alto desempenho, porém não é estável, apresenta adaptação específica, podendo ser recomendado para o mega-ambiente II.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding 1. **Crop Science Society of America**, Madison, v. 4, p. 503-508, 1964.

ALWALA, S. et al. A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 119, n. 2/3, p. 225-230, Nov. 2010.

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

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES DE ALGODÃO. **O algodão no mundo**. Disponível em: <<http://www.abrapa.com.br/estatisticas/Paginas/default.aspx>>. Acesso em: 16 jul. 2015.

BALESTRE, M. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, n. 3, p. 219-228, June 2009.

BAXEVANOS, D. Separation of cotton cultivar testing sites based on representativeness and discriminating ability using GGE Biplots. **Agronomy Journal**, Madison, v. 100, n. 5, p. 1230-1236, 2008.

BENIN, G. Análises biplot na avaliação de cultivares de trigo em diferentes níveis de manejo. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 1, p. 28-36, 2012.

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

CARVALHO, L. P. de. Contribuição do melhoramento ao cultivo do algodão. In: BELTRÃO, N. E. de M.; AZEVEDO, D. M. P. de (Org.). **O agronegócio do algodão no Brasil**. 2. ed. Brasília: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2008. p. 273-297.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos & melhoramento**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 675-712.

CIA, E. Comportamento de genótipos de algodoeiro na presença de patógenos e nematóides. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 11, n. 2, p. 85-95, 2007.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Indicadores da agropecuária**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 10 dez. 2014.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A. de A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 567-580, 1989.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes uma introdução à análise "AMMI"**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Série Monografias, 9).

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

FARIAS, F. J. C. **Índice de seleção em cultivares de algodoeiro herbáceo**. 2005. 121 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2005.

FELIPE, C. R. de P.; DUARTE, J. B.; CAMARANO, L. F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no Estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 2, p. 186-199, 2010.

FOTOKIAN, M. H.; AGAHI, K. Biplot analysis of genotype by environment for cooking quality in hybrid rice: a tool for line \times tester data. **Rice Science**, Hangzhou, v. 21, n. 5, p. 282-287, Sept. 2014.

FREIRE, E. C. **Algodão no Cerrado do Brasil**. 2. ed. Aparecida de Goiania: Mundial, 2011. 1082 p.

FREIRE, E. C.; MORELLO, C. de L.; FARIAS, F. J. C. de. Melhoramento do algodoeiro e cultivares obtidas para o Cerrado. In: FREIRE, E. C. (Ed.). **Algodão no Cerrado do Brasil**. 2. ed. Aparecida de Goiania: Mundial, 2011. p. 345-412.

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, London, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GARBUGLIO, D. D. **Metodologia de estratificação ambiental e adaptabilidade via análise de fatores associada aos efeitos genotípicos e de interação genótipos por ambientes**. 2010. 105 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 4, p. 866-889, 2006.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed.). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC, 1996. p. 85-122.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 1, p. 1-10, July 1988.

HONGYU, K. **Comparação do GGE biplot-ponderado e AMMI-ponderado com outros modelos de interação genótipo × ambiente**. 2015. 154 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2015.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar × location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, n. 1, p. 193-198, Jan. 1988.

MARIOTTI, J. A. et al. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar: I., interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Nordeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.

MATTOS, P. H. C. de. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Estado do Paraná pelos métodos AMMI e GGE Biplot adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Estado do Paraná**. 2012. 42 p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2012.

MORELLO, C. de L. et al. Interação genótipo x ambiente em linhagens de algodoeiro desenvolvidas para condições de cerrado. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 12, n. 2, p. 89-95, maio/ago. 2008.

MORESCO, E. R. **Progresso genético no melhoramento do algodoeiro no Mato Grosso**. 2003. 79 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2003.

NOERWIJATI, K.; PRAJITNO, D. Fresh tuber yield stability analysis of fifteen cassava genotypes across five environments in East Java (Indonesia) using GGE Biplot. **Energy Procedia**, New York, v. 47, p. 156-165, Feb. 2014.

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. I. O. L. D. E. **Uso dos métodos ammi e gge biplot para análises de adaptabilidade**. 2009. 55 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

PENNA, J. C. V. Melhoramento do algodão. In: BOREM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p. 15-50.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agronomicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2014. Disponível em: <<http://www.r-project.org/>>. Acesso em: 10 nov. 2014.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicação da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012a. 522 p.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética na agropecuária**. 5. ed. Lavras: UFLA, 2012b. 566 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. rev. Lavras: UFLA, 2012. 328 p.

RAMBURAN, S.; ZHOU, M.; LABUSCHAGNE, M. T. Investigating test site similarity, trait relations and causes of genotype×environment interactions of sugarcane in the Midlands region of South Africa. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 129, p. 71-80, Apr. 2012.

RESENDE, M. D. V. de; 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, set. 2007.

ROOSTAEI, M.; MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Rank correlation among different statistical models in ranking of winter wheat genotypes. **The Crop Journal**, Oxford, v. 2, n. 2/3, p. 154-163, Apr. 2014.

RUSSELL, W. K. et al. Clustering environments to minimize change in rank of cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 858-864, 2003.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SHUKLA, S. et al. Comparative study for stability and adaptability through different models in developed high thebaine lines of opium poppy (*Papaver somniferum* L.). **Industrial Crops and Products**, London, v. 74, p. 875-886, Nov. 2015.

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

SINEBO, W.; LAKEW, B.; FEYISSA, A. Biplot analysis of grain yield in barley grown under differing management levels in years of contrasting season-end drought. **Journal of Plant Breeding**, Berlin, v. 2, p. 152-164, June 2010.

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

VICENTE, D.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A. Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 26, n. 3, p. 301-307, 2004.

VOLTAS, J.; LÓPEZ-CÓRCOLES, H.; BORRÁS, G. Use of biplot analysis and factorial regression for the investigation of superior genotypes in multi-environment trials. **European Journal of Agronomy**, London, v. 22, n. 3, p. 309-324, Mar. 2005.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung Journal of Plant Breeding**, Berlin, v. 52, n. 2, p. 127-138, 1965.

XU, N. et al. The application of GGE Biplot analysis for evaluating test locations and mega-environment investigation of cotton regional trials. **Journal of Integrative Agriculture**, Shanghai, v. 13, n. 9, p. 1921-1933, Sept. 2014.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-655, 2007.

YAN, W. GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotype-by-environment data analysis. **Journal of the Indian Society of Agricultural Statistics**, New Delhi, v. 65, n. 2, p. 181-193, 2011.

YAN, W. GGEbiplot: a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. **Agronomy Journal**, Madison, v. 93, n. 5, p. 1111-1118, 2001.

YAN, W. Mega-environment analysis and test location evaluation based on unbalanced multi-year data. **Crop Science**, Madison, v. 55, n. 1, p. 113-122, 2015.

YAN, W. et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC, 2003. 267 p.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 1, p. 11-20, 2002.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, Ontario, v. 86, n. 3, p. 623-645, July 2006.

YAN, W.; TINKER, N. A. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype \times environment interaction. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 3, p. 1004-1016, 2005.

YANG, R. C. et al. Biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 5, p. 1564-1576, 2009.

APÊNDICES

APÊNDICE A – rotina no software R, construção dos gráficos.

```
#Análise Gráfica com GGE biplot  
  
# Comando para buscar o arquivo de dados  
dados<-read.table(file.choose(),header=TRUE)  
  
# dados o nome do objeto  
  
dados  
  
require(RBGL)  
  
require(GGEBiplotGUI)  
  
GGEBiplot(Data=dados)
```

