



LUIZ ANTONIO YANES BERNARDO JÚNIOR

**ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE
HÍBRIDOS DE MILHO UTILIZANDO A
ABORDAGEM AMMI-BAYESIANO**

LAVRAS – MG

2016

LUIZ ANTONIO YANES BERNARDO JÚNIOR

**ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO
UTILIZANDO A ABORDAGEM AMMI-BAYESIANO**

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

Orientador

Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Coorientador

Dr. Márcio Balestre

LAVRAS – MG

2016

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

Bernardo Júnior, Luiz Antonio Yanes.

Estabilidade e adaptabilidade de híbridos de milho utilizando a abordagem AMMI-bayesiano / Luiz Antonio Yanes Bernardo Júnior. – Lavras: UFLA, 2016.

84 p. : il.

Dissertação (mestrado acadêmico) – Universidade Federal de Lavras, 2016.

Orientador: Renzo Garcia Von Pinho.

Bibliografia.

1. Interação genótipos x ambientes. 2. Dados desbalanceados. 3. Biplot. 4. Regiões de credibilidade. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

LUIZ ANTONIO YANES BERNARDO JÚNIOR

**ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO
UTILIZANDO A ABORDAGEM AMMI-BAYESIANO**

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

APROVADA em 21 de Março de 2016

Dr. Márcio Balestre – UFLA

Dr. Rodrigo Oliveira de Lima – UFV

Dr. Renzo Garcia Von Pinho

Orientador

LAVRAS – MG

2016

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, por me abençoar, guiar e capacitar a concluir o mestrado.

A toda a minha família, que sempre esteve ao meu lado e nunca me deixou me abater.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão de bolsa de estudos.

Aos orientadores Renzo Garcia Von Pinho e Marcio Balestre, por todos os ensinamentos, paciência, dedicação e amizade que permitiram a conclusão desta dissertação.

A toda equipe do Grupo do Milho, do Stagen e do Gen, por todo o auxílio na condução deste trabalho.

Aos amigos Carlos e Luciano, por todo o suporte, durante a realização das análises e interpretações. Aos colegas de curso, que foram grandes companheiros nestes dois anos de mestrado. E aos meus irmãos de república, que são minha segunda família e que tornaram os dias mais difíceis em dias agradáveis.

RESUMO

Gráficos biplot são amplamente utilizados no estudo da interação genótipos por ambientes, porém constituem-se apenas em uma ferramenta gráfica, sem um teste de hipótese estatística. Os valores singulares e escores (vetores singulares) utilizados em biplots correspondem a estimativas pontuais de seus parâmetros, e o uso de medidas de incerteza pode levar a conclusões diferentes das fornecidas pela simples avaliação visual do biplot. Objetivou-se, neste trabalho, estimar a interação genótipos por ambientes, utilizando análise AMMI, através de abordagem bayesiana, e utilizar os intervalos de credibilidade para tomada de decisão em diferentes situações de análises, permitindo verificar a consistência da seleção e recomendação de cultivares. Foram realizadas duas análises, sendo que, na primeira, foram utilizados 10 híbridos simples comerciais e todos os possíveis 45 híbridos duplos obtidos entre eles, avaliados em 15 locais e, na segunda, foram utilizados 28 híbridos avaliados em 35 ambientes, com desbalanceamento de dados. Foi realizado o agrupamento de elipses, de acordo com o padrão de interação no biplot. A análise AMMI com uma abordagem Bayesiana mostrou-se uma análise completa de estabilidade e adaptabilidade, que fornece diversas informações que podem auxiliar o melhorista em sua tomada de decisões. As regiões de credibilidade construídas nos biplots permitem realizar a seleção e recomendação de genótipos de forma precisa, com um nível de credibilidade atrelado. É possível realizar o agrupamento de genótipos e de ambientes, de acordo com o padrão de interação existente, o que permite realizar recomendações específicas e avaliar quais ambientes contribuem de forma semelhante para a interação e quais podem ser descartados. O método permite lidar com dados desbalanceados de maneira natural, mostrando ser uma metodologia eficiente em estudos de ensaios multiambientais. As predições captam a instabilidade e o padrão de interação dos dados observados, o que permite realizar uma comparação direta entre genótipos de 1ª e 2ª safras.

Palavras-chave: Interação genótipos x ambientes. Dados desbalanceados. Biplot. Regiões de credibilidade.

ABSTRACT

Biplot graphics are widely employed in the study of the genotype-environment interactions, but they are only a graphical tool without a statistical hypothesis test. The singular values and scores (singular vectors) used in biplots correspond to specific estimates of its parameters, and the use of uncertainty measures may lead to different conclusions from those provided by a simple visual evaluation. The aim of this work is to estimate the genotype-environment interactions, using AMMI analysis, through Bayesian approach. Therefore the credibility intervals can be used for decision-making in different situations of analyses. It allows to verify the consistency of the selection and recommendation of cultivars. Two analyses were performed. The first analysis looked into 10 regular commercial hybrids and all possible 45 hybrids obtained from them. They were assessed in 15 locations. The second analysis evaluated 28 hybrids in 35 different environments, with imbalance data. The ellipses were grouped according to the standard of interaction in the biplot. The AMMI analysis with a Bayesian approach proved to be a complete analysis of stability and adaptability, which provides important information that may help the breeder in their decisions. The regions of credibility, built in the biplots, allow to perform an accurate selection and a precise genotype recommendation, with a level of credibility. Genotypes and environments can be grouped according to the existing interaction pattern, which makes possible to formulate specific recommendations. Moreover the environments can be evaluated, in order to find out which ones contribute similarly to the interaction and those to be discarded. The method makes possible to deal with imbalanced data in a natural way, showing efficiency for multi-environment trials. The prediction takes into account instability and the interaction standard of the observed data, in order to establish a direct comparison between genotypes of both 1st and 2nd seasons.

Keywords: genotype-environment interactions. imbalanced data. Biplot. Regions of credibility.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Representação dos grupos que podem ser definidos de acordo com as coordenadas para os dois primeiros componentes principais do biplot.....	36
Figura 2	Médias a posteriori e regiões de credibilidade HPD para efeito de genótipos referentes aos dados provenientes do ensaio da safra 2005/2006, ao nível de 95% de credibilidade.....	38
Figura 3	Regiões de credibilidade para os escores genotípicos dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.....	40
Figura 4	Regiões de credibilidade para os escores ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.....	43
Figura 5	Regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.....	45
Figura 6	Médias a posteriori e regiões de credibilidade HPD para efeito de genótipos referentes aos dados provenientes do ensaio das safras 2010/2011 e 2011/2012, ao nível de 95% de credibilidade.....	47
Figura 7	Regiões de credibilidade para os escores genotípicos dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.....	53
Figura 8	Regiões de credibilidade para os escores ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas. Em laranja ambientes da 1ª safra de 2010/2011, em vermelho ambientes da 1ª safra de 2011/2012, em amarelo ambientes da 2ª safra de 2010/2011 e em verde ambientes da 2ª safra de 2011/2012.....	56
Figura 9	Regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.....	57

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Locais de condução dos experimentos de 55 genótipos de milho em 15 ambientes, safra 2005/ 2006.....	28
Tabela 2	Locais de condução dos experimentos de 28 genótipos de milho em 35 ambientes, safras 2010/ 2011 e 2011/2012.....	29
Tabela 3	Estimativas dos componentes de variância de genótipos e erro referentes aos dados provenientes do ensaio da safra 2005/2006, ao nível de 95% de credibilidade.....	39
Tabela 4	Valores singulares ou variação explicada pelos diferentes componentes principais para análise de 55 genótipos de milho em 15 ambientes, safra 2005/2006.....	41
Tabela 5	Grupos de genótipos e ambientes formados de acordo com as relações de interação para os dois primeiros componentes principais do biplot.....	42
Tabela 6	Estimativas dos componentes de variância de genótipos e erro referentes aos dados provenientes dos ensaios das safras 2010/2011 e 2011/2012, ao nível de 95% de credibilidade.....	49
Tabela 7	Efeitos da interação genótipos por ambientes preditos pelo modelo AMMI-Bayesiano para 28 híbridos nos ambientes de 1ª safra.....	50
Tabela 8	Efeitos da interação genótipos por ambientes preditos pelo modelo AMMI – Bayesiano para 28 híbridos nos ambientes de 2ª safra.....	51
Tabela 9	Valores singulares ou variação explicada pelos diferentes componentes principais para análise de 28 genótipos de milho em 35 ambientes, safras 2010/2011 e 2011/2012.....	54
Tabela 10	Grupos de genótipos e ambientes formados de acordo com as relações de interação para os dois primeiros componentes principais do biplot.....	55

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	14
2.1	A interação G x E e os ensaios multiambientais	14
2.2	Modelo AMMI e os gráficos biplot	16
2.3	Mega-ambientes	19
2.4	Estatística Bayesiana	21
2.5	Captura de sinal e parcimônia	25
3	MATERIAL E MÉTODOS	27
3.1	Ambientes e condições experimentais	27
3.2	Modelo AMMI-Bayesiano	30
3.3	Amostragem e inferência	34
3.4	Agrupamento de elipses	35
4	RESULTADOS	37
4.1	Análise dos experimentos da safra 2005/2006	37
4.1.1	Estimativas pontuais e regiões de credibilidade para efeitos de genótipos e componentes de variância	37
4.1.2	Regiões de credibilidade para os efeitos genotípicos e ambientais	39
4.2	Análise dos experimentos das safras 2010/ 2011 e 2011/2012	46
4.2.1	Estimativas pontuais e regiões de credibilidade para efeitos de genótipos e componentes de variância	47
4.2.2	Regiões de credibilidade para os efeitos genotípicos e ambientais	52
5	DISCUSSÃO	59
6	CONCLUSÃO	64
	REFERÊNCIAS	65
	APÊNDICE	71

1 INTRODUÇÃO

A avaliação de genótipos em diferentes condições ambientais constitui-se na fase mais trabalhosa e onerosa de um programa de melhoramento e um ganho em eficiência, nesta etapa, propicia um aumento de eficiência em todo o programa (CHAVES, 2001). A avaliação dos efeitos da interação genótipos por ambientes (GxE) exige o uso de métodos estatísticos capazes de detectar as reais contribuições desses efeitos (DUARTE e VENCOVSKY, 1999), e o método de análise mais adequado para avaliar essa interação depende de fatores como número de ambientes disponíveis, precisão requerida e tipo de informação que se deseja obter (COSTA et al., 2010).

Com o aumento da magnitude da interação entre dois fatores, há uma redução da confiabilidade dos efeitos principais dos mesmos, reduzindo a correlação entre valores fenotípicos e genotípicos e, conseqüentemente, dificultando a seleção de cultivares superiores nos diferentes ambientes (YAN e KANG, 2003). Porém, segundo Duarte e Vencovsky (1999), a interação não deve ser encarada como uma barreira, e sim explorada vantajosamente, por meio de métodos estatísticos capazes de captar seus efeitos positivos, pois, aliada a fatores ambientais previsíveis, pode proporcionar resultados favoráveis.

Os métodos multivariados têm sido amplamente utilizados com o aperfeiçoamento de softwares estatísticos, que são capazes de fazer análises complexas com maior facilidade (COSTA et al., 2010). Entre eles, destaca-se o método AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), que contempla a aditividade dos efeitos de genótipos e de ambientes e o componente multiplicativo da interação entre os dois fatores (DUARTE e VENCOVSKY, 1999).

Gráficos biplot são amplamente utilizados no estudo da interação genótipos por ambientes, sendo utilizados, por exemplo, na análise AMMI e GGE

Biplot. Porém, essa metodologia tem sido questionada em alguns aspectos. Yang et al. (2009) relatam que, inicialmente, os biplots visavam a reduzir a dimensionalidade dos dados e permitir uma análise mais rápida das relações entre os genótipos, entre os ambientes ou entre as interações entre os genótipos e os ambientes. Porém, constituíam-se apenas em uma ferramenta gráfica, sem um teste de hipótese estatística, levando os autores a questionarem a credibilidade das informações fornecidas pelo método.

Os valores singulares e escores (vetores singulares) utilizados em biplots correspondem a estimativas pontuais de seus parâmetros, e o uso de medidas de incerteza pode levar a conclusões diferentes das fornecidas pela simples avaliação visual do biplot (YANG et al., 2009). Nesse contexto, uma alternativa seria o uso da análise Bayesiana. O uso de uma abordagem Bayesiana permite não somente analisar os dados do experimento, mas também incorporar à análise de dados informações de estudos realizados anteriormente (CROSSA et al., 2011).

Quando o efeito de genótipos é considerado aleatório, é possível estimar componentes de variância e incorporar um coeficiente de parentesco à análise AMMI, permitindo que se façam previsões mais precisas dos valores genéticos dos genótipos (CROSSA et al., 2006; OAKLEY et al., 2006; BURGUEÑO et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2015). Além disso, permite a obtenção de previsões mais realistas do verdadeiro valor genotípico, o que é de grande interesse dos programas de melhoramento (PIEPHO, 1994; SMITH et al., 2001, 2005).

Um problema frequente em estudos de adaptabilidade e estabilidade é a necessidade de trabalhar com dados desbalanceados. Experimentos em campo estão sujeitos aos mais diversos tipos de variações ambientais e é esperado que ocorra a perda de parcelas, em razão de fatores previsíveis ou imprevisíveis. Crossa et al. (2011) afirmam que a metodologia AMMI com uma abordagem Bayesiana realiza a análise de maneira natural, constituindo-se em uma grande vantagem na avaliação dos genótipos em estudo.

Conduziu-se este trabalho com objetivo de estimar a interação genótipos por ambientes, utilizando análise AMMI, por meio de abordagem bayesiana, e utilizar os intervalos de credibilidade para a tomada de decisão em diferentes situações de análises, permitindo verificar a consistência da seleção e recomendação de cultivares.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A interação G x E e os ensaios multiambientais

Programas de melhoramento de plantas envolvem a experimentação de potenciais novas cultivares em diversos locais e anos, ou seja, os chamados ensaios multiambientais, onde um ambiente é um determinado local ou ano (SMITH et al., 2001).

A interação genótipos por ambientes caracteriza-se pela inconsistência na resposta das diferentes linhagens, híbridos ou raças em diferentes locais, ou seja, cada genótipo apresenta uma resposta específica às alterações que ocorrem nos ambientes (RAMALHO et al., 2012). Pesquisadores tem grande interesse em conhecer a natureza da interação genótipos por ambientes e, dessa forma realizar previsões mais precisas sobre os efeitos dela (YAN e KANG, 2003). Esses autores citam alguns estresses que podem tornar a interação GxE significativa, como diferenças na resistência à doenças e insetos, deficiências e desordens nutricionais, e resposta diferencial de genótipos ao efeito de herbicidas. Segundo Chaves (2001), a resposta diferencial dos genótipos nos diferentes ambientes pode ocorrer em razão de fatores relacionados à regulação gênica até características morfológicas finais.

No Brasil, é possível realizar o cultivo de milho em duas safras distintas dentro de um mesmo ano agrícola, sendo a primeira entre setembro e dezembro e a segunda entre janeiro e abril (FIGUEIREDO, 2014). Esse autor ressalta que, apesar das condições edafoclimáticas entre as duas safras serem muito distintas, muitas cultivares recomendadas para plantio de 1ª safra também são recomendadas para 2ª safra, decorrentes de programas de melhoramentos voltados para o desenvolvimento de cultivares de 2ª safra serem pequenos e recentes, e

também por muitas cultivares apresentarem bom desempenho e adaptação nas duas safras.

Duarte e Vencovski (1999) afirmam que a causa da interação pode ser decorrente da desigualdade das variâncias dos efeitos genotípicos em diferentes locais ou falta de correlação entre esses efeitos genotípicos ao longo dos ambientes. O primeiro caso caracteriza a interação do tipo simples, onde não ocorre alteração no ranqueamento dos genótipos, enquanto o segundo caracteriza a interação do tipo complexa, onde um genótipo que é superior em determinado ambiente apresenta um desempenho inferior em outro, dificultando a recomendação de cultivares (DUARTE e VENCOVSKI, 1999). A interação do tipo complexa tem importância agrônômica, pois exige recomendações específicas que levarão a diferentes seleções e recomendações de genótipos ao longo dos ambientes (GAUCH, 2013).

Crossa et al. (2011) relacionam quatro objetivos principais no estudo de ensaios multiambientais: estudar a interação genótipos x ambientes; avaliação da adaptabilidade e estabilidade genotípica; estabelecimento de relações entre os genótipos, ambientes e entre genótipos e ambientes de forma simultânea; realizar predições precisas dos valores genéticos dos genótipos, de forma a garantir máxima eficiência na recomendação.

O grande desafio do melhorista é selecionar e recomendar cultivares que associem alta produtividade e estabilidade, e a determinação de grupos de ambientes e a presença de adaptações auxiliam o melhorista a recomendar o melhor genótipo em um local específico ou a todos os locais em estudo. (FIGUEIREDO et al., 2015).

2.2 Modelo AMMI e os gráficos biplot

A seleção de genótipos superiores durante o programa de melhoramento ou durante os ensaios multiambientais é uma decisão crítica a ser tomada por melhoristas, que exige o uso de metodologias científicas que garantam a eficiência do processo (YANG et al., 2009).

O modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction), descrito por Gauch e Zobel (1988), é um método que explica a interação genótipos por ambientes, através da associação das técnicas de análise de variância e de análise de componentes principais (ACP), as quais explicam os efeitos aditivos de genótipos e de ambientes e os efeitos multiplicativos da interação genótipos por ambientes, respectivamente (RAMALHO et al., 2012).

Segundo Zobel et al. (1988), quando os dados se adequam razoavelmente ao modelo estatístico adotado, três objetivos são atingidos: parcimônia, pois o modelo apresenta poucos graus de liberdade em relação ao total; eficácia, pois o modelo irá apresentar a maior parte da soma de quadrados total, o que faz com que o resíduo apresente um valor relativamente baixo de soma de quadrados aliado a muitos graus de liberdade; significância, pois o modelo fornece interpretações agronômicas significativas.

Gauch e Zobel (1988) citam três fatores que influenciam a acurácia preditiva em análises de experimentos de produtividade:

- uso de técnicas experimentais melhoradas, através da utilização de parcelas maiores e implantação de experimentos em locais que garantam uma maior uniformidade do solo e de tratos culturais;
- uso de maior número de repetições ou uso de delineamentos mais sofisticados;
- melhora da análise estatística, permitindo separar a porção *ruído* da porção *signal*, garantindo uma maior precisão.

Os autores ainda ressaltam a importância do uso da terceira opção, pois ela permite um possível aumento da acurácia, utilizando um menor número de repetições, que poderá resultar em redução nos custos dos experimentos.

Em trabalho conduzido por Zobel et al. (1988), foram comparados três tipos de análises estatísticas (análise de variância (ANAVA), análise de componentes principais (ACP) e análise de regressão linear) com a metodologia AMMI. Os autores afirmam que a análise AMMI fornece uma análise mais detalhada da interação GxE, com estimativas mais precisas, garante a seleção de genótipos mais produtivos, detectando interações positivas com os ambientes, além de propiciar fácil interpretação gráfica, através de biplots.

A metodologia AMMI permite o uso de análise gráfica por meio de biplots, e sua interpretação é realizada através da observação da magnitude e do sinal dos escores de genótipos e de ambientes para os eixos de interação, sendo que genótipos e ambientes que apresentam baixos valores de escores contribuem pouco para a interação e podem ser considerados estáveis (DUARTE e VENCOVSKI, 1999). Esses autores afirmam que o ordenamento dos genótipos em um ambiente estável é mais confiável, pois os valores obtidos serão quase, completamente, devidos ao genótipo, com contribuição não significativa da interação GxE.

Duarte e Vencovski (1999) relatam que a análise AMMI, através de biplots, permitem utilizar o efeito da interação GxE favoravelmente para recomendação de cultivares regionalizada, em que um genótipo específico tem desempenho superior apenas a um local específico, caracterizando o efeito benéfico da interação comentado anteriormente.

Porém, Perez-Elizalde et. al., (2011) ressaltam que os modelos lineares-bilineares utilizados a partir de uma abordagem frequentista de modelos fixos ou de modelos mistos apresentam algumas limitações, como falta de flexibilidade para lidar com heterogeneidade de variâncias e tamanhos diferentes de parcelas,

impossibilidade de incorporar informações obtidas anteriormente, permitindo apenas o uso de testes aproximados para determinar o número de componentes a serem retidos no modelo, e dificuldade em desenvolver estatísticas inferenciais para os parâmetros da interação. Dessa forma, uma alternativa seria a aplicação de uma abordagem Bayesiana ao modelo AMMI, que será discutida nos próximos tópicos.

O biplot é um gráfico de dispersão o qual fornece a visualização gráfica de uma tabela de duas vias, através de seus fatores de linha e coluna, permitindo uma visualização simultânea das relações entre os fatores de linha, das relações entre os fatores de coluna e as interações entre os fatores de linha e coluna (YAN e TINKER, 2006). Esse tipo de gráfico tem sido amplamente utilizado em ensaios multiambientais, com o objetivo de avaliar a estabilidade e adaptabilidade de genótipos aos diferentes ambientes e detectar outros padrões relativos aos dados e formar conclusões a partir deles (OLIVEIRA et al., 2015).

Apesar de ser inegável a utilidade dos biplots AMMI e GGE na visualização e exploração dos padrões da interação genótipos por ambientes, o uso inadvertido desses métodos pode levar a resultados e conclusões duvidosas (YANG et al., 2009). Os autores apresentam algumas limitações da análise AMMI, através de biplots, e afirmam que esse tipo de análise gráfica por si só é insuficiente para testar hipóteses e formar conclusões definitivas. Uma fonte de erro citada por Yang et al. (2009) para os escores genotípicos e ambientais é que esses escores são estimativas com erros de amostragem, ou seja, uma cultivar que se destacou em determinado setor pode não diferir estatisticamente de uma adjacente, exigindo que se façam testes estatísticos para realizar uma recomendação precisa.

Oliveira et al. (2015) associaram gráficos biplot a regiões de credibilidade, utilizando o método AMMI Bayesiano, e identificaram genótipos e ambientes estáveis, genótipos e ambientes homogêneos e adaptações específicas

de genótipos a ambientes. Dessa forma, os autores puderam identificar os genótipos superiores, o que é de interesse dos melhoristas neste tipo de estudo.

2.3 Mega-ambientes

Yan e Rajcan (2002) definem mega-ambiente como um grupo de ambientes nos quais os genótipos de melhor desempenho são os mesmos. É uma porção da área de cultivo onde não ocorre interação genótipos x ambientes que possa ser predita ou explorada (YAN et al., 2002). O efeito de genótipos está relacionado com adaptações amplas, e o efeito da interação GxE está relacionado com adaptações específicas, sendo que, caso esta interação seja complexa, só poderá ser explorada, vantajosamente, através do delineamento de mega-ambientes nos quais seus efeitos negativos possam ser reduzidos (GAUCH, 2006).

Cultivares superiores devem ser testadas em experimentos multiambientais e em diversas características para avaliar se os genótipos selecionados apresentam desempenhos aceitáveis em ambientes instáveis na região alvo e avaliar se atendem às exigências de produtores, indústrias e consumidores (YAN e RAJCAN, 2002). A estabilidade, ao longo dos anos, em um determinado local é interessante, pois reduz a suscetibilidade do genótipo a variações imprevisíveis e permite melhor explorar as oportunidades fornecidas por variações previsíveis (GAUCH, 2013). A interação genótipos por ambientes provoca redução da herdabilidade em um determinado ambiente, porém seus efeitos são amenizados ao se delinear mega-ambientes adequadamente, permitindo explorar o máximo de variabilidade genética (GAUCH, 2006).

Quando o efeito da interação GxE é maior do que o efeito de genótipos, o delineamento de mega-ambientes se torna estratégico, permitindo que se explore maior variabilidade genética para produtividade e outros caracteres (GAUCH, 2006). Genótipos avaliados em vários locais e anos, frequentemente, apresentam

efeitos da interação que complicam a seleção e a recomendação de cultivares (ANNICCHIARICO, 1997). Quando ocorre alteração no ranqueamento dos melhores genótipos, é necessário subdividir uma região em mega-ambientes, permitindo explorar adaptações específicas e obter maiores produtividades, às vezes superiores às de adaptações gerais (GAUCH, 2013).

Segundo Yan e Tinker (2006), que conduziram trabalho utilizando o software GGEbiplot, a presença de associações próximas entre ambientes indica que é possível obter as mesmas informações dos genótipos em um menor número de ambientes, permitindo uma possível redução de custos. Os autores ainda afirmam que, se dois ambientes são altamente correlacionados de forma consistente em vários anos, um deles pode ser descartado sem a perda de muitas informações dos genótipos. O delineamento de mega-ambientes permite ao modelo AMMI encontrar padrões gerais que se ajustam a maioria dos dados (GAUCH, 2013).

Ao delinear mega-ambientes, é possível transformar os efeitos da porção *signal* da interação GxE de problema para oportunidade. Os custos para realizar esse delineamento e as produtividades dos genótipos variam de caso para caso, e o estabelecimento de mega-ambientes permite que o melhorista acesse ou antecipe os custos e os benefícios que pode ter, através desse tipo de análise (GAUCH, 2006). Do ponto de vista do melhorista, um genótipo instável não deve ser prontamente descartado, pois é possível identificar adaptações específicas e realizar recomendações regionalizadas (DUARTE e VENCOVSKI, 1999).

A análise da interação GxE em gráficos biplot possibilita ao pesquisador compreender melhor a cultura, permitindo estabelecer objetivos de melhoramento realistas e um critério de seleção, além de revelar os pontos fortes e fracos dos genótipos avaliados, auxiliando na identificação dos que apresentam características superiores (YAN e TINKER, 2006).

Uma alternativa para solucionar os problemas de interpretação de biplots citados por Yang et al. (2009) seria o uso da abordagem Bayesiana e a construção de regiões de credibilidade nos biplots, fornecendo uma medida de incerteza para a recomendação. Alguns trabalhos recentes mostram a flexibilidade do método AMMI-Bayesiano em incorporar regiões de máxima densidade a posteriori para os escores genotípicos e ambientais, permitindo a identificação de grupos de ambientes e genótipos, de acordo com os efeitos da interação GxE (CROSSA et al., 2011; PEREZ-ELIZALDE et al., 2011; JOSSE et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2015).

Porém, os métodos Bayesianos propostos por Crossa et al. (2011), Perez-Elizalde et al. (2011) e Josse et al. (2014) consideram o efeito de genótipos como fixo e, do ponto de vista genético, é interessante considerar esse efeito como aleatório, permitindo estimar componentes de variância e incorporar informações adicionais ao modelo, como informações de parentesco, permitindo, assim, melhorar a acurácia preditiva do modelo (OLIVEIRA et al., 2015).

2.4 Estatística Bayesiana

O método bayesiano tem como princípio descrever a incerteza em torno de um parâmetro, utilizando como medida de incerteza a probabilidade desse parâmetro assumir determinados valores (FARIA et al., 2007).

O modelo bayesiano tem como filosofia que tudo o que é desconhecido é incerto e, portanto, toda a incerteza deve ser quantificada em termos de probabilidade (PAULINO et al., 2003). Isso se torna vantajoso do ponto de vista de seleção. Como pretende-se identificar os melhores genótipos entre aqueles em avaliação, é interessante considerar os seus efeitos como aleatórios, pois essa abordagem permite uma melhor previsão dos verdadeiros valores genotípicos e, conseqüentemente, um melhor ranqueamento dos genótipos (SMITH et al., 2005).

Outro ponto ressaltado por Smith et al. (2005) a respeito do efeito aleatório para genótipos é a importância do produtor na escolha do melhor genótipo para a sua região. Pode ser que uma empresa de sementes deseje comparar o seu genótipo com os de outras empresas, o que exigiria a adoção de efeitos fixos para genótipos, porém os autores acreditam em uma decisão que leva ao “bem comum”, permitindo que os próprios produtores avaliem quais genótipos são melhores para o seu ambiente.

Os modelos bayesianos levam em conta uma informação inicial, que possui uma distribuição de probabilidade (subjéitiva ou lógica) chamada de distribuição a priori, que permite um processo de aprendizagem com a experiência (PAULINO et al., 2003). Com as informações a priori e amostrais, é possível atualizar, periodicamente, a distribuição de probabilidade a posteriori, modificando e atualizando as estimativas dos parâmetros (RESENDE, 2000). Segundo Paulino et al. (2003), o Teorema de Bayes pode ser descrito da seguinte maneira:

$$P(A_i|B) = \frac{P(B|A_i)P(A_i)}{P(B)}$$

em que, através dessa fórmula, a informação a posteriori incorpora toda a informação disponível sobre o parâmetro, ou seja, a informação inicial e a informação obtida com a experiência. Esse autor ainda ressalta a importância da função de verossimilhança na transformação do conhecimento a priori sobre o parâmetro:

distribuição a posteriori \propto verossimilhança \times distribuição a priori

Gauch (2003) afirma que o teorema de Bayes constitui-se em uma simples forma de ajuste do conceito de probabilidade condicional, e define da seguinte maneira cada um de seus termos:

- **Priori:** esse termo refere-se a uma probabilidade prévia aplicada a uma hipótese, proposição, modelo, evento ou crença, ou seja, é uma probabilidade inicial de uma proposição ser verdadeira ou um evento ocorrer antes de coletar novos dados;
- **Verossimilhança:** determina o impacto que os dados terão sobre a probabilidade da hipótese. A hipótese que fornece baixa probabilidade aos novos dados coletados tem pouca credibilidade, enquanto que a hipótese que fornece alta probabilidade a esses dados tem forte credibilidade. A credibilidade das hipóteses terá influência dos dados, variando conforme se ajustam aos mesmos.
- **Posteriori:** refere-se à uma probabilidade posterior que, assim como a priori, é aplicada à uma hipótese, proposição, modelo, evento ou crença. É uma probabilidade obtida após o uso das informações consideradas pela verossimilhança.

Segundo Resende (2000), a análise Bayesiana permite obter estimativas mais precisas de componentes de variância, parâmetros genéticos, valores genéticos e ganhos genéticos. Porém, o uso do paradigma de Bayes no contexto dos ensaios multiambientais e seleção de cultivares é limitado (CROSSA et al., 2011).

Entre as vantagens do uso de estimativas de posteriores condicionais de modelos lineares-bilineares Bayesianos, Perez-Elizalde et al. (2011) citam o fato de permitirem estimar regiões de credibilidade de maneira natural, em torno dos parâmetros da interação genótipos x ambientes, dados pelos seus escores, identificar genótipos e ambientes que contribuem para a interação ou que são similares, analisar dados desbalanceados de maneira natural, permitirem

incorporar informações a priori na análise e fornecerem um teste eficiente para determinação do número de componentes a serem retidos no modelo.

É comum para o melhorista lidar com dados desbalanceados e heterogeneidade de variâncias em experimentos multiambientais. Isso se torna uma grande dificuldade ao se utilizar modelos fixos, porém é minimizado em análises de modelos mistos (OLIVEIRA et al., 2015). Porém, a imputação de dados em uma abordagem Bayesiana tem a vantagem de ser parte de toda a análise, enquanto modelos fixos e mistos exigem que seja realizada a imputação dos dados perdidos primeiro, para depois aplicar a análise AMMI (CROSSA et al., 2011).

O uso de posteriores condicionais para o modelo AMMI-Bayesiano apresenta a vantagem de identificar e separar grupos homogêneos, utilizando inferência estatística, diferentemente da abordagem AMMI de modelos fixos e mistos, pois permite derivar regiões de credibilidade para os parâmetros da interação a partir de seus escores de maneira natural (CROSSA et al., 2011).

Josse et al. (2014), conduzindo trabalho utilizando o AMMI-Bayesiano, mostraram que essa abordagem permite responder questões práticas de importância para o melhorista, como a probabilidade de um genótipo produzir menos que um determinado valor em um ambiente selecionado aleatoriamente. Os autores também ressaltam o fato de melhoristas já terem ideia do valor da média do ambiente em estudo, a magnitude das variâncias genética e ambiental, e a magnitude da interação quando possuem informações prévias, reforçando o interesse no uso da abordagem Bayesiana em estudos da interação GxE.

A abordagem bayesiana permite o uso da estimação por regiões, em que um resumo da posteriori, mais informativo do que uma estimativa pontual, é obtido de uma região no espaço paramétrico, semelhantes aos intervalos de confiança da abordagem frequentista (PAULINO et al., 2003).

2.5. Captura de sinal e parcimônia

Os dados coletados em experimentos são uma mistura de *sinal* e *ruído*, e a interação GxE incorpora a maior parte desse *ruído* por possuir a maior parte dos graus de liberdade, enquanto que o *sinal* geralmente é devido a causas impostas pelo experimentador, portanto conhecidas (GAUCH, 2006).

Gauch (2003) afirma que os termos *sinal* e *ruído* são utilizados em estatística, geralmente, referindo-se aos efeitos dos tratamentos e a erros aleatórios. Ele define *sinal* como uma resposta dos fatores dos tratamentos utilizados no experimento, e *ruído* como uma variação que não pode ser controlada. A porção *sinal* é estável e apresenta significado agrônômico e valor preditivo, enquanto que o *ruído* é individual, não permitindo que se faça uma interpretação do mesmo e, portanto, sem valor preditivo (GAUCH e ZOBEL, 1988). Pode-se dizer que o *ruído* é a discrepância entre o verdadeiro *sinal* e os dados imperfeitos, ou a diferença entre o verdadeiro *sinal* e as estimativas do modelo (GAUCH, 2003).

É importante separar o *sinal* do *ruído*, pois o *sinal* é real e repetível, portanto deve ser capturado pelas análises estatísticas, enquanto que o *ruído* não, e deve ser descartado (GAUCH, 2006). Gauch (2006) afirma ainda que, devido à separação imperfeita desses efeitos, a escolha do número de componentes a serem retidos no modelo deve ser cuidadosa, de forma a não perder *sinal* e descartá-lo como resíduo.

O número de componentes a serem retidos pelo modelo determina uma família de modelos AMMI, sendo o AMMI0 o modelo que não retém componentes, AMMI1 o modelo que retém 1 componente, AMMI2 que retém 2 componentes, e, assim por diante, até chegar ao modelo completo (*full*, do inglês) chamado de AMMIF (DUARTE e VENCOVSKI, 1999). Porém, Duarte e Vencovski (1999) ressaltam que, apesar do ajuste perfeito da matriz de médias

que ocorreria se fossem retidos todos os componentes, seriam consumidos muitos graus de liberdade e, portanto, deve-se utilizar um modelo AMMI com poucos componentes e que descarte um resíduo adicional proveniente da porção *ruído*.

Silva et al. (2015) compararam análises AMMI convencional e Bayesianas para eficiência estatística, e observaram dois picos em AMMI2 e AMMI5. Para a abordagem convencional, o modelo que melhor separou *senal* de *ruído* foi o AMMI5, porém esse modelo utilizava o dobro de graus de liberdade em relação ao AMMI2. Para os modelos Bayesianos, o modelo AMMI2 foi o que apresentou maior eficiência estatística, evidenciando que os métodos Bayesianos foram melhores em reter *senal* e descartar *ruído*, utilizando menor número de graus de liberdade.

Como o *senal* é parcimonioso, são necessários modelos mais simples para recuperá-lo, enquanto que o *ruído* exige modelos mais complexos, e essa relação entre recuperação de *senal* e *ruído* influencia na escolha do modelo e na acurácia, permitindo obter um aumento em eficiência (GAUCH, 2003). Gauch (2003) ainda afirma que modelos parcimoniosos podem fornecer estimativas precisas com menor número de dados, permitindo uma redução de custos para a obtenção dos resultados.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Ambientes e condições experimentais

Utilizaram-se dois conjuntos de dados distintos, sendo o primeiro caracterizado por ser balanceado e apresentar maior número de genótipos do que de ambientes, e o segundo por ser desbalanceado e apresentar maior número de ambientes do que de genótipos. Para a primeira análise, os dados utilizados foram os mesmos de trabalho conduzido por Machado et al. (2008). Os experimentos foram conduzidos na safra 2005/2006, em 15 locais diferentes (Tabela 1). Foram utilizados 10 híbridos simples comerciais oriundos das empresas Monsanto, Pioneer, Nidera Sementes e Dow AgroSciences, e todos os possíveis 45 híbridos duplos obtidos entre eles. Os experimentos foram conduzidos no delineamento em blocos casualizados com três repetições, sendo a parcela experimental constituída de duas linhas com 3 metros de comprimento, utilizando uma densidade de 55000 plantas.ha⁻¹. O caráter em avaliação foi produtividade de espigas despalhadas (kg.ha⁻¹), corrigida para 13% de umidade.

Tabela 1. Locais de condução dos experimentos de 55 genótipos de milho em 15 ambientes, safra 2005/ 2006.

Local	Município	Latitude	Longitude
Área Experimental DBI/ UFLA	Lavras-MG	21°13'S	44°58'W
Área Experimental Geneze	Guarda-Mor-MG	17°34'S	47°08'W
Área Experimental Bionacional	Barreiras-BA	12°08'S	45°00'W
Área Experimental Prezzotto	Jussara-GO	23°35'S	52°28'W
Fazenda Vitorinha	Lavras-MG	21°12'S	44°58'W
Área Experimental Coopadap	São Gotardo-MG	19°18'S	46°03'W
Fazenda Faepe	Ijaci-MG	21°09'S	44°56'W
Fazenda Faepe	Ijaci-MG	21°09'S	44°56'W
Fazenda Mato Dentro	Lavras-MG	21°13'S	45°03'W
Fazenda Morro do Guerra	R. Vermelho-MG	21°10'S	45°04'W
Fazenda Candeias	Candeias-MG	20°46'S	45°19'W
Fazenda Chimarrão	Paracatu-MG	17°13'S	46°39'W
Fazenda Milanez	Carrancas-MG	21°24'S	44°38'W
Fazenda dos Coelhoos	Itutinga-MG	21°23'S	44°46'W
Fazenda da Pedra	Ingaí-MG	21°22'S	44°45'W

Adaptado de Machado et al. (2008).

O segundo conjunto de dados é o mesmo utilizado por Figueiredo et al. (2015). Vinte e oito híbridos foram avaliados em 35 ambientes diferentes, divididos em 4 épocas. Os locais utilizados em mais de uma safra foram considerados como ambientes diferentes (Tabela 2). Alguns híbridos não foram avaliados em todas as safras, caracterizando uma situação de desbalanceamento ocasionado pela inclusão ou descarte de genótipos ao longo dos anos. Na Tabela 2, relacionam-se os locais utilizados para a implantação dos experimentos, os quais foram conduzidos no sistema de plantio direto. As densidades de plantio utilizadas foram de 70000 plantas.ha⁻¹ para os experimentos semeados na época da primeira safra e 60000 plantas.ha⁻¹ para os experimentos de segunda safra. O

delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela foi constituída de 4 linhas de 5 metros cada, com espaçamento de 0,50 m entre elas. A produtividade de grãos foi corrigida para 14% de umidade.

Tabela 2. Locais de condução dos experimentos de 28 genótipos de milho em 35 ambientes, safras 2010/ 2011 e 2011/ 2012.

Época	Locais	Época	Locais	
2010/ 2011 1ª Safra	A2	Abelardo Luz – SC	A1	Abelardo Luz – SC
	A13	Araguari – MG	A14	Araguari – MG
	A15	Boa Esperança – MG	A7	Castro – PR
	A5	Carazinho – RS	A35	Guarapuava – PR
	A6	Castro – PR	A21	Costa Rica – MS
	A34	Guarapuava – PR	A4	Coxilha – RS
	A3	Coxilha – RS	A17	Madre de Deus – MG
	A16	Madre de Deus – MG	A18	Paraguaçu – MG
	A12	Maua da Serra – PR	A30	Ponta Grossa – PR
	A29	Ponta Grossa – PR	A20	Uberlândia – MG
	A11	Rio Verde – PR	A33	Vargem Grande – SP
	A19	Uberlândia – MG		
	2010/ 2011 2ª Safra	A22	Campo Novo – MT	A9
A24		Campo Verde – MT	A23	Campo Novo – MT
A10		Montividiu – GO	A25	Campo Verde – MT
A26		Nova Mutum – MT	A8	Dourados – MS
A31		Rondonópolis – MT	A32	Rondonópolis – MT
A27		Sorriso – MT	A28	Sorriso – MT

Adaptado de Figueiredo et al. (2015).

3.2 Modelo AMMI-Bayesiano

O modelo utilizado nessa abordagem é o mesmo apresentado por Oliveira et al. (2015), em que o vetor de resposta fenotípicas \mathbf{y} é composto por $n = lr$ observações sendo r o número de genótipos e $l = bc$ o número de repetições obtidas pelo confundimento dos efeitos de blocos e ambientes (b e c são os números de blocos e ambientes, respectivamente). O modelo AMMI, em notação vetorial, pode ser expresso como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_1\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(\mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha}_k)\mathbf{X}_2\boldsymbol{\gamma}_k + \boldsymbol{\varepsilon} \quad (1)$$

sendo $\boldsymbol{\beta}$ e \mathbf{g} os vetores de efeitos de bloco + ambiente (confundidos) e efeitos principais de genótipos, respectivamente, $\boldsymbol{\alpha}_k$ e $\boldsymbol{\gamma}_k$ os vetores singulares (relacionados aos genótipos e ambientes) e λ_k o valor singular relacionado aos k -ésimos vetores, com $k = 1, \dots, t$, em que $t = \min(r, c)$ denota o posto da matriz GE e \mathbf{X}_1 , \mathbf{X}_2 e \mathbf{Z} são matrizes de delineamento. $\boldsymbol{\varepsilon}_{n \times 1}$ é o vetor contendo os erros aleatórios, com $\boldsymbol{\varepsilon} \sim N_n(\mathbf{0}, \sigma_e^2 \mathbf{I}_n)$, sendo $\mathbf{0}$ o vetor de zeros, σ_e^2 a variância do erro e \mathbf{I}_n a matriz identidade.

Esse modelo está sujeito às conhecidas restrições provenientes da decomposição por valores singulares, ou seja, os valores singulares são positivos e estão em ordem decrescente em relação à magnitude ($\lambda_k \geq \lambda_{k+1}$) e os vetores singulares são ortogonais entre si e possuem norma unitária.

A distribuição condicional dos dados tem densidade normal multivariada $\mathbf{y} | \boldsymbol{\alpha}, \boldsymbol{\gamma}, \boldsymbol{\lambda}, \mathbf{g}, \boldsymbol{\beta}, \sigma_e^2 \sim N(\boldsymbol{\theta}, \mathbf{I}_n \sigma_e^2)$ em que o vetor de média é dado por:

$$\boldsymbol{\theta} = \mathbf{X}_1\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(\mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha}_k)\mathbf{X}_1\boldsymbol{\gamma}_k.$$

Distribuições a priori para os parâmetros do modelo AMMI

Para $\boldsymbol{\beta}$ e \mathbf{g} são atribuídas distribuições a priori normais multivariadas $\boldsymbol{\beta} | \boldsymbol{\mu}_\beta, \sigma_\beta^2 \sim N(\boldsymbol{\mu}_\beta, \sigma_\beta^2)$ e $\mathbf{g} | \boldsymbol{\mu}_g, \sigma_g^2 \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_g^2)$. Considerando $\sigma_\beta^2 \rightarrow \infty$ equivale a $\boldsymbol{\beta} \sim \text{constante}$. Para os valores singulares, atribuíram-se distribuições normais truncadas (para valores positivos) $\lambda_k | \mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2 \sim N^+(\mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2)$, com $\sigma_{\lambda_k}^2 \rightarrow \infty$, de forma que $\lambda_k | \mu_{\lambda_k}, \sigma_{\lambda_k}^2 \sim \text{constante}$.

Para $\boldsymbol{\alpha}_k$ e $\boldsymbol{\gamma}_k$ foram atribuídas distribuições uniformes esféricas no subespaço corrigido, que são casos particulares da Von Mises-Fisher, quando o parâmetro de concentração tem valor igual a zero. A amostragem deve ser realizada no espaço corrigido onde os vetores não possuem as restrições impostas pelo modelo (CROSSA et al., 2011; VIELE & SRINIVASAN, 2000).

Para as variâncias, foram atribuídas distribuições qui-quadrado inversas escaladas e ao considerar parâmetro de escala e graus de liberdade iguais a zero, obtêm-se $\sigma_g^2 \sim (\sigma_g^2)^{-1}$ e $\sigma_e^2 \sim (\sigma_e^2)^{-1}$ para variância genotípica e variância do erro experimental, respectivamente (OLIVEIRA et al., 2015; SILVA et al. 2015).

É interessante notar que para \mathbf{g} foi atribuída uma priori hierárquica em dois níveis e, devido à incerteza em relação à variância genotípica, obtemos um efeito aleatório para genótipos. A priori atribuída a σ_g^2 é não informativa de modo que a incerteza em relação à estimação de \mathbf{g} fica determinada basicamente pela função de verossimilhança.

Para os valores singulares são atribuídas distribuições a priori normais truncadas, pelo fato de essas variáveis assumirem somente valores positivos e $\lambda_k \geq \lambda_{k+1}$.

Distribuições condicionais a posteriori

O modelo utilizado para o estudo da interação GE foi o apresentado em Oliveira et al. (2015), bem como o conjunto de priores para os parâmetros, resultando, assim, nas mesmas distribuições condicionais a posteriori. Logo, o algoritmo de Gibbs pode ser utilizado para realizar a amostragem e esse processo foi conduzido como se segue:

Passo 1: realiza-se a amostragem do parâmetro $\boldsymbol{\beta}$, cuja distribuição condicional é:

$$\boldsymbol{\beta} | \dots \sim N \left[(\mathbf{X}_1' \mathbf{X}_1)^{-1} \mathbf{X}_1' (\mathbf{y} - \mathbf{Z}\mathbf{g} - \boldsymbol{\Theta}), (\mathbf{X}_1' \mathbf{X}_1)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (3)$$

em que $\boldsymbol{\Theta} = \sum_{k=1}^t \lambda_k \text{diag}(\mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha}_k) \mathbf{X}_2 \boldsymbol{\gamma}_k$.

Passo 2: amostragem do parâmetro \mathbf{g} , com distribuição condicional dada por:

$$\mathbf{g} | \dots \sim N \left[\left(\mathbf{Z}' \mathbf{Z} + \mathbf{I} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \right)^{-1} \mathbf{Z}' (\mathbf{y} - \mathbf{X}_1 \boldsymbol{\beta} - \boldsymbol{\Theta}), \left(\mathbf{Z}' \mathbf{Z} + \mathbf{I} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} \right)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (4)$$

Dada a amostragem de \mathbf{g} inicia-se o processo de amostragem dos termos multiplicativos do modelo.

A amostragem dos parâmetros correspondente à interação é realizada k vezes com k indo de 1 até t .

Passo 3: amostragem do parâmetro λ_k , cuja distribuição condicional é:

$$\lambda_k | \dots \sim N^+ \left[\left(\phi' \phi \right)^{-1} \phi' \Delta, \left(\phi' \phi \right)^{-1} \sigma_e^2 \right] \quad (5)$$

em que $\Delta = \mathbf{y} - \mathbf{X}_1 \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z} \mathbf{g} - \sum_{k' \neq k}^t \lambda_{k'} \text{diag}(\mathbf{Z} \boldsymbol{\alpha}_{k'}) \mathbf{X}_2 \boldsymbol{\gamma}_{k'}$, $\phi = \text{diag}(\mathbf{Z} \boldsymbol{\alpha}_k) \mathbf{X}_2 \boldsymbol{\gamma}_k$ e $\lambda_1 \geq \dots \geq \lambda_t \geq 0$.

Passo 4: amostragem do parâmetro $\boldsymbol{\alpha}_k^*$, cuja distribuição condicional é:

$$\boldsymbol{\alpha}_k^* \sim \text{VMF} \left(r-t, \frac{c_k \lambda_k}{\sigma_e^2}, \tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\alpha_k} \right) \quad (6)$$

em que $\tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\alpha_k} = c_k^{-1} \mathbf{H}_1' \left(\boldsymbol{\Lambda}' (\mathbf{y} - \mathbf{X}_1 \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z} \mathbf{g}) \right)$, $c_k = \sqrt{(\mathbf{H}_1' \boldsymbol{\mu}_{\alpha_k})' \mathbf{H}_1' \boldsymbol{\mu}_{\alpha_k}}$ e $\boldsymbol{\Lambda} = \text{diag}(\mathbf{X}_2 \boldsymbol{\gamma}_k) \mathbf{Z}$, sendo que c_k é a constante normalizadora e \mathbf{H}_1' é a matriz de ortogonalização dos parâmetros $\boldsymbol{\alpha}_k$.

Realizada a amostragem de $\boldsymbol{\alpha}_k^*$ e obedecendo à restrição da esfera unitária no subespaço corrigido \mathcal{S}_{r-t} , os vetores $\boldsymbol{\alpha}_k$ são obtidos, utilizando a transformação inversa dada por $\boldsymbol{\alpha}_k = \mathbf{H}_1 \boldsymbol{\alpha}_k^*$.

Passo 5: amostragem do parâmetro $\boldsymbol{\gamma}_k^*$, cuja distribuição condicional é:

$$\boldsymbol{\gamma}_k | \dots \sim \text{VMF}[c, \boldsymbol{\mu}_{\boldsymbol{\gamma}_k}] \quad \boldsymbol{\gamma}_k^* \sim \text{VMF} \left(c-t, \frac{d_k \lambda_k}{\sigma_e^2}, \tilde{\boldsymbol{\mu}}_{\boldsymbol{\gamma}_k} \right) \quad (7)$$

em que $\boldsymbol{\mu}_{\gamma_k} = d_k^{-1} \mathbf{H}_2^* (\boldsymbol{\Omega}^* (\mathbf{y} - \mathbf{X}_1 \boldsymbol{\beta} - \mathbf{Z} \mathbf{g}))$, $d_k = \sqrt{(\mathbf{H}_2^* \boldsymbol{\mu}_{\gamma_k})^* \mathbf{H}_2^* \boldsymbol{\mu}_{\gamma_k}}$ e $\boldsymbol{\Omega} = \text{diag}(\mathbf{Z} \boldsymbol{\alpha}_k) \mathbf{X}_2$, sendo que d_k é a constante normalizadora, e \mathbf{H}_2^* é a matriz de ortogonalização dos parâmetros $\boldsymbol{\gamma}_k$.

Assim como para os vetores $\boldsymbol{\alpha}_k^*$, os vetores $\boldsymbol{\gamma}_k^*$ são amostrados no subespaço corrigido da esfera unitária pela transformação inversa.

O processo de amostragem dos termos multiplicativos $(\lambda_k, \boldsymbol{\alpha}_k, \boldsymbol{\gamma}_k)$ é realizado de forma sequencial com $k = t$, sendo t o número máximo de índices dos termos multiplicativos do modelo. Em cada passo do processo iterativo, para cada termo multiplicativo são amostrados os t parâmetros.

Passo 6: amostragem do parâmetro σ_g^2 com distribuição condicional dada por:

$$\sigma_g^2 | \dots \sim \text{inv-escalada} - \chi^2 \left[n_g, \mathbf{g}^* \mathbf{g} \right] \quad (8)$$

Passo 7: amostragem do parâmetro σ_e^2 , cuja distribuição condicional é:

$$\sigma_e^2 | \dots \sim \text{inv-escalada} - \chi^2 \left[n, (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta})^* (\mathbf{y} - \boldsymbol{\theta}) \right] \quad (9)$$

3.3 Amostragem e inferência

A amostra para todos os parâmetros foi obtida pelo método de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) utilizando um algoritmo de Gibbs.

A amostragem para os vetores singulares é realizada via transformação ortogonal, por meio de variáveis auxiliares no subespaço corrigido como descrito em Oliveira et al. (2015) e Silva et al. (2015).

A convergência das cadeias foi monitorada pelos métodos de Raftery e Lewis (1992) e Heidelberger e Welch (1983), implementados no pacote BOA (Bayesian Output Analysis).

Estimativas pontuais para quase todos os parâmetros foram obtidas pela média a posteriori. As exceções são para os vetores singulares, já que os vetores formados pelas médias das coordenadas não preservam as restrições de ortonormalidade. O método utilizado para obter as estimativas foi o proposto por Liu (2001).

Os intervalos de credibilidade HPD (Highest Probability Density) para efeitos principais de genótipos foram construídos, também, com o auxílio do pacote BOA.

As regiões de credibilidade bivariadas (a 95%) para os escores $(\lambda_1^{1/2}\alpha_{i1}, \lambda_2^{1/2}\alpha_{i2})$ e $(\lambda_1^{1/2}\gamma_{j1}, \lambda_2^{1/2}\gamma_{j2})$ no biplot AMMI2 foram construídas pelo método das distâncias euclidianas (OLIVEIRA et al., 2015).

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software estatístico R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2014).

3.4 Agrupamento de elipses

Foi adotado um critério que visa a garantir sinal positivo ou negativo nas relações de genótipos e ambientes no biplot baseado nas elipses de confiança. As elipses podem assumir coordenadas com valores positivos ou negativos tanto para o eixo x quanto para o eixo y, o que possibilita definir nove grupos diferentes: (-, -); (-, 0); (-, +); (0, -); (0, 0); (0, +); (+, -); (+, 0); (+, +) (Figura 1). Esses grupos indicam a ocorrência ou não de interação, e se ela é do tipo simples ou complexa de acordo com os dois componentes principais do biplot. Por exemplo, um genótipo que apresente elipse dentro do quadrante (-, -) interage negativamente com um ambiente com elipse no quadrante (+, +), o que permite descartá-lo desse

local com um índice de credibilidade. Com a realização desse agrupamento, é possível definir grupos de ambientes que apresentam os mesmos efeitos da interação genótipos por ambientes e descrever as relações existentes entre os mesmos, além de facilitar a seleção e a recomendação de cultivares.

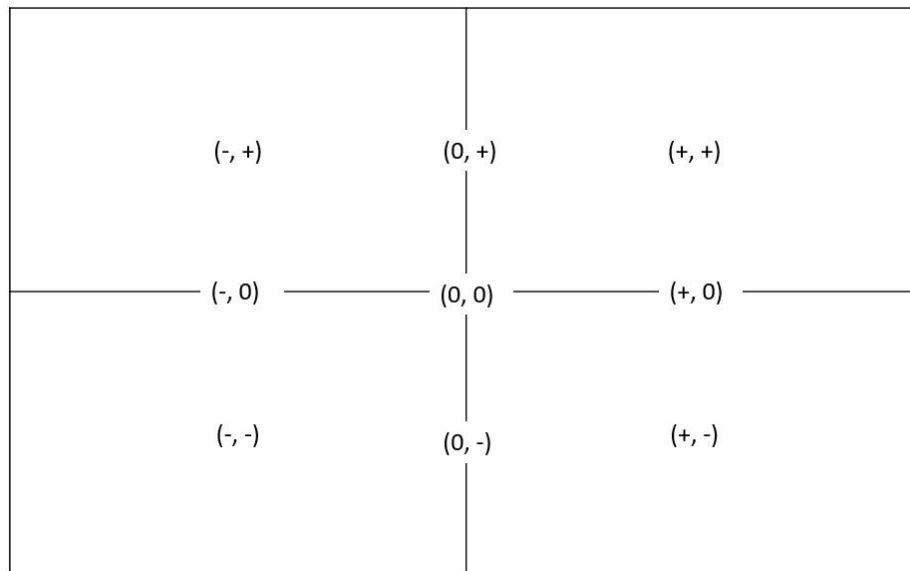


Figura 1. Representação dos grupos que podem ser definidos de acordo com as coordenadas para os dois primeiros componentes principais do biplot.

4 RESULTADOS

Nesta seção, serão apresentados os resultados das análises utilizando dados balanceados e das análises de dados desbalanceados separadamente.

4.1 Análise dos experimentos da safra 2005/2006

As análises dos dados obtidos dos experimentos da safra 2005/2006 referem-se às análises de dados balanceados, em uma situação em que o número de genótipos é maior que o número de ambientes.

4.1.1 Estimativas pontuais e regiões de credibilidade para efeitos de genótipos e componentes de variância

Como especificado anteriormente, foram simuladas 188 mil cadeias de Markov para os parâmetros do modelo AMMI. Após o descarte das 8 mil primeiras observações (burn in) e a realização de saltos, 20 (thinning), para evitar a seleção de dados de cadeias que ainda não estivessem atingido a convergência e ainda de observações correlacionadas, foram selecionadas 9 mil observações em cada cadeia para o processo de inferência. Os critérios de Raftery e Lewis (1992) e Heidelberger e Welch (1983) sinalizaram boas propriedades de convergência para todas as cadeias geradas.

Na Figura 2, indicam-se os genótipos que apresentaram efeitos genotípicos acima ou abaixo da média de todos os híbridos avaliados. Os valores estão dispostos em ordem crescente da esquerda para a direita, sendo que as sobreposições de intervalos indicam que os genótipos apresentam respostas semelhantes.

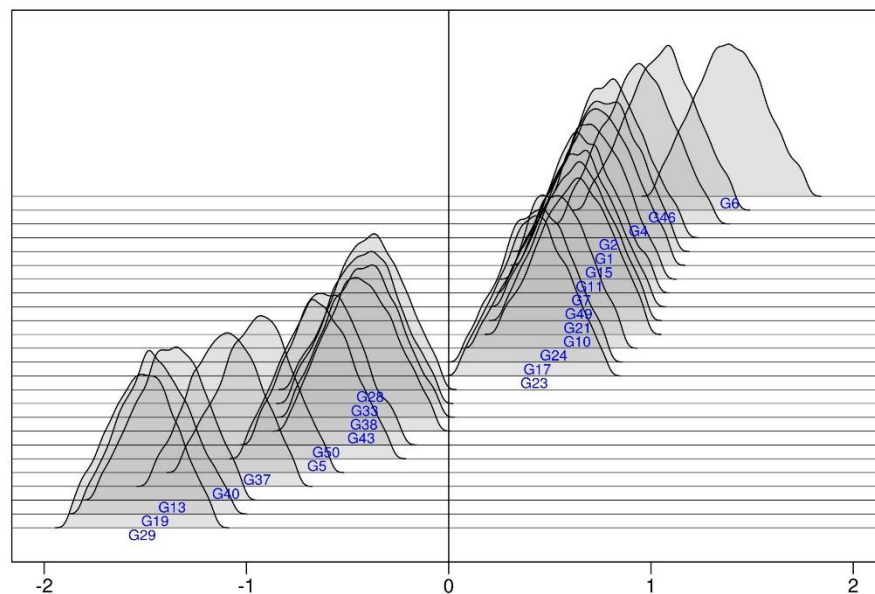


Figura 2. Médias a posteriori e regiões de credibilidade HPD para efeito de genótipos referentes aos dados provenientes do ensaio da safra 2005/2006, ao nível de 95% de credibilidade.

Todos os valores de desvio padrão dos genótipos avaliados foram muito próximos (Tabela 11 do Apêndice), o que é uma situação esperada em ensaios balanceados. Isso ainda pode ser confirmado pelas distribuições de probabilidade presentes na Figura 2.

Os genótipos G23, G17, G24, G10, G21, G49, G7, G11, G15, G1, G2, G4, G46 e G6 apresentaram respostas significativamente superiores à 0, porém, exceto pelo genótipo G6, não diferiram significativamente entre si, devido as sobreposições de suas distribuições. Portanto, esses genótipos apresentaram efeitos genotípicos superiores em relação à média dos híbridos avaliados.

As mesmas inferências podem ser realizadas com os resultados presentes do lado esquerdo da Figura 2. Os genótipos G29, G19, G13, G40, G37, G5, G50, G43, G38, G33 e G28 apresentaram respostas significativamente menores que 0,

ao nível de 95% de credibilidade. Além disso, os genótipos G29, G19 e G13 não diferiram significativamente entre si e apresentaram média inferior aos demais. Pode-se inferir que os efeitos genotípicos dos genótipos presentes do lado esquerdo da Figura 2 são significativamente inferiores à média geral.

Os genótipos não representados na Figura 2 apresentaram regiões de credibilidade que englobam o zero, ou seja, as médias desses genótipos não diferem significativamente da média dos híbridos em estudo.

No apêndice, encontra-se a Tabela 11, que apresenta todos os valores genotípicos, desvios padrões e intervalos de credibilidade de cada um dos 55 genótipos avaliados. Na Tabela 12 do Apêndice, estão as produtividades médias de cada um dos híbridos avaliados em todos os ambientes. Na Tabela 3, apresentam-se os valores médios, desvios padrões e intervalos de credibilidade para os componentes de variância de genótipos e do erro.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância de genótipos e erro referentes aos dados provenientes do ensaio da safra 2005/ 2006, ao nível de 95% de credibilidade.

	Média	Desvio Padrão	Limite Inferior*	Limite Superior*
$\hat{\sigma}_G^2$	0,3999	0,0871	0,2418	0,5679
$\hat{\sigma}_e^2$	1,3298	0,0457	1,2404	1,4215

* Limites obtidos ao nível de 95% de credibilidade.

4.1.2 Regiões de credibilidade para os efeitos genotípicos e ambientais

Na Figura 3, estão representadas as regiões de credibilidade dos escores genotípicos, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobaram a origem foram retiradas do biplot para facilitar a interpretação. Na Tabela 4, indica-se quanto da variação existente foi explicada por cada componente principal. Os dois primeiros valores singulares explicaram 58,43% da interação.

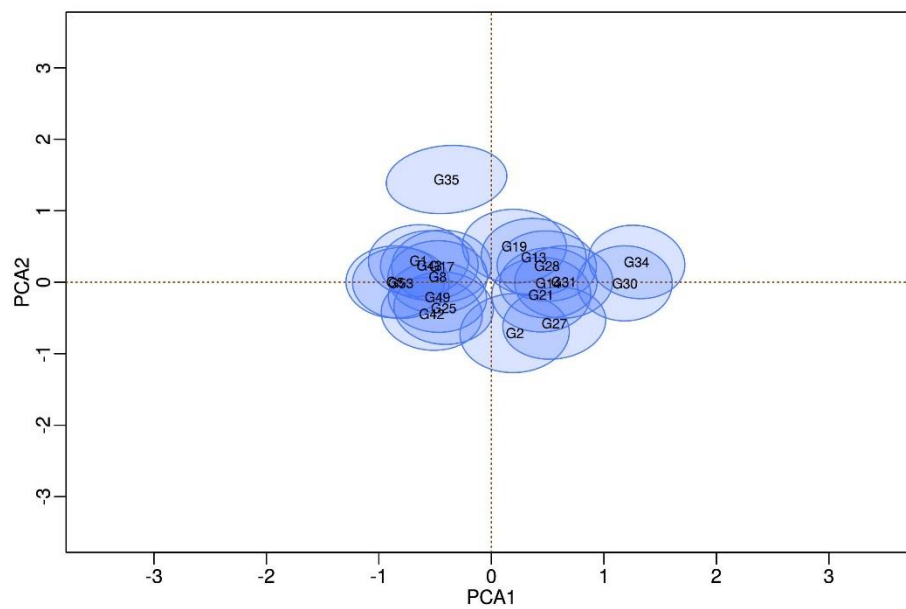


Figura 3. Regiões de credibilidade para os escores genotípicos dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.

Tabela 4. Valores singulares ou variação explicada pelos diferentes componentes principais para análise de 55 genótipos de milho em 15 ambientes, safra 2005/2006.

	Média	σ	Limite Inferior	Limite Superior	% Explicação	% Acumulada
λ_1	12,009	0,706	10,593	13,367	33,82	33,82
λ_2	8,740	0,749	7,266	10,188	24,61	58,43
λ_3	6,598	0,782	4,996	8,042	18,58	77,01
λ_4	4,197	1,268	1,336	6,342	11,82	88,83
λ_5	2,166	1,305	0	4,322	6,10	94,93
λ_6	0,973	0,851	0	2,686	2,74	97,67
λ_7	0,433	0,487	0	1,442	1,22	98,89
λ_8	0,202	0,275	0	0,768	0,57	99,46
λ_9	0,098	0,159	0	0,431	0,27	99,73
λ_{10}	0,049	0,095	0	0,230	0,14	99,87
λ_{11}	0,024	0,056	0	0,118	0,07	99,94
λ_{12}	0,012	0,034	0	0,061	0,03	99,97
λ_{13}	0,006	0,020	0	0,028	0,02	99,99
λ_{14}	0,003	0,013	0	0,014	0,01	100

Na prática, para que possam ser delineados grupos homogêneos, pode-se considerar seis grupos, conforme Tabela 5. Apenas o genótipo G27 não apresentou a coordenada 0 na sua posteriori para os dois componentes principais, o que indica que esse genótipo apresenta instabilidade. Além disso, esse genótipo apresentou padrão de interação diferente dos demais genótipos (coordenadas [+,-]). Os genótipos não representados na Figura 3, localizados no grupo [0, 0], apresentam elipses que englobam a origem, não sendo possível classificá-los como instáveis.

Tabela 5. Grupos de genótipos e ambientes formados de acordo com as relações de interação para os dois primeiros componentes principais do biplot.

Grupo	Genótipos	Ambientes
(-, 0)	G42, G25, G49, G53, G5, G8, G17, G43, G1	E1, E10
(0,-)	G2	E6, E7
(0, +)	G19, G35	E3, E5, E14
(+, -)	G27	E12
(+, 0)	G21, G14, G31, G28, G13, G30, G34	E2, E8
(0, 0)	G3, G4, G6, G7, G9, G10, G11, G12, G15, G16, G18, G20, G22, G23, G24, G26, G29, G32, G33, G36, G37, G38, G39, G40, G41, G44, G45, G46, G47, G48, G50, G51, G52, G54, G55	E4, E9, E11, E13, E15

Na Figura 3, é possível observar que existem certas similaridades entre alguns grupos, devido às sobreposições das elipses de seus genótipos. Porém, pode-se afirmar que o grupo que contém os genótipos G42, G25, G49, G53, G5, G8, G17, G43 e G1 apresenta padrão de interação diferente de G27 para o primeiro componente principal, assim como {G19, G35} apresenta resposta diferente de G2 e G27 para o segundo componente. O grupo {G19, G35} é composto por dois genótipos que apresentam elipses sem sobreposição. Isso ocorre, pois, embora suas elipses não se toquem, esses genótipos apresentam as mesmas relações de interação para os dois primeiros componentes principais do biplot, de acordo com o critério de agrupamento adotado. Porém, esses genótipos diferem na magnitude para o segundo componente principal.

Na Figura 4, estão representadas as regiões de credibilidade para os escores ambientais, ao nível de 95% de credibilidade. Da mesma forma que foi feito para os escores genotípicos, as elipses de ambientes que englobaram a origem foram retiradas do biplot para facilitar a interpretação.

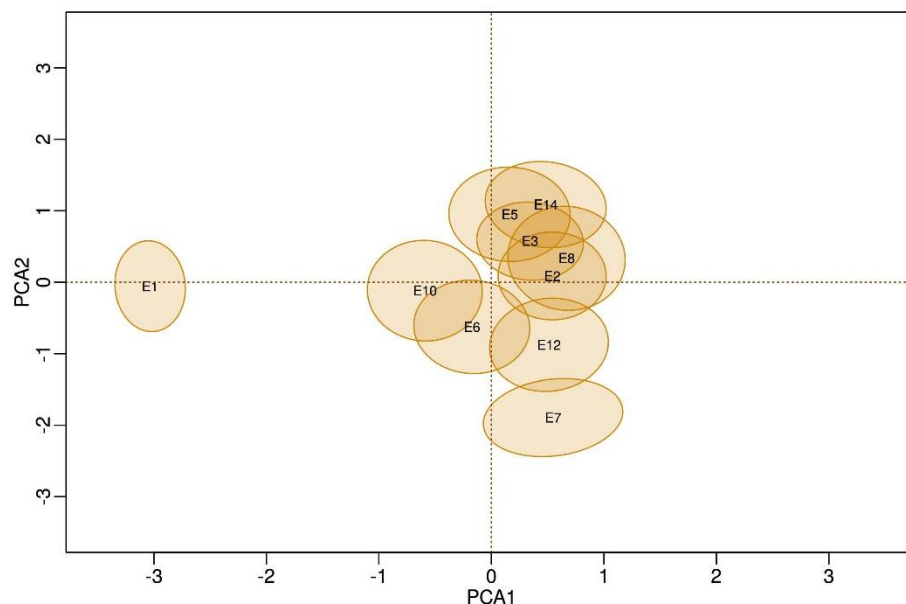


Figura 4. Regiões de credibilidade para os escores ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.

Os efeitos da interação genótipos por ambientes para os ambientes que não englobaram a origem são significativamente diferentes de zero, à 95% de credibilidade. Também pode-se dizer que esses ambientes formam seis grupos homogêneos, com efeitos distintos para a interação entre os mesmos (Tabela 4). Os ambientes que apresentaram elipses que englobam a origem podem ser classificados como de baixa contribuição para a interação GxE, pois a posteriori obtida não permite rejeitar o ponto $[0, 0]$.

Novamente, alguns grupos apresentaram similaridades entre si. Porém, pode-se afirmar que $\{E1, E10\}$ é significativamente diferente de $\{E2, E8\}$ e $\{E12\}$ no primeiro eixo. O grupo $\{E3, E5, E14\}$ difere dos grupos $\{E6, E7\}$ e $\{E12\}$ no segundo eixo.

A Figura 4 também indica os tipos de interação que ocorrem para cada grupo de ambientes. A variação existente nos grupos {E1, E10} e {E2, E8} é totalmente explicada apenas pelo primeiro componente principal, portanto, nesses ambientes podem ocorrer diferenças significativas nas interações do tipo simples, pois boa parte da diferença entre esses ambientes se dá em uma dimensão. Já para os grupos {E6, E7} e {E3, E5, E14}, todas as diferenças entre esses grupos são explicadas pelo segundo componente principal, que pode captar interação do tipo complexa. O ambiente E12 é altamente influenciado pela interação genótipos por ambientes, pois a variação existente é explicada pelos dois primeiros componentes principais e, portanto, exige maior dimensão para ser captada. Os sinais opostos dos grupos que sofrem os mesmos tipos de interação indicam que os efeitos da interação para esses grupos diferem em magnitude e sentido. Ambientes que apresentam 0 em pelo menos uma dimensão são inconclusivos quanto à contribuição para a interação; contudo, nota-se que o ambiente E1 apresenta uma posição bem destacada no biplot. Note que, se olharmos apenas o segundo eixo, não há discriminação desse ambiente em relação aos demais.

Na Figura 5, foram plotados os escores genotípicos e ambientais em um mesmo biplot. Dessa forma, é possível avaliar as adaptações específicas existentes entre os genótipos e os ambientes estudados.

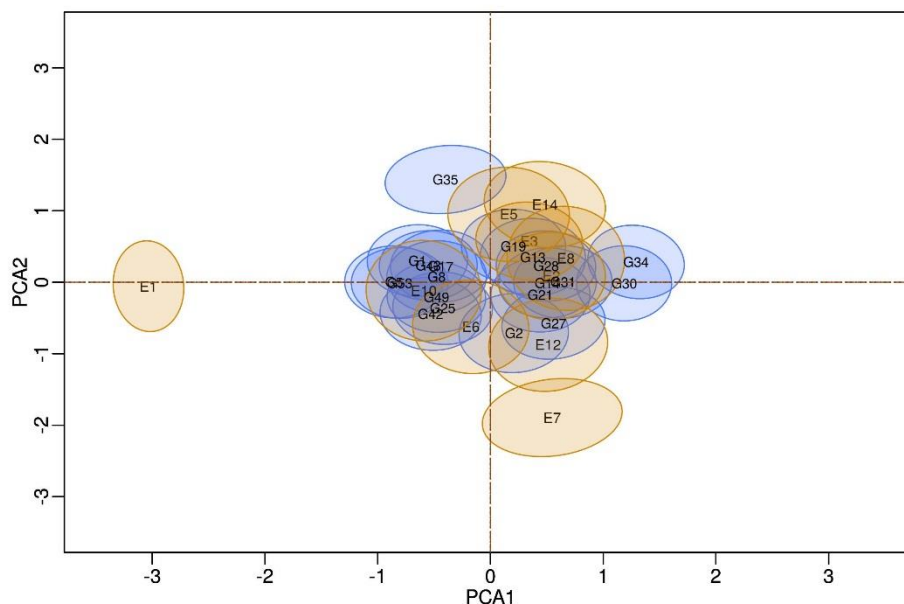


Figura 5. Regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.

De acordo com o critério adotado para o agrupamento de elipses, é possível sugerir interações positivas de genótipos à ambientes de acordo com os eixos do biplot (Tabela 4).

Um caso que chama a atenção é a adaptação do genótipo G27 ao ambiente E12, pois suas coordenadas não apresentam o zero e suas elipses encontram-se inteiramente dentro do mesmo quadrante. Portanto, esse genótipo interage positivamente com o ambiente E12 em todas as situações, considerando 95% de credibilidade. Nos demais casos, onde as elipses dos genótipos e dos ambientes englobam o zero em pelo menos uma dimensão, pode ocorrer uma alteração de sinais das coordenadas dos mesmos, alterando o padrão de interação do genótipo ou do ambiente. Por exemplo, o genótipo G35 e o ambiente E5 apresentam elipses

que cortam 0 no primeiro componente principal e, portanto, podem apresentar produto interno positivo ou negativo para esse eixo. Com isso, é complicado afirmar que existe adaptação específica nesses casos, pois em algumas situações as coordenadas poderão apresentar sinais trocados, indicando diferentes padrões de interação.

Outra importante inferência que se pode fazer é com relação à recomendação de genótipos produtivos e estáveis. Os genótipos G23, G24, G10, G7, G11, G15, G4, G46 e G6, representados na Figura 2, apresentaram respostas significativamente superior a 0, ou seja, apresentaram efeitos genotípicos superiores em relação à média dos híbridos avaliados. Além disso, por suas regiões de credibilidade englobarem a origem em ambos os eixos, podem ser classificados como estáveis. Portanto, esses genótipos podem ser amplamente recomendados para todos os ambientes em estudo.

Os genótipos que apresentam respostas significativamente inferiores à zero para os efeitos genotípicos não devem ser recomendados, pois apresentam resposta inferior à média populacional.

4.2 Análise dos experimentos das safras 2010/ 2011 e 2011/2012

Como comentado anteriormente, nos experimentos conduzidos nas safras 2010/ 2011 e 2011/ 2012 nem todos os híbridos foram avaliados em todas as épocas. Portanto, essas análises foram realizadas a partir de dados desbalanceados, em uma situação de maior número de ambientes do que de genótipos.

4.2.1 Estimativas pontuais e regiões de credibilidade para efeitos de genótipos e componentes de variância

De modo semelhante ao primeiro conjunto de dados multiambientais, o segundo conjunto também apresentou boas propriedades de convergência para as cadeias geradas de acordo com os critérios utilizados, que foram os mesmos da análise anterior. Realizado o descarte das primeiras observações e os procedimentos para evitar a seleção de observações correlacionadas, obteve-se 9000 observações em cada cadeia para o processo de inferência.

Na Figura 6, estão representadas as médias e distribuições de probabilidade dos valores genotípicos dos 28 genótipos estudados. Os valores estão dispostos em ordem crescente da esquerda para a direita.

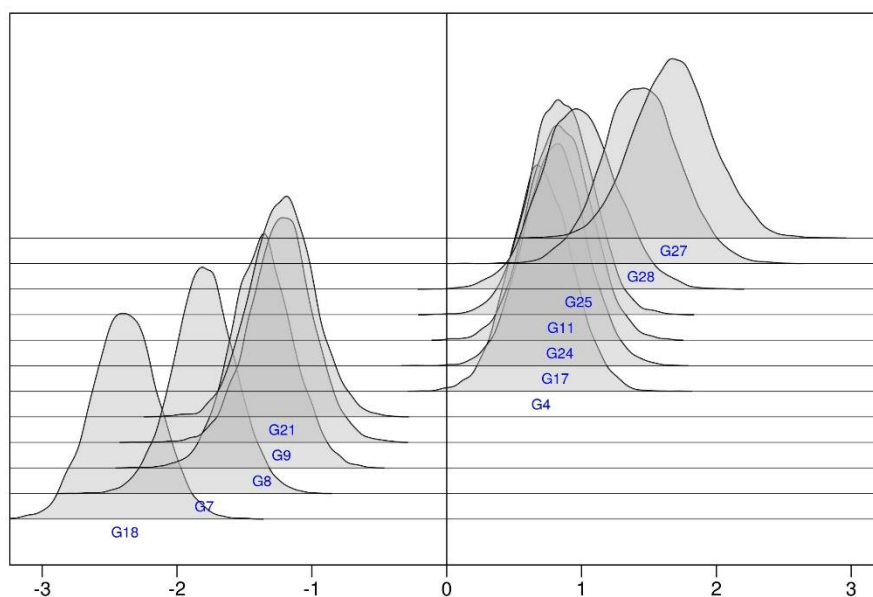


Figura 6. Médias a posteriori e regiões de credibilidade HPD para efeito de genótipos referentes aos dados provenientes do ensaio das safras 2010/ 2011 e 2011/ 2012, ao nível de 95% de credibilidade.

Ao contrário do que ocorreu na análise de dados balanceados, os valores de desvio padrão dos genótipos avaliados não foram semelhantes (Tabela 13 do Apêndice). Os híbridos G3, G12, G14, G18, G25, G26, G27 e G28, os quais não foram semeados em todas as safras, apresentaram maiores desvios padrões que os demais genótipos. Isso pode também ser confirmado, por exemplo, pelas distribuições a posteriori diferentes dos híbridos G27 e G28, que, nitidamente, foram mais amplas que as distribuições de G4 e G17, que são genótipos avaliados em todos os ambientes (Figura 2).

Os genótipos G4, G17, G24, G11, G25, G28 e G27 não diferiram significativamente entre si e apresentaram respostas superiores a 0, de acordo com os intervalos à 95% de credibilidade. Portanto, os efeitos genotípicos desses genótipos foram superiores à média do conjunto de híbridos avaliados.

Do mesmo modo, do lado esquerdo da Figura 6, os genótipos G18, G7, G8, G9 e G21 não diferiram significativamente entre si e apresentaram efeitos genotípicos estatisticamente inferiores a zero e, portanto, inferiores à média populacional.

Os genótipos não representados na Figura 6 possuem zero em seus intervalos de credibilidade. Portanto, as médias dos mesmos não diferem significativamente da média dos híbridos em estudo.

No Apêndice, a Tabela 13 apresenta todos os valores genotípicos, desvios padrões e intervalos de credibilidade de cada um dos 28 genótipos avaliados, enquanto que na Tabela 14 estão suas produtividades médias. Na Tabela 6, estão os valores médios, desvios padrões e intervalos de credibilidade para os componentes de variância de genótipos e do erro, enquanto que, nas Tabelas 7 e 8, estão relacionados os valores preditos dos genótipos nos ambientes em que havia dados faltantes.

Tabela 6. Estimativas dos componentes de variância de genótipos e erro referentes aos dados provenientes dos ensaios das safras 2010/ 2011 e 2011/ 2012, ao nível de 95% de credibilidade.

	Média	Desvio Padrão	Limite Inferior*	Limite Superior*
$\hat{\sigma}_G^2$	0,983	0,2959	0,509	1,585
$\hat{\sigma}_e^2$	1,3057	0,0656	1,1785	1,4349

* Limites obtidos ao nível de 95% de credibilidade.

Tabela 7. Efeitos da interação genótipos por ambientes preditos pelo modelo AMMI-Bayesiano para 28 híbridos nos ambientes de 1ª safra.

Genótipo	2010/ 2011 – 1ª Safra													2011/ 2012 – 1ª Safra												
	A2	A3	A5	A6	A11	A12	A13	A15	A16	A19	A29	A34	A1	A4	A7	A14	A17	A18	A20	A21	A30	A33	A35			
G1	-0,157	-1,526	-0,661	-0,071	-0,042	-0,252	-1,322	-1,114	0,763	-0,663	0,206	0,196	-0,375	-0,021	-0,024	0,060	0,186	-0,066	-0,691	1,465	-0,205	-0,081	-0,210			
G2	0,983	-0,131	0,783	-0,256	0,542	0,033	0,945	1,008	-0,492	0,429	-0,191	-0,205	-0,939	-0,912	-0,653	-0,260	-0,505	-0,324	0,198	0,539	0,021	-0,397	-1,291			
G3	0,514	0,997	-0,281	0,014	0,010	0,173	1,131	1,160	-0,310	0,362	-0,175	-0,248	-0,147*	-0,181*	0,005*	-0,021*	0,002*	0,009*	0,270*	-0,368*	0,239*	0,018*	-0,13*			
G4	0,962	1,405	-4,518	-0,219	-0,035	0,262	0,693	-0,052	-0,923	-1,138	-0,366	-0,523	-0,089	0,287	0,627	0,544	0,255	0,157	0,157	-0,407	1,280	0,943	0,188			
G5	0,885	0,411	0,159	-0,049	-0,079	0,028	0,590	1,106	-0,092	0,031	-0,246	-0,195	-0,711	-0,530	-0,271	-0,040	0,221	-0,003	-0,340	0,565	-0,061	0,058	-0,580			
G6	0,569	0,626	-5,322	-0,006	0,255	0,296	1,064	1,016	-0,534	-0,520	-0,394	-0,487	-0,272	0,295	0,449	0,370	0,453	-0,049	0,096	-0,877	0,849	0,992	-0,587			
G7	-1,848	-0,423	-1,138	0,471	-0,012	0,277	-0,923	-1,025	0,160	-0,217	0,409	0,659	1,474	1,417	0,335	-0,110	0,315	0,199	-0,078	-2,264	-0,437	0,623	0,850			
G8	-1,034	-0,509	1,840	0,209	-0,094	0,056	-0,354	-0,363	0,188	0,338	0,278	0,363	0,506	0,273	-0,024	-0,224	0,132	0,050	-0,097	-0,359	-0,558	-0,086	0,210			
G9	-1,390	-0,739	-4,568	0,278	0,263	0,251	-0,928	-1,062	0,219	-0,626	0,165	0,283	1,104	1,404	0,689	0,129	0,451	0,042	-0,169	-1,736	0,076	1,064	0,445			
G10	2,024	1,496	3,411	-0,047	-0,369	0,071	-0,002	0,377	0,287	0,387	0,120	0,317	-0,010	-0,358	-0,713	-0,300	-0,972	-0,338	0,029	0,649	-0,573	-1,055	0,465			
G11	0,991	0,934	2,211	0,001	-0,243	0,057	-0,047	0,287	0,162	0,142	0,061	0,222	0,103	-0,135	-0,283	-0,340	-0,446	-0,060	-0,104	0,147	-0,455	-0,464	0,354			
G12	0,946	1,305	0,135	-0,055	-0,182	0,196	0,751	0,627	0,130	0,103	-0,105	-0,167	-0,076*	-0,082*	-0,111*	-0,029*	-0,249*	-0,041*	0,005*	-0,035*	0,080*	-0,082*	0,132*			
G13	2,875	2,610	-2,792	0,095	0,176	0,627	0,840	1,040	0,520	-1,026	0,023	0,166	-0,155	0,321	-0,516	-0,197	-1,014	-0,310	-0,764	-0,247	-0,017	0,347	0,045			
G14	0,683	0,847	0,529	0,185	-0,171	0,145	0,153	0,488	0,171	-0,297	0,040	0,237	0,029*	0,067*	-0,263*	-0,190*	-0,211*	-0,029*	-0,181*	-0,126*	-0,238*	-0,131*	0,163*			
G15	0,164	0,267	-2,967	-0,041	0,222	0,061	1,090	1,217	-0,741	-0,509	-0,421	-0,454	-0,547	-0,179	0,273	0,115	0,611	0,307	0,332	-0,528	0,779	0,501	-0,554			
G16	0,895	1,658	5,338	0,026	-0,384	0,019	0,199	-0,352	-0,203	0,337	0,246	0,302	0,474	-0,224	-0,623	-0,149	-1,271	-0,039	0,294	0,029	-0,433	-0,979	1,062			
G17	2,074	2,208	3,606	-0,010	-0,431	0,110	0,442	0,279	0,022	0,178	0,032	0,252	0,143	-0,281	-0,663	-0,290	-1,316	-0,342	0,422	0,299	-0,267	-1,113	0,739			
G18	-7,658	-7,201	-0,063*	0,199*	0,024*	-1,213	-5,445	-6,344	0,922	0,005*	0,954	0,588*	2,160	1,761	1,768	0,810	1,724	0,704	0,043	-0,263	-0,337	0,715	1,324			
G19	0,810	0,249	1,188	0,053	0,001	0,049	-0,242	0,240	0,385	-0,054	0,107	0,294	-0,133	-0,053	-0,600	-0,262	-0,385	-0,244	-0,416	0,398	-0,531	-0,364	-0,091			
G20	0,696	0,178	-0,205	0,042	0,143	0,207	-0,446	-0,567	0,294	-0,449	0,203	0,337	0,092	0,320	-0,416	-0,092	-0,502	-0,259	-0,468	0,051	-0,490	0,043	0,007			
G21	-0,498	-1,150	2,060	-0,046	0,204	-0,217	-0,517	-0,826	0,002	0,042	0,180	0,235	-0,243	-0,449	-0,453	-0,109	-0,384	-0,179	-0,117	0,686	-0,329	-0,399	-0,305			
G22	-2,156	-1,113	-1,598	-0,058	0,054	-0,346	0,463	0,277	-0,301	0,407	-0,286	-0,646	-0,013	-0,019	0,949	0,472	1,295	0,564	0,428	-0,310	0,887	0,644	-0,153			
G23	-1,048	-0,774	-1,007	-0,064	-0,144	-0,200	-0,173	0,149	-0,093	0,057	-0,171	-0,302	-0,150	-0,011	0,529	0,193	0,922	0,391	0,029	0,150	0,381	0,375	0,009			
G24	-0,076	-1,149	0,210	-0,275	0,352	-0,301	0,727	0,987	-0,381	0,804	-0,260	-0,554	-1,175	-1,296	0,049	0,023	0,353	-0,202	0,374	1,333	0,228	-0,297	-1,408			
G25	-0,948	-0,886	1,849	-0,079	0,158	-0,243	0,429	0,634	-0,072	1,275	-0,144	-0,257	-0,196*	-0,481*	0,058*	-0,050*	0,295*	0,060*	0,363*	0,165*	-0,070*	-0,290*	-0,395*			
G26	0,378*	-0,291*	0,593*	-0,128*	0,003*	-0,164*	0,040*	0,172*	0,011*	0,113*	-0,072*	-0,121*	-0,620	-0,633	-0,206	-0,021	0,000	-0,108	0,141	0,965	-0,001	-0,441	-0,276			
G27	-0,278*	0,033*	-0,470*	-0,001*	-0,063*	-0,017*	0,112*	0,111*	-0,112*	0,022*	-0,072*	-0,122*	-0,005	0,088	0,326	0,067	0,315	0,178	0,127	-0,200	0,239	0,213	0,061			
G28	0,642	0,666	1,679	-0,170	-0,158	0,034	0,729	0,531	0,020	0,465	-0,121	-0,168	-0,229*	-0,390*	-0,236*	-0,100*	-0,275*	-0,071*	0,119*	0,278*	-0,059*	-0,356*	-0,076*			

* Valores preditos pelo modelo AMMI FULL.

Tabela 8. Efeitos da interação genótipos por ambientes preditos pelo modelo AMMI-Bayesiano para 28 híbridos nos ambientes de 2ª safra.

Genótipo	2010/ 2011 – 2ª Safra						2011/ 2012 – 2ª Safra					
	A10	A22	A24	A26	A27	A31	A8	A9	A23	A25	A28	A32
G1	0,242	0,813	1,242	0,648	0,133	0,179	0,592	-0,583	0,046	0,670	0,595	0,026
G2	0,527	-0,058	0,436	-0,268	0,258	-0,380	0,438	-0,324	0,438	0,143	0,185	-0,316
G3	-0,159	-0,593	-0,679	-0,584	-0,184	-0,201	-0,218*	0,151*	0,021*	-0,310*	-0,233*	-0,056*
G4	1,107	-0,473	-0,011	-0,303	-0,947	-0,184	-0,095	0,613	0,599	-0,317	0,148	0,371
G5	-0,085	0,115	0,256	-0,145	-0,007	-0,440	0,062	-0,031	-0,188	-0,057	-0,148	-0,188
G6	0,730	-0,380	-0,039	-0,132	-0,454	-0,578	0,065	0,730	0,855	-0,226	0,621	0,525
G7	-0,441	0,089	-0,519	0,749	0,513	0,323	-0,378	0,950	-0,419	-0,184	0,180	0,422
G8	-0,498	0,208	-0,226	0,297	0,392	0,125	-0,251	0,079	-0,523	-0,032	-0,229	-0,082
G9	0,332	0,181	0,105	0,848	0,156	0,061	-0,109	0,891	0,420	-0,194	0,960	0,707
G10	-0,949	-0,212	-0,254	-0,319	-0,021	0,113	-0,173	-1,049	-0,720	-0,289	-0,450	-0,572
G11	-0,604	0,033	-0,146	-0,097	0,059	-0,137	-0,181	-0,489	-0,454	-0,393	-0,380	-0,308
G12	-0,377	-0,353	-0,275	-0,481	-0,314	-0,128	-0,216*	-0,143*	-0,225*	-0,310*	-0,215*	-0,161*
G13	-0,348	-0,406	0,376	-0,050	-0,393	-0,466	-0,147	-0,462	-0,481	-0,666	0,506	-0,111
G14	-0,617	0,008	-0,067	0,020	0,045	-0,192	-0,116*	-0,129*	-0,389*	-0,201*	-0,125*	-0,137*
G15	0,557	-0,282	-0,172	-0,361	-0,262	-0,597	0,163	0,894	0,622	-0,025	0,172	0,291
G16	-0,926	-0,277	-0,732	-0,486	-0,185	0,590	-0,558	-0,392	-1,231	-0,224	-1,140	-0,661
G17	-0,911	-0,485	-0,711	-0,526	-0,220	0,235	-0,305	-0,852	-0,561	-0,429	-0,692	-0,636
G18	1,175	1,755	0,949	2,194	0,892	1,972	0,441	1,002	0,858	1,683	0,799	1,104
G19	-0,406	0,183	0,366	0,191	0,237	-0,051	0,101	-0,589	-0,373	0,071	0,102	-0,230
G20	-0,152	0,317	0,560	0,441	0,164	0,115	0,162	-0,211	-0,412	0,044	0,404	-0,153
G21	0,252	0,521	0,537	0,372	0,447	0,285	0,411	-0,389	0,022	0,525	-0,048	-0,126
G22	0,588	-0,297	-0,567	-0,443	-0,322	-0,075	-0,132	0,897	0,719	0,121	-0,246	0,317
G23	0,319	0,056	-0,070	-0,102	-0,070	-0,100	-0,002	0,385	0,397	-0,005	-0,183	0,328
G24	0,744	0,044	0,276	-0,382	0,114	-0,287	0,471	-0,365	0,752	0,473	0,150	-0,054
G25	-0,051	-0,245	-0,448	-0,413	0,183	-0,014	-0,047*	0,001*	0,165*	0,101*	-0,304*	-0,105*
G26	0,159*	0,091*	0,244*	-0,121*	0,000*	-0,027*	0,353	-0,563	0,260	0,330	-0,010	-0,050
G27	0,055*	-0,104*	-0,183*	-0,113*	-0,115*	-0,055*	-0,210	0,245	0,006	-0,157	-0,056	0,134
G28	-0,260	-0,248	-0,250	-0,435	-0,099	-0,085	-0,121*	-0,269*	-0,206*	-0,139*	-0,361*	-0,281*

* Valores preditos pelo modelo AMMI FULL.

Todos os valores preditos não diferiram significativamente de zero (Tabela 15 do Apêndice) e, portanto, as predições tiveram pouca influência da interação. O método utilizado, neste trabalho, permite ao melhorista, a partir do erro de predição, avaliar quais predições são úteis a ele, e que podem ser utilizadas para classificar um genótipo como instável. O padrão de interação das predições estão em conformidade com o padrão de interação dos dados observados.

4.2.2 Regiões de credibilidade para os efeitos genotípicos e ambientais

Na Figura 7, estão representadas as regiões de credibilidade para os escores genotípicos, ao nível de 95% de credibilidade. De mesmo modo que foi feito na primeira análise, as elipses que englobaram a origem foram retiradas do biplot com o intuito de facilitar a interpretação. Na Tabela 9, indica-se quanto da variação existente foi explicada por cada componente principal. Os dois primeiros valores singulares explicaram 50,68% da interação.

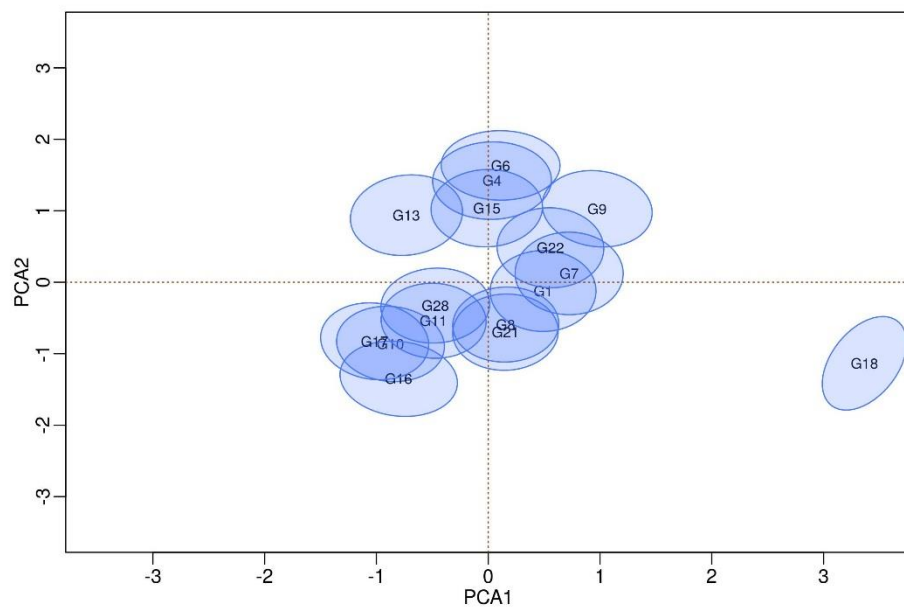


Figura 7. Regiões de credibilidade para os escores genotípicos dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.

Tabela 9. Valores singulares ou variação explicada pelos diferentes componentes principais para análise de 28 genótipos de milho em 35 ambientes, safras 2010/2011 e 2011/2012

	Média	σ	Limite Inferior	Limite Superior	% Explicação	% Acumulada
λ_1	19,038	0,952	17,223	20,911	27,76	27,76
λ_2	15,713	0,989	13,824	17,661	22,91	50,68
λ_3	9,477	0,993	7,492	11,382	13,82	64,50
λ_4	8,043	0,937	6,107	9,822	11,73	76,23
λ_5	6,047	1,219	3,747	8,310	8,82	85,05
λ_6	4,442	1,513	0,999	6,959	6,48	91,52
λ_7	2,840	1,598	0	5,263	4,14	95,66
λ_8	1,525	1,257	0	3,924	2,22	97,89
λ_9	0,747	0,812	0	2,498	1,09	98,98
λ_{10}	0,362	0,492	0	1,430	0,53	99,51
λ_{11}	0,171	0,278	0	0,729	0,25	99,76
λ_{12}	0,085	0,160	0	0,388	0,12	99,88
λ_{13}	0,041	0,092	0	0,200	0,06	99,94
λ_{14}	0,021	0,054	0	0,102	0,03	99,97
λ_{15}	0,010	0,031	0	0,049	0,02	99,98
λ_{16}	0,005	0,018	0	0,025	0,01	99,99
λ_{17}	0,003	0,011	0	0,012	0	100
λ_{18}	0,001	0,006	0	0,006	0	100
λ_{19}	0,001	0,003	0	0,003	0	100
λ_{20}	0	0,002	0	0,001	0	100
λ_{21}	0	0,001	0	0,001	0	100
λ_{22}	0	0,001	0	0	0	100
λ_{23}	0	0,001	0	0	0	100
λ_{24}	0	0	0	0	0	100
λ_{25}	0	0	0	0	0	100
λ_{26}	0	0	0	0	0	100
λ_{27}	0	0	0	0	0	100

Na Figura 7, indica-se a ocorrência de ambiguidades entre as regiões de credibilidade dos genótipos avaliados. Na prática, como forma de viabilizar a seleção e recomendação de cultivares, pode-se delinear grupos de genótipos

homogêneos (Tabela 10). Do mesmo modo da primeira análise, os genótipos pertencentes ao grupo [0, 0] apresentam elipses que englobam a origem, não sendo possível classificá-los como instáveis.

Tabela 10. Grupos de genótipos e ambientes formados de acordo com as relações de interação para os dois primeiros componentes principais do biplot.

Grupo	Genótipos	Ambientes
(-, -)	G10, G11, G16, G17	E5
(-, 0)	G28	E2
(-, +)	G13	E3, E13, E15
(0, -)	G8, G21	-
(0, +)	G4, G6, G15	-
(+, -)	G18	-
(+, 0)	G1, G7, G22	E1, E4, E7, E9, E10, E17, E22, E23, E26, E31, E32, E33
(+, +)	G9	-
(0, 0)	G2, G3, G5, G12, G14, G19, G20, G23, G24, G25, G26, G27	E6, E8, E11, E12, E14, E16, E18, E19, E20, E21, E24, E25, E27, E28, E29, E30, E34, E35

Na Figura 8, estão representadas as regiões de credibilidade para os escores ambientais que não possuem zero em suas elipses, ao nível de 95% de credibilidade.

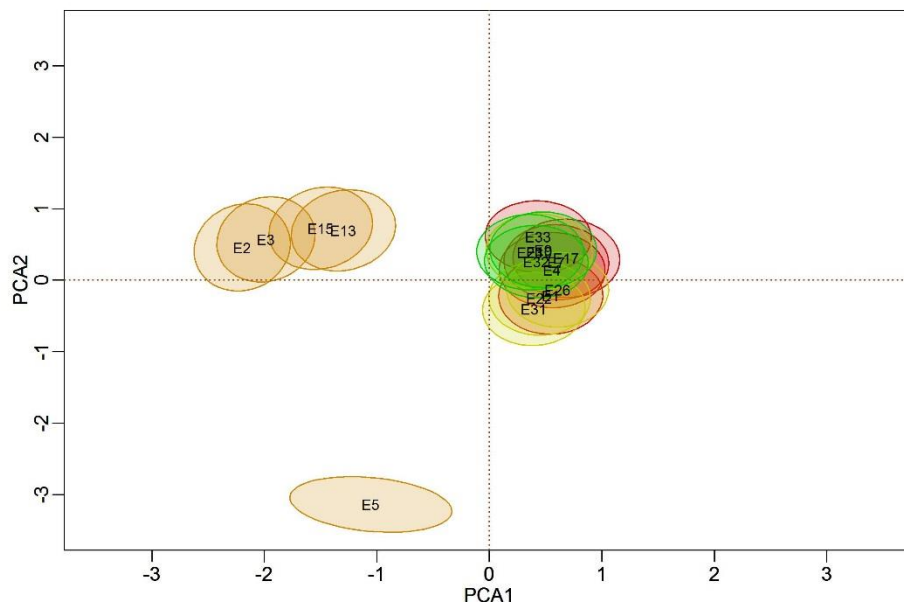


Figura 8. Regiões de credibilidade para os escores ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas. Em laranja ambientes da 1ª safra de 2010/ 2011, em vermelho ambientes da 1ª safra de 2011/ 2012, em amarelo ambientes da 2ª safra de 2010/ 2011 e em verde ambientes da 2ª safra de 2011/ 2012.

É possível delinear cinco grupos homogêneos, conforme Tabela 10. Os efeitos da interação genótipos por ambientes são distintos e diferentes de zero para cada grupo, a 95% de credibilidade. Os ambientes não inclusos no biplot apresentaram zero em suas regiões de credibilidade e, portanto, não contribuem, significativamente, para a interação.

Vale ressaltar que os grupos {E2}, {E3, E13, E15} e {E5} são compostos por ambientes da 1ª Safra de 2010/ 2011, ou seja, o método foi eficiente em agrupar diferentes ambientes dentro de uma mesma safra e distinguir os mesmos locais em safras diferentes. Isso evidencia a dificuldade em se delinear mega-ambientes em ambientes tropicais, onde as condições climáticas são muito

variáveis e imprevisíveis de safra para safra, pois um mesmo ambiente diferiu muito de uma safra para outra.

Na Figura 9, estão representadas as elipses dos genótipos e dos ambientes conjuntamente, indicando algumas adaptações específicas conforme Tabela 10.

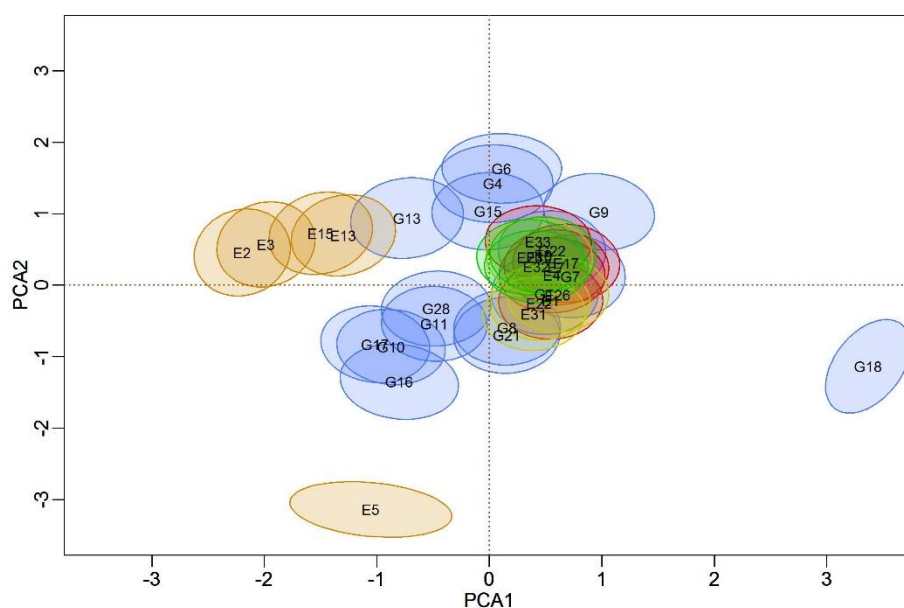


Figura 9. Regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais dos dois primeiros componentes principais, ao nível de 95% de credibilidade. As elipses que englobam a origem não estão representadas.

Considerando o resultado do produto interno entre genótipos e ambientes, o grupo {G10, G11, G16, G17} apresentou adaptação específica ao ambiente E5, ao nível de 95% de credibilidade, enquanto o genótipo G13 é mais responsivo ao grupo composto pelos ambientes E3, E13 e E15. Quanto aos demais genótipos, seria difícil discutir sobre adaptações específicas aos ambientes em estudo, devido às posições de suas elipses no biplot, ou seja, devido à mudança de sinal oriundo do produto interno.

Um ponto que deve ser levado em conta nas Figuras 7 e 9 é a discrepância da elipse do genótipo G18 para as demais. A presença de outliers ou exceções não deve ser analisada apenas do ponto de vista estatístico, e sim levar em conta aspectos como pressão de doenças, condições de solo e outros fatores que podem afetar genótipos ou ambientes específicos (GAUCH, 2013). Nesse caso, além do genótipo G18 ser altamente instável e contribuir muito para a interação, sua produtividade foi baixa e ele não interagiu positivamente com um dos ambientes em estudo, o que justificaria o seu descarte.

Quanto à seleção e recomendação de cultivares, os genótipos G24, G25 e G27 apresentaram efeitos genotípicos superiores à 0, à 95% de credibilidade, e suas regiões de credibilidade para a interação GxE englobam a origem em ambos os eixos. Portanto, esses genótipos podem ser considerados estáveis e de ampla adaptação, e podem ser recomendados para todos os ambientes em estudo. Já os genótipos G4, G17 e G11 apresentaram efeitos genotípicos superiores a 0, porém são genótipos de adaptação específica, sendo recomendados de acordo com os subgrupos citados anteriormente. Novamente, os genótipos com respostas significativamente inferiores a zero, para os efeitos genotípicos, não devem ser recomendados, pois apresentam resposta inferior à média populacional.

5 DISCUSSÃO

O uso de regiões de credibilidade para os escores genotípicos e ambientais permitiu discriminar de forma mais confiável os genótipos e os ambientes avaliados, além de agrupá-los em grupos homogêneos quando apresentaram o mesmo padrão de interação. Essa técnica auxilia o melhorista em suas tomadas de decisões, permitindo realizar a seleção e recomendação de cultivares de forma mais precisa e consistente, reduzindo custos para o programa de melhoramento. O método utilizado, neste trabalho, permitiu lidar de maneira eficiente com os problemas apontados por Yang et al. (2009), que afirmam que os escores presentes no biplot são apenas estimativas pontuais que possuem erros amostrais e, portanto, um genótipo que apresentou melhor desempenho em determinado ambiente pode não diferir significativamente dos demais. Alguns trabalhos buscaram resolver esse problema de forma metodológica (CROSSA et al., 2011; PEREZ-ELIZALDE et al., 2011; JOSSE et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2015), porém, neste trabalho, buscou-se uma abordagem mais prática no que concerne à seleção e à recomendação.

Considerando o número de componentes principais possíveis, os dois primeiros captaram boa parte da variação existente (Tabelas 4 e 9). As elipses de credibilidade permitiram realizar inferências sobre o biplot com um nível de significância de 95%, o que torna o método uma ferramenta importante mesmo quando os primeiros componentes principais explicam pouco da interação genótipos por ambientes presente nos ensaios. Apesar do primeiro componente principal preferencialmente captar interação do tipo simples, e os demais componentes captarem preferencialmente interações do tipo complexas, a porcentagem de variação captada pelos dois primeiros componentes foi semelhante e baixa. Portanto, é complicado afirmar qual o tipo de interação está

ocorrendo, pois o segundo componente principal pode ter captado parte da interação do tipo simples não captada no primeiro eixo.

Apesar dos dois primeiros componentes principais terem captado porcentagem semelhante da variação existente, alguns ambientes se destacaram e permitiram realizar recomendações específicas (Tabelas 5 e 10). Os genótipos e os ambientes cujas elipses não englobaram o zero, tanto no primeiro quanto no segundo componente principal, e que estão representadas em um mesmo quadrante, interagem, positivamente, em todas as situações possíveis, ou seja, apresentam sempre o mesmo sinal de produto interno com os ambientes, e, assim, é possível afirmar que existe adaptação específica de um genótipo a um determinado ambiente com 95% de credibilidade.

Na análise dos experimentos da safra 2005/2006, os híbridos simples e duplos apresentaram desempenho semelhante quanto à estabilidade. Dos 10 híbridos simples avaliados, 6 apresentaram suas elipses englobando a origem, ou seja, 60% dos híbridos simples podem ser considerados estáveis por não contribuírem, significativamente, para a interação. Para os híbridos duplos, 29 dos 45 avaliados apresentaram elipses englobando zero nos dois primeiros componentes principais, ou seja, 64,44% dos híbridos duplos não podem ser classificados como instáveis. Porém, dentre os híbridos que apresentaram menores médias, todos são híbridos duplos, exceto o G5, enquanto que o híbrido simples G6 foi o genótipo de maior média (Figura 2). Balestre et al. (2009), avaliando diferentes tipos de híbridos, identificaram híbridos simples tão estáveis quanto híbridos duplos, porém não identificaram híbridos duplos com produtividade acima da média. Já Costa et al. (2010) verificaram que os híbridos duplos tiveram uma menor contribuição para a interação do que os híbridos simples, porém suas produtividades médias não apresentaram diferenças significativas.

Outro problema indicado por Yang et al. (2009) é o fato de variações de uma safra para outra causarem flutuações nos escores genotípicos e ambientais, mascarando padrões identificados graficamente, e, dessa forma, as estimativas de apenas um ano podem ser apenas uma das inúmeras situações possíveis de ocorrer. A análise conjunta das safras 2010/ 2011 e 2011/2012 indica que, dificilmente, um genótipo apresentará o mesmo desempenho em um mesmo ambiente ao longo dos anos. Locais como Abelardo Luz-SC, Araguari-MG e Coxilha-RS, que foram utilizados em mais de uma safra, apresentaram elipses de confiança significativamente diferentes. Em condições tropicais e subtropicais, um único local avaliado em vários anos não pode ser considerado o mesmo em todos os anos, o que exige o uso de dados de várias safras para a determinação de mega-ambientes (FIGUEIREDO et al., 2015). Cullis et al. (2000) mostram que, devido aos efeitos de anos, os efeitos da interação em uma mesma região podem ser tão grandes quanto de ensaios em regiões diferentes. Países como o Brasil apresentam uma grande variação climática de uma safra para outra, e um mesmo ambiente pode ser muito diferente ao longo dos anos. Além disso, os resultados de Figueiredo et al. (2015) indicam que os efeitos de anos e de safras são mais influentes no desempenho dos híbridos do que os efeitos de regiões geográficas, o que mostra que a estratificação de um programa de melhoramento em regiões tropicais e subtropicais pode ser equivocada. Isso fica evidenciado na Figura 8, em que o grupo {E3, E13, E15} é composto por locais dos estados de Minas Gerais e Rio Grande do Sul.

Apesar dessa dificuldade em delinear mega-ambientes em condições tropicais, a análise de dados desbalanceados permitiu determinar dois grupos de ambientes de uma mesma safra de maneira clara. Na Figura 8, indica-se que os ambientes avaliados na 1ª safra de 2010/ 2011 contribuíram acentuadamente para a interação. Por exemplo, muitos genótipos apresentaram desempenho no ambiente E5 muito discrepante dos demais ambientes (Tabela 7). O delineamento

de elipses permitiu identificar padrões e agrupar os ambientes que não diferiram em relação à contribuição para a interação, o que pode auxiliar o melhorista na determinação dos ambientes para a condução de experimentos.

A metodologia utilizada foi coerente em prever valores perdidos, captando padrões de interação entre e dentro de safras. Por exemplo, o genótipo G18 apresentou efeitos da interação positivos em determinados ambientes e negativos em outros, dentro da 1ª safra de 2010/ 2011, e as predições seguiram esse mesmo padrão para os ambientes em que não foi avaliado. O mesmo pode ser observado para o genótipo G28, o qual as predições para a 1ª safra de 2011/ 2012 seguiram o mesmo padrão da 1ª safra de 2010/ 2011, com valores positivos e negativos. O genótipo G28 apresentou efeitos da interação negativos em todos os ambientes da 2ª safra de 2010/ 2011, e os seus valores preditos para a 2ª safra de 2011/ 2012 seguiram este mesmo padrão. Todos as predições dos efeitos da interação não diferiram de zero, e grande parte dos valores observados foram próximos de zero e com desvio padrão inferior a duas vezes o seu valor. Isso demonstra a eficiência do método em imputar valores com padrão de interação próximos do padrão observado. Além disso, os genótipos G18 e G28 apresentaram elipses que não englobaram a origem do biplot, demonstrando a eficiência do método em captar instabilidade.

Os resultados obtidos na análise dos dados das safras 2010/ 2011 e 2011/ 2012 corroboram com os resultados de Figueiredo et al. (2015). Foi possível avaliar a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos simulando a estrutura dinâmica de um programa de melhoramento, onde ocorre o descarte e inclusão de genótipos ao longo dos anos. O método permite realizar uma comparação direta entre genótipos recomendados para a 1ª safra e genótipos recomendados para a 2ª safra, o que auxilia o melhorista na tomada de decisões na condução do programa. Porém, Figueiredo et al. (2015) associaram a metodologia de modelos mistos com a análise de fatores, que fornecem um biplot o qual não permite uma interpretação

tão direta quanto à fornecida pelo modelo AMMI-Bayesiano. Os biplots apresentados aqui possuem os eixos com a mesma unidade, e as elipses são construídas com base apenas nos efeitos da interação, o que permite realizar a seleção e recomendação com base no produto interno dos escores genotípicos e ambientais.

A utilização de métodos estatísticos eficazes tem como recompensa o incremento mais rápido em produtividade, resistência a doenças, qualidade nutricional e outros caracteres de importância (GAUCH et al., 2008). Crossa et al. (2011) e Oliveira et al. (2015) ressaltam o grande potencial existente na aplicação de modelos lineares-bilineares em uma abordagem Bayesiana, abrindo novos caminhos e perspectivas para análises de estabilidade e adaptabilidade de genótipos em experimentos multiambientais. Essa abordagem pode auxiliar o melhorista a atingir os seus objetivos ao oferecer novas oportunidades para uma eficiente incorporação de dados históricos, além de oferecer regiões de densidade ao redor dos parâmetros da interação estimados. Os autores também ressaltam a demanda de recursos computacionais e tempo para a aplicação dessa técnica, porém essa desvantagem é compensada pela melhor acurácia obtida com a inferência Bayesiana e minimizada pelo acelerado desenvolvimento na área computacional.

6 CONCLUSÃO

A análise AMMI com uma abordagem Bayesiana mostrou-se uma análise completa de estabilidade e adaptabilidade, que fornece diversas informações que podem auxiliar o melhorista em sua tomada de decisões.

As regiões de credibilidade construídas nos biplots permitem realizar a seleção e recomendação de genótipos de forma precisa, com um nível de credibilidade atrelado. É possível realizar o agrupamento de genótipos e de ambientes de acordo com o padrão de interação existente, o que permite realizar recomendações específicas e avaliar quais ambientes contribuem, de forma semelhante, para a interação e quais podem ser descartados. O método permite lidar com dados desbalanceados de maneira natural, mostrando ser uma metodologia eficiente em estudos de ensaios multiambientais. As predições captam a instabilidade e o padrão de interação dos dados observados, o que permite realizar uma comparação direta entre genótipos de 1ª e 2ª safras.

REFERÊNCIAS

ANNICCHIARICO, P. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of genotype-location interaction in variety trials repeated over years. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 94, p. 1072–1077, 1997.

BALESTRE, M.; SOUZA, J. C.; VON PINHO, R. G.; OLIVEIRA, R. L.; PAES, J. M. V. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 219-228, 2009.

BURGUEÑO, J.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; TRETOWAN, R.; MCLAREN, G.; KRISHNAMACHARI, A. Modeling additive \times environment and additive \times additive \times environment using genetic covariances of relatives of wheat genotypes. **Crop. Science**, v. 47, p. 311–320, January-February 2007.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos e Melhoramento – Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

COSTA, E. F. N.; SOUZA, J. C. de; LIMA, J. L.; CARDOSO, G. A. Interação entre genótipos e ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 12, p. 1433-1440, dez. 2010.

CROSSA, J.; BURGUEÑO, J.; CORNELIUS, P. L.; MCLAREN, G.; TRETOWAN, R.; KRISHNAMACHARI, A. Modeling genotype \times environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. **Crop Science**, v. 46, p. 1722-1733, July-August 2006.

CROSSA, J.; PEREZ-ELIZALDE, S.; JARQUIN, D.; COTES, J. M.; VIELE, K.; LIU, G.; CORNELIUS, P. L. Bayesian Estimation of the Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Model. **Crop Science**, Madison, v. 51, n. 4, p. 1458-1469, July 2011.

CULLIS, B. R.; SMITH, A.; HUNT, C.; GILMOUR, A. An examination of the efficiency of Australian crop variety evaluation programmes. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 165, n. 3, p. 213-222, 2000.

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, nº9).

FARIA, C. U. de; MAGNABOSCO, C. U.; REYES, A. L.; LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, v. 8, n. 1, p. 75-86, jan./mar. 2007.

FIGUEIREDO, A. G. Aplicação de modelos mistos na avaliação de estabilidade e adaptabilidade em milho utilizando dados desbalanceados. **Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras**, 2014.

FIGUEIREDO, A. G.; VON PINHO, R. G.; SILVA, H. D.; BALESTRE, M. Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data. **Euphytica**, v. 202, n. 3, p. 393-409, 2015.

GAUCH, H. G. **Scientific method in practice**. Cambridge University Press, 2003.

GAUCH, H. G. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v. 46, p. 1488-1500, 2006.

GAUCH, H. G. A Simple Protocol for AMMI Analysis of Yield Trials. **Crop Science**, v. 53, p. 1860-1869, 2013.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. **Crop Science**, v. 48, p. 866-889, 2008.

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

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation run length control in the presence of a initial transient. **Operations Research**, v. 31, n. 6, p. 1109-1144, 1983.

JOSSE, J.; EEUWIJK, F. V.; PIEPHO, H. P.; DENIS, J. B. Another look at Bayesian analysis of AMMI models for genotype-environment data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 19, n. 2, p. 240-257, 2014.

LIU, G. **Bayesian computations for general linear-bilinear models**. 2001. 150 p. Thesis (Doctor of Philosophy) - University of Kentucky, Lexington, 2001.

MACHADO, J. C.; SOUZA, J. C.; RAMALHO, M. A. P.; LIMA, J. L. Estabilidade de produção de híbridos simples e duplos de milho oriundos de um mesmo conjunto gênico. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 627-631, 2008.

OAKEY, H.; VERBYLA, A.; PITCHFORD, W.; CULLIS, B.; KUCHEL, H. Joint modeling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 113, p. 809-819, 2006.

OLIVEIRA, L. A.; SILVA, C. P.; NUVUNGA, J. J.; SILVA, A. Q.; BALESTRE, M. Credible Intervals for Scores in the AMMI with Random Effects for Genotype. **Crop Science**, v. 55, p. 1-12, 2015.

PAULINO, C. D.; TURKMAN, M. A. A.; MURTEIRA, B. **Estatística Bayesianana**. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 2003. 446 p.

PEREZ-ELIZALDE, S.; JARQUIN, D.; CROSSA, J. A General Bayesian Estimation Method of Linear-Bilinear Models Applied to Plant Breeding Trials

With Genotype \times Environment Interaction. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 17, n. 1, p. 15–37, 2011.

PIEPHO, H. P. Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, n. 5, p. 647-654, 1994.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2012. Disponível em: <<http://www.r-project.org>>. Acesso em: 30/08/2014.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. M. Comment: One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistical Science**, v. 7, n. 4, p. 493-497, 1992.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 5 ed., rev. – Lavras: Ed. UFLA, 2012.

RESENDE, M.D.V. de. **Inferência Bayesiana e simulação estocástica (amostragem de Gibbs) na estimação de componentes de variância e de valores genéticos em plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 68p. (Embrapa Florestas. Documentos, 46).

SILVA, C. P.; OLIVEIRA, L. A.; NUVUNGA, J. J.; PAMPLONA, A. K. A.; BALESTRE, M. A Bayesian Shrinkage Approach for AMMI Models. **PLoS ONE**, v. 10, n. 7, 2015.

SMITH, A.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. Analyzing variety by environment data using multiplicative mixed models and adjustments for spatial field trend. **Biometrics**, v. 57, n. 4, p. 1138-1147, 2001.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. **Journal of Agricultural Science**, v. 143, n. 6, p. 449-462, 2005.

UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS. Biblioteca da UFLA. **Manual de normalização e estrutura de trabalhos acadêmicos**: TCC, monografias, dissertações e teses. Lavras, 2010. Disponível em: <<http://www.biblioteca.ufla.br/site/index.php>>. Acesso em: 01/10/2015.

VIELE, K.; SRINIVASAN, C. Parsimonious estimation of multiplicative interaction in analysis of variance using Kullback-Leibler Information. **Journal of Statistical Planning and Inference**, v. 84, n. 1-2, p. 201-219, 2000.

YAN, W.; HUNT, L. A.; JOHNSON, P.; STEWART, G.; LU, X. On-Farm Strip Trials vs. Replicated Performance Trials for Cultivar Evaluation. **Crop Science**, v. 42, p. 385-392, 2002.

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE Biplot Analysis**: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL. 2003.

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

YAN, W.; TINKER, N. A. An Integrated Biplot Analysis System for Displaying, Interpreting, and Exploring Genotype x Environment Interaction. **Crop Science**, v. 45, p. 1004-1016, 2005.

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

YANG, R. C.; CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; BURGUEÑO, J. Biplot analysis of genotype x environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 5, p. 1564-1576, September 2009.

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

APÊNDICE

Tabela 11. Valores genotípicos, desvios padrões e intervalos de credibilidade dos 55 genótipos avaliados em 15 ambientes.

Genótipo	Média	Desvio Padrão	Limite Inferior	Limite Superior
G1	0,771	0,1861	0,3877	1,119
G2	0,7905	0,1868	0,4357	1,1659
G3	-0,2172	0,1862	-0,5673	0,1555
G4	0,9393	0,1867	0,5805	1,3171
G5	-0,6511	0,1866	-1,0133	-0,2821
G6	1,3897	0,1891	1,0269	1,7692
G7	0,6554	0,1866	0,2938	1,0238
G8	0,011	0,1870	-0,3578	0,3714
G9	0,0352	0,1867	-0,3217	0,4006
G10	0,6355	0,1866	0,2511	0,9788
G11	0,696	0,1857	0,3269	1,0529
G12	0,0435	0,1861	-0,321	0,3958
G13	-1,367	0,1854	-1,7401	-1,0156
G14	-0,2348	0,1839	-0,5832	0,1403
G15	0,7418	0,1860	0,3772	1,0974
G16	-0,212	0,1870	-0,6016	0,1367
G17	0,4374	0,1855	0,0649	0,7888
G18	0,0635	0,1880	-0,3009	0,4315
G19	-1,4514	0,1879	-1,81	-1,0685
G20	0,1464	0,1857	-0,2058	0,5222
G21	0,636	0,1847	0,2694	0,9838
G22	-0,1975	0,1853	-0,5818	0,1423
G23	0,4237	0,1854	0,0539	0,7814
G24	0,5196	0,1851	0,1333	0,861
G25	0,0205	0,1852	-0,3589	0,3648
G26	-0,173	0,1865	-0,5244	0,2001
G27	0,3489	0,1871	-0,0159	0,7214
G28	-0,3877	0,1872	-0,7695	-0,0323
G29	-1,5155	0,1855	-1,876	-1,1575
G30	-0,2369	0,1871	-0,6106	0,122
G31	-0,1586	0,1867	-0,5155	0,2206
G32	0,0571	0,1853	-0,2987	0,4328
G33	-0,4157	0,1875	-0,7798	-0,0491
G34	-0,1436	0,1869	-0,5175	0,2173
G35	-0,2046	0,1831	-0,5591	0,1575

Tabela 11. Conclusão.

G36	0,2212	0,1892	-0,16	0,5802
G37	-0,9462	0,1869	-1,3229	-0,5883
G38	-0,4193	0,1884	-0,7768	-0,0422
G39	0,3119	0,1875	-0,0514	0,6786
G40	-1,1021	0,1860	-1,4714	-0,7466
G41	0,1757	0,1847	-0,1845	0,5308
G42	-0,0178	0,1837	-0,3663	0,3527
G43	-0,4328	0,1880	-0,7992	-0,063
G44	-0,2337	0,1856	-0,5831	0,1442
G45	-0,0157	0,1858	-0,3864	0,343
G46	1,0558	0,1856	0,684	1,4189
G47	0,0988	0,1862	-0,2673	0,4607
G48	0,0965	0,1845	-0,2632	0,4553
G49	0,6426	0,1870	0,2712	1,0041
G50	-0,6059	0,1871	-0,9622	-0,2292
G51	-0,1485	0,1855	-0,5115	0,2094
G52	-0,0542	0,1860	-0,4179	0,3131
G53	-0,2832	0,1864	-0,6593	0,0664
G54	-0,0087	0,1854	-0,3732	0,3504
G55	-0,1622	0,1874	-0,5273	0,1918

Tabela 12. Produtividade média dos 55 híbridos avaliados em 15 ambientes, safra 2005/ 2006.

	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15
G1	13,513	6,723	5,272	5,987	7,174	8,708	12,966	9,316	9,469	9,978	10,792	8,002	7,769	8,779	9,891
G2	10,638	6,639	5,035	5,826	6,919	9,895	15,840	8,618	9,254	9,814	10,753	8,693	8,453	8,234	10,021
G3	10,476	6,247	4,527	5,038	5,823	7,477	12,154	9,262	8,619	8,643	9,632	7,685	6,829	8,232	8,871
G4	12,103	7,630	5,224	6,039	6,080	8,732	14,228	10,733	9,843	9,504	10,310	9,828	8,400	8,512	9,698
G5	12,742	5,051	3,584	4,517	5,374	7,584	12,044	7,700	8,006	8,691	9,267	6,640	6,504	7,010	8,293
G6	13,314	7,207	5,693	6,549	7,580	9,666	14,634	9,811	9,895	10,886	11,236	8,901	8,575	9,392	10,281
G7	12,455	6,890	4,916	5,780	6,227	8,716	13,928	9,811	9,300	9,740	10,258	8,969	7,997	8,185	9,433
G8	12,095	5,866	4,436	5,246	6,222	8,188	12,822	8,419	8,670	9,559	9,954	7,426	6,987	8,010	9,039
G9	11,463	6,206	4,237	5,120	5,706	8,417	13,922	8,875	8,812	8,587	9,714	8,233	7,514	7,464	9,034
G10	11,754	6,930	4,992	5,754	6,460	8,579	14,161	9,836	9,407	9,033	10,244	8,930	8,228	8,462	9,536
G11	11,947	7,035	5,339	5,836	6,950	8,701	13,325	9,638	9,421	9,434	10,580	8,339	7,925	8,752	9,991
G12	9,796	6,459	4,652	5,201	6,177	8,061	13,535	9,191	8,875	8,689	9,827	8,089	7,433	8,191	9,252
G13	8,289	5,352	3,577	3,899	4,678	6,200	10,957	8,299	7,552	7,558	8,446	6,806	5,589	7,275	7,792
G14	8,956	6,215	4,476	4,959	6,021	7,846	13,229	8,994	8,569	8,359	9,649	7,754	7,139	8,027	9,058
G15	12,577	6,753	5,134	5,812	7,035	8,995	13,871	9,349	9,312	9,536	10,667	8,316	8,120	8,457	9,966
G16	11,486	5,867	4,446	4,963	6,434	7,712	12,160	8,575	8,404	8,547	9,769	7,035	7,007	8,151	9,037
G17	12,490	6,299	4,918	5,625	7,013	8,517	13,113	8,812	9,114	9,581	10,423	7,610	7,555	8,669	9,596
G18	9,449	6,390	4,882	5,239	6,630	8,218	13,225	8,940	8,712	8,865	10,120	7,735	7,292	8,561	9,470
G19	8,979	5,259	3,492	3,751	5,044	5,873	10,603	8,345	7,377	6,687	8,409	6,384	5,879	7,034	7,885
G20	10,315	6,554	4,829	5,266	6,591	8,103	13,278	9,396	8,734	8,443	10,064	8,017	7,654	8,333	9,395
G21	10,374	7,360	5,215	5,738	6,503	8,494	14,156	10,350	9,442	8,603	10,283	9,155	8,325	8,539	9,779
G22	10,587	5,679	4,466	4,951	6,790	8,104	12,825	8,279	8,365	8,354	10,001	6,879	7,127	8,166	9,236

Tabela 12. Continua.

G23	11,382	6,495	4,959	5,562	6,548	8,813	13,712	8,975	9,049	9,554	10,434	8,068	7,621	8,406	9,549
G24	11,610	6,886	4,859	5,615	6,096	8,683	14,207	9,629	9,215	9,337	10,142	8,846	7,959	8,066	9,420
G25	11,998	5,780	4,261	5,118	6,128	8,644	13,891	8,026	8,615	9,069	9,988	7,568	7,441	7,423	9,130
G26	10,070	5,914	4,291	4,924	6,178	8,324	13,837	8,334	8,391	8,520	9,800	7,524	7,408	7,567	9,095
G27	9,439	6,854	4,805	5,433	6,043	8,717	14,957	9,298	9,177	8,853	10,039	8,871	8,014	7,958	9,548
G28	8,932	6,120	4,460	4,849	6,163	7,422	12,640	8,949	8,436	7,900	9,518	7,398	7,033	8,094	9,045
G29	9,230	4,686	3,217	3,693	5,095	6,450	11,292	7,394	7,153	7,092	8,498	5,879	5,839	6,767	7,759
G30	6,793	6,353	4,681	4,970	6,615	7,867	13,930	9,019	8,479	7,874	9,718	7,764	7,465	8,439	9,254
G31	8,729	6,358	4,586	5,054	6,339	7,668	13,507	9,187	8,594	8,097	9,615	7,875	7,437	8,242	9,107
G32	9,961	6,132	4,896	5,288	7,163	8,088	12,866	8,677	8,638	8,963	10,193	7,213	7,192	8,880	9,481
G33	10,574	5,857	4,295	4,783	5,724	7,549	12,117	8,641	8,383	8,508	9,556	7,317	6,572	7,766	8,898
G34	6,600	6,754	5,041	5,135	6,435	7,626	13,164	9,654	8,727	8,062	9,795	8,054	7,182	8,914	9,474
G35	11,761	5,947	5,053	5,082	7,503	7,068	9,989	8,878	8,550	8,379	10,276	5,950	6,617	9,153	9,500
G36	10,008	6,603	4,956	5,389	6,768	8,251	13,499	9,258	8,753	8,659	10,187	7,994	7,731	8,594	9,442
G37	8,992	5,556	3,694	4,233	5,071	7,032	12,331	8,354	7,780	7,649	8,824	7,222	6,454	7,186	8,203
G38	11,167	5,805	3,964	4,720	5,532	7,572	12,772	8,580	8,245	8,352	9,317	7,546	7,035	7,341	8,536
G39	10,290	6,572	4,695	5,481	6,219	8,606	14,342	9,130	9,044	9,327	10,015	8,488	7,740	8,197	9,305
G40	8,899	5,565	3,767	4,075	5,396	6,244	11,464	8,652	7,696	7,014	8,656	6,881	6,409	7,369	8,155
G41	11,064	6,140	4,808	5,299	6,951	8,395	13,274	8,735	8,777	8,783	10,277	7,406	7,516	8,409	9,576
G42	12,594	6,022	4,094	4,991	5,621	8,281	13,644	8,720	8,622	8,779	9,662	7,997	7,569	7,134	8,778
G43	11,952	5,393	4,079	4,751	6,075	7,756	12,080	7,949	8,165	8,683	9,653	6,676	6,678	7,623	8,768
G44	9,716	5,944	4,568	4,970	6,609	7,761	12,604	8,717	8,485	8,210	9,825	7,110	7,063	8,441	9,243
G45	11,368	6,354	4,443	5,122	5,847	7,794	12,922	9,370	8,748	8,589	9,629	8,102	7,393	7,877	8,977

Tabela 12. Conclusão.

G46	12,817	6,972	5,293	6,128	7,062	9,444	14,821	9,471	9,677	10,035	10,888	8,855	8,472	8,577	10,101
G47	11,596	5,902	4,346	5,221	6,217	8,615	14,037	8,329	8,695	9,114	9,965	7,772	7,484	7,854	9,109
G48	11,831	6,084	4,702	5,276	6,466	8,241	12,584	8,731	8,783	9,195	10,157	7,426	7,092	8,272	9,382
G49	12,925	6,607	4,947	5,717	6,536	8,915	13,955	9,151	9,309	9,749	10,461	8,384	7,938	8,220	9,599
G50	9,487	5,610	3,879	4,485	5,713	7,681	13,350	8,118	8,068	7,876	9,286	7,247	6,996	7,241	8,648
G51	9,762	6,120	4,424	4,974	6,240	8,134	13,667	8,613	8,499	8,415	9,745	7,673	7,411	7,767	9,102
G52	10,478	6,484	4,293	5,014	5,672	7,904	13,880	9,352	8,583	8,401	9,476	8,525	7,678	7,419	8,803
G53	13,005	5,482	4,001	4,813	5,833	7,946	12,515	8,050	8,339	8,806	9,676	7,012	6,984	7,324	8,739
G54	11,682	6,060	4,280	5,100	6,008	8,240	13,615	8,634	8,531	8,872	9,736	7,880	7,435	7,652	8,919
G55	11,691	5,721	4,257	4,954	6,274	8,142	13,142	8,140	8,305	8,773	9,815	7,271	7,235	7,665	8,956

Tabela 13. Valores genotípicos, desvios padrões e intervalos de credibilidade dos 28 genótipos avaliados em 35 ambientes.

Genótipo	Média	Desvio Padrão	Limite Inferior	Limite Superior
G1	-0,3179	0,2314	-0,7751	0,1284
G2	-0,06	0,2320	-0,5065	0,4033
G3	-0,36	0,2819	-0,9098	0,1895
G4	0,7007	0,2316	0,2543	1,1635
G5	0,3596	0,2324	-0,0935	0,8237
G6	0,3004	0,2320	-0,1685	0,7393
G7	-1,7977	0,2303	-2,2422	-1,3352
G8	-1,3691	0,2303	-1,8371	-0,9304
G9	-1,2266	0,2316	-1,6851	-0,7731
G10	-0,175	0,2315	-0,6418	0,2612
G11	0,8471	0,2314	0,3943	1,2949
G12	0,3248	0,2808	-0,2165	0,8751
G13	0,2977	0,2312	-0,1349	0,7619
G14	-0,4649	0,2787	-0,9959	0,1045
G15	0,2563	0,2318	-0,191	0,7151
G16	0,1976	0,2332	-0,2598	0,6562
G17	0,8048	0,2331	0,3593	1,2762
G18	-2,3848	0,2432	-2,8741	-1,9315
G19	-0,314	0,2318	-0,7703	0,1266
G20	-0,3937	0,2329	-0,8567	0,0554
G21	-1,2195	0,2317	-1,6664	-0,7569
G22	0,4441	0,2343	-0,0357	0,8839
G23	0,3674	0,2328	-0,0799	0,8328
G24	0,8388	0,2325	0,3855	1,2949
G25	0,978	0,2815	0,4469	1,558
G26	0,2442	0,2871	-0,3491	0,7856
G27	1,6837	0,2851	1,1336	2,2474
G28	1,4422	0,2829	0,9015	2,0188

Tabela 14. Produtividades médias (t ha⁻¹) dos 28 genótipos avaliados em 35 ambientes, safras 2010/ 2011 e 2011/2012.

	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12
G1	11,293	12,952	11,720	8,923	10,581	6,933	14,941	10,517	7,719	10,054	11,033	5,953
G2	10,987	14,350	13,373	8,289	12,284	7,005	14,569	10,621	8,235	10,597	11,874	6,495
G3	11,479	13,580	14,201	8,720	10,920	6,975	14,927	9,665	8,410	9,611	11,042	6,336
G4	12,597	15,089	15,670	10,249	7,743	7,803	16,611	10,849	9,933	11,938	12,058	7,486
G5	11,634	14,671	14,335	9,090	12,079	7,632	15,371	10,665	8,948	10,405	11,673	6,911
G6	12,014	14,296	14,491	9,857	6,539	7,616	16,032	10,609	9,649	11,160	11,947	7,119
G7	11,662	9,781	11,344	8,880	8,625	5,994	13,820	8,068	7,771	7,892	9,582	5,002
G8	11,123	11,024	11,686	8,165	12,031	6,161	13,889	8,623	7,329	8,263	9,929	5,209
G9	11,863	10,810	11,599	9,438	5,766	6,373	14,745	8,908	8,284	9,235	10,428	5,547
G10	11,801	15,276	14,884	8,728	14,796	7,100	14,395	9,895	7,395	9,006	10,848	6,419
G11	12,935	15,265	15,345	9,973	14,618	8,170	15,847	10,910	8,978	10,373	11,996	7,427
G12	12,234	14,698	15,194	9,503	12,020	7,591	15,496	10,353	8,801	10,078	11,535	7,044
G13	12,128	16,599	16,471	9,880	9,066	7,714	15,064	10,394	8,455	10,080	11,866	7,447
G14	11,549	13,645	13,946	8,863	11,624	7,041	14,555	9,662	8,025	9,049	10,756	6,203
G15	11,695	13,847	14,087	9,339	8,849	7,536	15,812	10,663	9,770	10,943	11,870	6,840
G16	12,657	14,519	15,419	9,235	17,095	7,545	14,857	9,883	8,425	9,402	11,206	6,739
G17	12,934	16,306	16,576	9,785	15,971	8,116	15,424	10,743	8,572	10,024	11,766	7,437
G18	11,761	3,384	3,978	8,638	9,113	5,135	14,666	8,300	7,236	8,920	9,031	2,925
G19	11,538	13,923	13,499	8,894	12,434	7,060	14,369	10,031	7,716	9,410	11,079	6,257
G20	11,684	13,729	13,348	9,187	10,962	6,969	14,473	10,012	8,015	9,584	11,142	6,336
G21	10,523	11,709	11,195	7,592	12,400	6,056	13,610	9,435	7,011	9,162	10,377	5,087
G22	12,416	11,715	12,895	9,686	10,406	7,708	16,676	10,556	9,960	11,162	11,890	6,621
G23	12,203	12,747	13,158	9,618	10,921	7,624	16,179	10,609	9,371	10,816	11,616	6,690
G24	11,649	14,190	13,254	8,804	12,609	7,885	16,170	11,553	9,093	11,712	12,583	7,060
G25	12,768	13,457	13,656	9,758	14,388	8,220	16,319	11,175	9,599	11,057	12,528	7,257
G26	11,609	14,049	13,517	8,872	12,397	7,437	15,321	10,841	8,300	10,533	11,639	6,603
G27	13,664	14,832	15,280	11,033	12,774	9,004	17,292	11,717	10,548	11,869	13,013	8,189
G28	13,199	15,511	15,672	10,313	14,682	8,594	16,489	11,565	9,792	11,312	12,676	7,999

Tabela 14. Continua.

	A13	A14	A15	A16	A17	A18	A19	A20	A21	A22	A23	A24
G1	10,184	13,047	11,633	14,785	10,974	11,991	14,699	13,236	12,748	9,236	10,491	10,373
G2	12,708	12,985	14,012	13,788	10,541	11,991	16,048	14,382	12,079	8,622	11,141	9,825
G3	12,594	12,923	13,864	13,670	10,748	12,024	15,682	14,154	10,873	7,788	10,424	8,409
G4	13,217	14,549	13,713	14,117	12,062	13,232	15,243	15,102	11,895	8,968	12,062	10,139
G5	12,772	13,624	14,529	14,608	11,687	12,731	16,070	14,263	12,525	9,215	10,935	10,064
G6	13,187	13,976	14,381	14,107	11,859	12,626	15,460	14,640	11,025	8,661	11,918	9,711
G7	9,103	11,397	10,242	12,702	9,624	10,776	13,665	12,369	7,539	7,032	8,546	7,132
G8	10,100	11,712	11,332	13,159	9,869	11,056	14,648	12,778	9,873	7,579	8,871	7,854
G9	9,669	12,207	10,775	13,332	10,330	11,190	13,827	12,848	8,638	7,695	9,956	8,327
G10	11,646	12,830	13,267	14,452	9,959	11,861	15,892	14,098	12,075	8,353	9,868	9,020
G11	12,624	13,812	14,199	15,349	11,508	13,162	16,669	14,987	12,595	9,620	11,155	10,150
G12	12,899	13,601	14,016	14,795	11,182	12,658	16,107	14,574	11,891	8,712	10,863	9,499
G13	12,961	13,406	14,402	15,158	10,390	12,362	14,951	13,778	11,652	8,633	10,580	10,122
G14	11,512	12,651	13,087	14,046	10,430	11,881	14,918	13,598	11,010	8,283	9,908	8,917
G15	13,170	13,676	14,538	13,856	11,973	12,938	15,427	14,832	11,329	8,715	11,641	9,533
G16	12,219	13,353	12,910	14,334	10,033	12,533	16,214	14,735	11,827	8,661	9,729	8,915
G17	13,070	13,819	14,148	15,167	10,595	12,837	16,662	15,471	12,704	9,060	11,007	9,543
G18	3,993	11,730	4,335	12,877	10,445	10,693	13,300	11,902	8,953	8,111	9,236	8,013
G19	11,267	12,729	12,991	14,411	10,407	11,817	15,311	13,514	11,685	8,610	10,076	9,500
G20	10,984	12,819	12,104	14,241	10,210	11,722	14,837	13,382	11,258	8,664	9,957	9,615
G21	10,087	11,977	11,019	13,123	9,503	10,976	14,502	12,908	11,067	8,042	9,565	8,767
G22	12,730	14,221	13,785	14,483	12,845	13,382	16,531	15,116	11,734	8,888	11,926	9,326
G23	12,017	13,865	13,581	14,614	12,395	13,132	16,104	14,640	12,118	9,164	11,527	9,746
G24	13,389	14,166	14,890	14,797	12,298	13,011	17,322	15,457	13,773	9,623	12,354	10,564
G25	13,230	14,233	14,676	15,246	12,379	13,412	17,933	15,586	12,744	9,474	11,906	9,979
G26	12,108	13,528	13,481	14,595	11,350	12,510	16,037	14,630	12,810	9,076	11,267	9,937
G27	13,619	15,056	14,859	15,912	13,105	14,236	17,385	16,054	13,084	10,320	12,452	10,950
G28	13,994	14,648	15,037	15,802	12,273	13,746	17,587	15,805	13,321	9,935	11,999	10,642

Tabela 14. Conclusão.

	A25	A26	A27	A28	A29	A30	A31	A32	A33	A34	A35
G1	10,517	5,486	9,275	9,664	7,137	14,581	9,925	9,218	10,199	6,467	14,381
G2	10,248	4,827	9,657	9,512	6,997	15,066	9,624	9,134	10,141	6,324	13,558
G3	9,495	4,211	8,916	8,793	6,713	14,984	9,503	9,094	10,256	5,981	14,419
G4	10,549	5,553	9,214	10,234	7,583	17,085	10,581	10,581	12,242	6,766	15,797
G5	10,467	5,371	9,812	9,598	7,362	15,403	9,983	9,681	11,015	6,753	14,688
G6	10,239	5,324	9,306	10,308	7,155	16,254	9,786	10,335	11,890	6,402	14,622
G7	8,183	4,107	8,175	7,768	5,860	12,870	8,589	8,133	9,423	5,450	13,960
G8	8,763	4,083	8,482	7,788	6,157	13,177	8,820	8,059	9,143	5,583	13,750
G9	8,744	4,777	8,389	9,119	6,186	13,953	8,898	8,990	10,435	5,645	14,127
G10	9,700	4,662	9,263	8,761	7,194	14,356	10,002	8,763	9,368	6,730	15,199
G11	10,619	5,906	10,366	9,853	8,157	15,497	10,774	10,048	10,981	7,657	16,109
G12	10,179	4,999	9,470	9,496	7,468	15,509	10,261	9,674	10,841	6,747	15,365
G13	9,796	5,403	9,364	10,190	7,569	15,385	9,896	9,697	11,243	7,052	15,251
G14	9,499	4,710	9,039	8,797	6,823	14,402	9,407	8,908	10,003	6,361	14,607
G15	10,396	5,051	9,454	9,814	7,083	16,140	9,723	10,057	11,355	6,391	14,611
G16	10,139	4,868	9,472	8,443	7,692	14,869	10,852	9,046	9,817	7,088	16,168
G17	10,540	5,434	10,044	9,499	8,085	15,642	11,104	9,679	10,290	7,645	16,452
G18	9,463	4,965	7,966	7,800	5,817	12,382	9,651	8,229	8,928	4,791	13,848
G19	9,922	5,032	9,382	9,174	7,041	14,259	9,699	8,965	9,920	6,568	14,503
G20	9,815	5,203	9,230	9,396	7,058	14,221	9,785	8,963	10,247	6,531	14,522
G21	9,471	4,308	8,687	8,119	6,209	13,556	9,130	8,164	8,980	5,604	13,384
G22	10,729	5,156	9,581	9,584	7,406	16,435	10,433	10,271	11,686	6,387	15,199
G23	10,527	5,421	9,757	9,570	7,445	15,852	10,331	10,205	11,340	6,654	15,284
G24	11,476	5,612	10,413	10,375	7,828	16,171	10,615	10,295	11,139	6,873	14,339
G25	11,244	5,720	10,620	10,060	8,083	16,012	11,028	10,383	11,286	7,310	15,492
G26	10,739	5,279	9,704	9,620	7,421	15,347	10,281	9,704	10,401	6,712	14,876
G27	11,691	6,726	11,028	11,014	8,860	17,027	11,692	11,327	12,494	8,151	16,653
G28	11,468	6,163	10,803	10,468	8,570	16,487	11,421	10,671	11,684	7,863	16,274

Tabela 15. Efeitos da interação genótipos por ambientes e desvios padrões dos 28 genótipos avaliados em 35 ambientes, safras 2010/2011 e 2011/2012.

	A1		A2		A3		A4		A5		A6		A7	
	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ
G1	-0,375	0,484	-0,157	0,620	-1,526	0,598	-0,021	0,459	-0,661	0,750	-0,071	0,409	-0,024	0,460
G2	-0,939	0,450	0,983	0,614	-0,131	0,602	-0,912	0,449	0,783	0,758	-0,256	0,392	-0,653	0,464
G3	-0,147*	0,373	0,514	0,566	0,997	0,529	-0,181*	0,363	-0,281	0,723	0,014	0,280	0,005*	0,350
G4	-0,089	0,528	0,962	0,668	1,405	0,650	0,287	0,526	-4,518	0,789	-0,219	0,486	0,627	0,531
G5	-0,711	0,404	0,885	0,573	0,411	0,550	-0,530	0,388	0,159	0,733	-0,049	0,310	-0,271	0,367
G6	-0,272	0,458	0,569	0,609	0,626	0,579	0,295	0,455	-5,322	0,755	-0,006	0,408	0,449	0,442
G7	1,474	0,494	-1,848	0,636	-0,423	0,618	1,417	0,489	-1,138	0,761	0,471	0,439	0,335	0,485
G8	0,506	0,392	-1,034	0,578	-0,509	0,539	0,273	0,386	1,840	0,729	0,209	0,317	-0,024	0,362
G9	1,104	0,481	-1,390	0,617	-0,739	0,588	1,404	0,465	-4,568	0,760	0,278	0,418	0,689	0,458
G10	-0,010	0,433	2,024	0,606	1,496	0,561	-0,358	0,419	3,411	0,745	-0,047	0,360	-0,713	0,409
G11	0,103	0,387	0,991	0,567	0,934	0,54	-0,135	0,376	2,211	0,732	0,001	0,298	-0,283	0,359
G12	-0,076*	0,364	0,946	0,566	1,305	0,529	-0,082*	0,353	0,135	0,738	-0,055	0,267	-0,111*	0,346
G13	-0,155	0,501	2,875	0,620	2,610	0,602	0,321	0,486	-2,792	0,770	0,095	0,442	-0,516	0,486
G14	0,029*	0,359	0,683	0,568	0,847	0,526	0,067*	0,350	0,529	0,734	0,185	0,271	-0,263*	0,338
G15	-0,547	0,446	0,164	0,596	0,267	0,570	-0,179	0,431	-2,967	0,772	-0,041	0,367	0,273	0,418
G16	0,474	0,516	0,895	0,645	1,658	0,624	-0,224	0,507	5,338	0,771	0,026	0,461	-0,623	0,504
G17	0,143	0,470	2,074	0,614	2,208	0,586	-0,281	0,458	3,606	0,752	-0,010	0,401	-0,663	0,448
G18	2,160	0,698	-7,658	0,740	-7,201	0,733	1,761	0,708	-0,063*	0,810	0,199*	0,696	1,768	0,714
G19	-0,133	0,370	0,810	0,548	0,249	0,523	-0,053	0,365	1,188	0,721	0,053	0,283	-0,600	0,352
G20	0,092	0,390	0,696	0,566	0,178	0,528	0,320	0,384	-0,205	0,735	0,042	0,307	-0,416	0,377
G21	-0,243	0,417	-0,498	0,571	-1,150	0,552	-0,449	0,412	2,060	0,744	-0,046	0,336	-0,453	0,415
G22	-0,013	0,463	-2,156	0,630	-1,113	0,577	-0,019	0,452	-1,598	0,765	-0,058	0,395	0,949	0,445
G23	-0,150	0,389	-1,048	0,563	-0,774	0,536	-0,011	0,380	-1,007	0,742	-0,064	0,304	0,529	0,362
G24	-1,175	0,471	-0,076	0,603	-1,149	0,585	-1,296	0,491	0,210	0,749	-0,275	0,395	0,049	0,450
G25	-0,196*	0,422	-0,948	0,597	-0,886	0,572	-0,481*	0,417	1,849	0,749	-0,079	0,350	0,058*	0,418
G26	-0,620	0,392	0,378*	0,587	-0,291*	0,545	-0,633	0,379	0,593*	0,756	-0,128*	0,289	-0,206	0,361
G27	-0,005	0,344	-0,278*	0,561	0,033*	0,528	0,088	0,334	-0,470*	0,736	-0,001*	0,241	0,326	0,328
G28	-0,229*	0,364	0,642	0,565	0,666	0,529	-0,390*	0,354	1,679	0,735	-0,170	0,270	-0,236*	0,340

* Valores preditos pelo modelo.

Tabela 15. Continua.

	A8		A9		A10		A11		A12		A13		A14	
	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ
G1	0,592	0,435	-0,583	0,493	0,242	0,489	-0,042	0,458	-0,252	0,416	-1,322	0,542	0,060	0,430
G2	0,438	0,419	-0,324	0,470	0,527	0,496	0,542	0,461	0,033	0,392	0,945	0,534	-0,260	0,410
G3	-0,218*	0,302	0,151*	0,367	-0,159	0,368	0,010	0,314	0,173	0,292	1,131	0,454	-0,021*	0,302
G4	-0,095	0,494	0,613	0,549	1,107	0,599	-0,035	0,505	0,262	0,476	0,693	0,606	0,544	0,500
G5	0,062	0,334	-0,031	0,410	-0,085	0,404	-0,079	0,350	0,028	0,315	0,590	0,474	-0,040	0,327
G6	0,065	0,416	0,730	0,465	0,730	0,461	0,255	0,423	0,296	0,408	1,064	0,520	0,370	0,416
G7	-0,378	0,448	0,950	0,509	-0,441	0,512	-0,012	0,477	0,277	0,441	-0,923	0,563	-0,110	0,462
G8	-0,251	0,338	0,079	0,392	-0,498	0,398	-0,094	0,348	0,056	0,322	-0,354	0,476	-0,224	0,339
G9	-0,109	0,434	0,891	0,486	0,332	0,482	0,263	0,451	0,251	0,426	-0,928	0,540	0,129	0,434
G10	-0,173	0,378	-1,049	0,448	-0,949	0,439	-0,369	0,389	0,071	0,364	-0,002	0,530	-0,300	0,369
G11	-0,181	0,324	-0,489	0,385	-0,604	0,385	-0,243	0,333	0,057	0,303	-0,047	0,476	-0,340	0,318
G12	-0,216*	0,290	-0,143*	0,364	-0,377	0,366	-0,182	0,304	0,196	0,275	0,751	0,446	-0,029*	0,291
G13	-0,147	0,459	-0,462	0,510	-0,348	0,510	0,176	0,474	0,627	0,439	0,840	0,564	-0,197	0,453
G14	-0,116*	0,293	-0,129*	0,365	-0,617	0,381	-0,171	0,310	0,145	0,273	0,153	0,447	-0,190*	0,294
G15	0,163	0,396	0,894	0,484	0,557	0,449	0,222	0,401	0,061	0,371	1,090	0,515	0,115	0,386
G16	-0,558	0,487	-0,392	0,543	-0,926	0,536	-0,384	0,487	0,019	0,465	0,199	0,583	-0,149	0,481
G17	-0,305	0,419	-0,852	0,472	-0,911	0,474	-0,431	0,431	0,110	0,402	0,442	0,532	-0,290	0,410
G18	0,441	0,688	1,002	0,717	1,175	0,719	0,024*	0,717	-1,213	0,690	-5,445	0,734	0,810	0,690
G19	0,101	0,307	-0,589	0,375	-0,406	0,371	0,001	0,316	0,049	0,288	-0,242	0,460	-0,262	0,299
G20	0,162	0,333	-0,211	0,383	-0,152	0,397	0,143	0,347	0,207	0,318	-0,446	0,465	-0,092	0,322
G21	0,411	0,366	-0,389	0,415	0,252	0,437	0,204	0,380	-0,217	0,345	-0,517	0,492	-0,109	0,353
G22	-0,132	0,418	0,897	0,464	0,588	0,470	0,054	0,431	-0,346	0,408	0,463	0,543	0,472	0,417
G23	-0,002	0,321	0,385	0,383	0,319	0,396	-0,144	0,347	-0,200	0,305	-0,173	0,467	0,193	0,317
G24	0,471	0,425	-0,365	0,487	0,744	0,485	0,352	0,446	-0,301	0,405	0,727	0,538	0,023	0,427
G25	-0,047*	0,367	0,001*	0,443	-0,051	0,430	0,158	0,393	-0,243	0,363	0,429	0,503	-0,050*	0,368
G26	0,353	0,324	-0,563	0,397	0,159*	0,390	0,003*	0,323	-0,164*	0,299	0,040*	0,469	-0,021	0,315
G27	-0,210	0,279	0,245	0,335	0,055*	0,340	-0,063*	0,278	-0,017*	0,255	0,112*	0,431	0,067	0,262
G28	-0,121*	0,294	-0,269*	0,360	-0,260	0,361	-0,158	0,302	0,034	0,280	0,729	0,453	-0,100*	0,293

* Valores preditos pelo modelo.

Tabela 15. Continua.

	A15		A16		A17		A18		A19		A20		A21	
	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ
G1	-1,114	0,58	0,763	0,531	0,186	0,517	-0,066	0,435	-0,663	0,550	-0,691	0,490	1,465	0,626
G2	1,008	0,584	-0,492	0,515	-0,505	0,527	-0,324	0,412	0,429	0,525	0,198	0,465	0,539	0,575
G3	1,160	0,501	-0,310	0,376	0,002*	0,401	0,009*	0,306	0,362	0,412	0,270*	0,357	-0,368*	0,469
G4	-0,052	0,705	-0,923	0,625	0,255	0,578	0,157	0,494	-1,138	0,604	0,157	0,547	-0,407	0,641
G5	1,106	0,545	-0,092	0,422	0,221	0,450	-0,003	0,334	0,031	0,448	-0,340	0,409	0,565	0,505
G6	1,016	0,569	-0,534	0,484	0,453	0,487	-0,049	0,427	-0,520	0,496	0,096	0,453	-0,877	0,548
G7	-1,025	0,609	0,160	0,522	0,315	0,527	0,199	0,458	-0,217	0,544	-0,078	0,491	-2,264	0,648
G8	-0,363	0,538	0,188	0,418	0,132	0,430	0,050	0,331	0,338	0,429	-0,097	0,392	-0,359	0,496
G9	-1,062	0,576	0,219	0,505	0,451	0,512	0,042	0,436	-0,626	0,525	-0,169	0,474	-1,736	0,570
G10	0,377	0,545	0,287	0,451	-0,972	0,444	-0,338	0,373	0,387	0,474	0,029	0,421	0,649	0,532
G11	0,287	0,529	0,162	0,405	-0,446	0,419	-0,060	0,318	0,142	0,426	-0,104	0,371	0,147	0,496
G12	0,627	0,504	0,130	0,390	-0,249*	0,398	-0,041*	0,293	0,103	0,399	0,005*	0,346	-0,035*	0,474
G13	1,040	0,609	0,520	0,572	-1,014	0,552	-0,310	0,453	-1,026	0,553	-0,764	0,515	-0,247	0,594
G14	0,488	0,517	0,171	0,373	-0,211*	0,397	-0,029*	0,294	-0,297	0,408	-0,181*	0,343	-0,126*	0,470
G15	1,217	0,578	-0,741	0,488	0,611	0,478	0,307	0,405	-0,509	0,530	0,332	0,445	-0,528	0,555
G16	-0,352	0,638	-0,203	0,570	-1,271	0,577	-0,039	0,481	0,337	0,579	0,294	0,524	0,029	0,600
G17	0,279	0,590	0,022	0,488	-1,316	0,501	-0,342	0,424	0,178	0,508	0,422	0,501	0,299	0,564
G18	-6,344	0,738	0,922	0,717	1,724	0,720	0,704	0,694	0,005*	0,745	0,043	0,707	-0,263	0,726
G19	0,240	0,516	0,385	0,386	-0,385	0,390	-0,244	0,306	-0,054	0,403	-0,416	0,366	0,398	0,472
G20	-0,567	0,527	0,294	0,407	-0,502	0,411	-0,259	0,326	-0,449	0,429	-0,468	0,373	0,051	0,488
G21	-0,826	0,554	0,002	0,452	-0,384	0,462	-0,179	0,359	0,042	0,477	-0,117	0,412	0,686	0,513
G22	0,277	0,580	-0,301	0,494	1,295	0,497	0,564	0,421	0,407	0,510	0,428	0,450	-0,310	0,560
G23	0,149	0,533	-0,093	0,411	0,922	0,445	0,391	0,339	0,057	0,431	0,029	0,378	0,150	0,508
G24	0,987	0,580	-0,381	0,497	0,353	0,500	-0,202	0,433	0,804	0,536	0,374	0,471	1,333	0,564
G25	0,634	0,563	-0,072	0,460	0,295*	0,468	0,060*	0,381	1,275	0,541	0,363*	0,427	0,165*	0,535
G26	0,172*	0,528	0,011*	0,399	0	0,412	-0,108	0,315	0,113*	0,420	0,141	0,374	0,965	0,487
G27	0,111*	0,495	-0,112*	0,352	0,315	0,380	0,178	0,271	0,022*	0,378	0,127	0,320	-0,200	0,450
G28	0,531	0,498	0,020	0,368	-0,275*	0,394	-0,071*	0,292	0,465	0,399	0,119*	0,343	0,278*	0,472

* Valores preditos pelo modelo.

Tabela 15. Continua.

	A22		A23		A24		A25		A26		A27		A28	
	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ
G1	0,813	0,451	0,046	0,495	1,242	0,490	0,670	0,458	0,648	0,449	0,133	0,449	0,595	0,451
G2	-0,058	0,423	0,438	0,489	0,436	0,484	0,143	0,425	-0,268	0,429	0,258	0,442	0,185	0,447
G3	-0,593	0,330	0,021*	0,368	-0,679	0,387	-0,310*	0,322	-0,584	0,335	-0,184	0,320	-0,233*	0,329
G4	-0,473	0,508	0,599	0,542	-0,011	0,534	-0,317	0,518	-0,303	0,503	-0,947	0,526	0,148	0,519
G5	0,115	0,364	-0,188	0,410	0,256	0,407	-0,057	0,350	-0,145	0,368	-0,007	0,355	-0,148	0,365
G6	-0,380	0,433	0,855	0,472	-0,039	0,459	-0,226	0,432	-0,132	0,436	-0,454	0,429	0,621	0,438
G7	0,089	0,459	-0,419	0,515	-0,519	0,499	-0,184	0,464	0,749	0,481	0,513	0,491	0,180	0,479
G8	0,208	0,347	-0,523	0,406	-0,226	0,393	-0,032	0,354	0,297	0,365	0,392	0,358	-0,229	0,364
G9	0,181	0,443	0,420	0,489	0,105	0,486	-0,194	0,455	0,848	0,456	0,156	0,453	0,960	0,470
G10	-0,212	0,391	-0,720	0,432	-0,254	0,428	-0,289	0,394	-0,319	0,403	-0,021	0,392	-0,450	0,401
G11	0,033	0,341	-0,454	0,382	-0,146	0,389	-0,393	0,353	-0,097	0,351	0,059	0,337	-0,380	0,351
G12	-0,353	0,307	-0,225*	0,356	-0,275	0,355	-0,310*	0,310	-0,481	0,333	-0,314	0,321	-0,215*	0,319
G13	-0,406	0,473	-0,481	0,509	0,376	0,502	-0,666	0,476	-0,050	0,472	-0,393	0,471	0,506	0,485
G14	0,008	0,314	-0,389*	0,359	-0,067	0,358	-0,201*	0,310	0,020	0,316	0,045	0,315	-0,125*	0,323
G15	-0,282	0,401	0,622	0,442	-0,172	0,444	-0,025	0,406	-0,361	0,412	-0,262	0,405	0,172	0,414
G16	-0,277	0,483	-1,231	0,547	-0,732	0,517	-0,224	0,489	-0,486	0,501	-0,185	0,510	-1,140	0,508
G17	-0,485	0,431	-0,561	0,487	-0,711	0,483	-0,429	0,429	-0,526	0,437	-0,220	0,433	-0,692	0,436
G18	1,755	0,692	0,858	0,716	0,949	0,703	1,683	0,702	2,194	0,692	0,892	0,690	0,799	0,695
G19	0,183	0,322	-0,373	0,362	0,366	0,373	0,071	0,320	0,191	0,341	0,237	0,323	0,102	0,333
G20	0,317	0,345	-0,412	0,395	0,560	0,400	0,044	0,343	0,441	0,348	0,164	0,340	0,404	0,364
G21	0,521	0,374	0,022	0,422	0,537	0,428	0,525	0,379	0,372	0,385	0,447	0,385	-0,048	0,382
G22	-0,297	0,431	0,719	0,471	-0,567	0,469	0,121	0,439	-0,443	0,451	-0,322	0,438	-0,246	0,443
G23	0,056	0,342	0,397	0,390	-0,070	0,385	-0,005	0,346	-0,102	0,348	-0,070	0,340	-0,183	0,374
G24	0,044	0,435	0,752	0,475	0,276	0,465	0,473	0,444	-0,382	0,445	0,114	0,439	0,150	0,449
G25	-0,245	0,393	0,165*	0,438	-0,448	0,426	0,101*	0,391	-0,413	0,397	0,183	0,395	-0,304*	0,398
G26	0,091*	0,335	0,260	0,390	0,244*	0,383	0,330	0,348	-0,121*	0,343	0,000*	0,337	-0,010	0,340
G27	-0,104*	0,285	0,006	0,337	-0,183*	0,336	-0,157	0,290	-0,113*	0,302	-0,115*	0,292	-0,056	0,299
G28	-0,248	0,311	-0,206*	0,360	-0,250	0,355	-0,139*	0,312	-0,435	0,322	-0,099	0,320	-0,361*	0,318

* Valores preditos pelo modelo.

Tabela 15. Conclusão.

	A29		A30		A31		A32		A33		A34		A35	
	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ	Média	σ
G1	0,206	0,412	-0,205	0,461	0,179	0,439	0,026	0,427	-0,081	0,453	0,196	0,440	-0,210	0,502
G2	-0,191	0,383	0,021	0,448	-0,380	0,419	-0,316	0,394	-0,397	0,431	-0,205	0,412	-1,291	0,534
G3	-0,175	0,280	0,239*	0,349	-0,201	0,314	-0,056*	0,296	0,018*	0,337	-0,248	0,310	-0,129*	0,395
G4	-0,366	0,477	1,280	0,566	-0,184	0,507	0,371	0,473	0,943	0,507	-0,523	0,495	0,188	0,579
G5	-0,246	0,312	-0,061	0,382	-0,440	0,344	-0,188	0,318	0,058	0,370	-0,195	0,335	-0,580	0,429
G6	-0,394	0,408	0,849	0,448	-0,578	0,425	0,525	0,411	0,992	0,429	-0,487	0,419	-0,587	0,489
G7	0,409	0,434	-0,437	0,495	0,323	0,455	0,422	0,435	0,623	0,475	0,659	0,470	0,850	0,515
G8	0,278	0,315	-0,558	0,383	0,125	0,356	-0,082	0,313	-0,086	0,357	0,363	0,341	0,210	0,430
G9	0,165	0,415	0,076	0,471	0,061	0,438	0,707	0,418	1,064	0,450	0,283	0,437	0,445	0,502
G10	0,120	0,357	-0,573	0,415	0,113	0,392	-0,572	0,356	-1,055	0,412	0,317	0,376	0,465	0,451
G11	0,061	0,302	-0,455	0,369	-0,137	0,341	-0,308	0,304	-0,464	0,344	0,222	0,322	0,354	0,419
G12	-0,105	0,269	0,080*	0,349	-0,128	0,301	-0,161*	0,280	-0,082*	0,320	-0,167	0,307	0,132*	0,391
G13	0,023	0,446	-0,017	0,492	-0,466	0,467	-0,111	0,440	0,347	0,482	0,166	0,455	0,045	0,523
G14	0,040	0,266	-0,238*	0,344	-0,192	0,306	-0,137*	0,274	-0,131*	0,322	0,237	0,310	0,163*	0,389
G15	-0,421	0,371	0,779	0,434	-0,597	0,404	0,291	0,369	0,501	0,405	-0,454	0,388	-0,554	0,463
G16	0,246	0,466	-0,433	0,518	0,590	0,495	-0,661	0,464	-0,979	0,497	0,302	0,480	1,062	0,547
G17	0,032	0,394	-0,267	0,459	0,235	0,438	-0,636	0,404	-1,113	0,455	0,252	0,420	0,739	0,497
G18	0,954	0,684	-0,337	0,701	1,972	0,684	1,104	0,704	0,715	0,702	0,588*	0,701	1,324	0,711
G19	0,107	0,280	-0,531	0,355	-0,051	0,320	-0,230	0,290	-0,364	0,328	0,294	0,311	-0,091	0,397
G20	0,203	0,308	-0,490	0,380	0,115	0,336	-0,153	0,316	0,043	0,358	0,337	0,331	0,007	0,418
G21	0,180	0,335	-0,329	0,394	0,285	0,364	-0,126	0,344	-0,399	0,378	0,235	0,363	-0,305	0,445
G22	-0,286	0,398	0,887	0,462	-0,075	0,425	0,317	0,407	0,644	0,437	-0,646	0,420	-0,153	0,487
G23	-0,171	0,301	0,381	0,375	-0,100	0,330	0,328	0,309	0,375	0,354	-0,302	0,334	0,009	0,424
G24	-0,260	0,401	0,228	0,451	-0,287	0,424	-0,054	0,407	-0,297	0,447	-0,554	0,423	-1,408	0,517
G25	-0,144	0,356	-0,070*	0,424	-0,014	0,376	-0,105*	0,360	-0,290*	0,401	-0,257	0,375	-0,395*	0,454
G26	-0,072*	0,292	-0,001	0,368	-0,027*	0,328	-0,050	0,301	-0,441	0,354	-0,121*	0,320	-0,276	0,411
G27	-0,072*	0,243	0,239	0,328	-0,055*	0,280	0,134	0,253	0,213	0,299	-0,122*	0,275	0,061	0,371
G28	-0,121	0,274	-0,059*	0,349	-0,085	0,301	-0,281*	0,277	-0,356*	0,319	-0,168	0,302	-0,076*	0,390

* Valores preditos pelo modelo.