



LEANDRO SANTOS PEIXOUTO

**PROPOSTA DE ANÁLISE DE FATORES NA
MATRIZ G+GA VIA MODELOS MISTOS EM
MULTIAMBIENTES**

LAVRAS-MG

2013

LEANDRO SANTOS PEIXOUTO

**PROPOSTA DE ANÁLISE DE FATORES NA MATRIZ G+GA VIA
MODELOS MISTOS EM MULTIAMBIENTES**

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

Orientador

Dr. José Airton Rodrigues Nunes

LAVRAS - MG

2013

LEANDRO SANTOS PEIXOUTO

**PROPOSTA DE ANÁLISE DE FATORES NA MATRIZ G+GA VIA
MODELOS MISTOS EM MULTIAMBIENTES**

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

APROVADA em 30 de agosto de 2013.

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu	EMBRAPA
Dr. Antonio Carlos de Oliveira	EMBRAPA
Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho	UFMT
Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA

Dr. José Airton Rodrigues Nunes
UFLA
(Orientador)

**LAVRAS - MG
2013**

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

Peixoto, Leandro Santos.

Proposta de análise de fatores na matriz G+GA via modelos mistos em Multi-Ambientes / Leandro Santos Peixoto. – Lavras : UFLA, 2013.

110 p. : il.

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Lavras, 2013.

Orientador: José Airton Rodrigues Nunes.

Bibliografia.

1. Interação GxA. 2. Estabilidade. 3. Estratificação ambiental. 4. Adaptabilidade. 5. REML/BLUP. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 631.523

Dedico

A minha esposa Yslai, companheira e amiga. A minha filha linda Ysali, presente de Deus para nós. Ao nosso novo membro da família, que está chegando para engrandecer ainda mais a nossa família. Amo muito vocês.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida e as oportunidades de evoluir intelectualmente, mas principalmente pelas oportunidades de evoluir moralmente.

À UFBA/UFRB, pelo título de Engenheiro Agrônomo.

À UFLA, pelo título de mestre e pela oportunidade de obter o título de doutor.

Ao professor João Bosco dos Santos, pela orientação no início do doutorado.

Ao professor José Airton Nunes, pela orientação do doutorado.

À FAPEMIG, pela concessão da bolsa de doutorado no primeiro ano de doutorado.

Aos professores: Magno, João Bosco, César Brasil, João Cândido, Daniel Furtado, Julio Bueno e Augusto pelos conhecimentos transmitidos durante o meu doutoramento.

Aos amigos da Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo companheirismo, amizade e troca de experiências.

Ao amigo e consultor Diogo Neder, pela paciência e ajuda dada neste trabalho.

Aos funcionários da Genética, pela convivência, auxílio e troca de experiência.

Ao IFBaiano pelo apoio e incentivo para o término do doutorado. E aos amigos e colegas de trabalho do IFBaiano pela força e torcida pelo meu sucesso.

Aos meus alunos do IFBaiano pela compreensão e paciência.

A minha mãe, por ter me ensinado a viver para o mundo; a minha linda irmã, Lívia por fazer parte da minha vida e me dar dois lindos sobrinhos, Xande e Tiaguinho e a minha tia Elza, pelo carinho e apoio.

Ao meu pai Peixoto, Cláudia e Philipe, pelo apoio e carinho.

Aos meus padrinhos “Titio” (*in memoriam*) e Tia Anna, pelo apoio educacional em toda minha vida, sem a qual não estaria aqui.

Aos meus Sogros, Jorge e Kió, e meu cunhado Farley por terem me acolhido em sua família. E principalmente aos meus amores Yslai e Ysali. AMO VOCÊS.

RESUMO GERAL

A influência que a interação genótipos por ambientes exerce na recomendação das linhagens é, em geral, bastante expressiva. Com a necessidade de estudos direcionados sobre esse assunto foram propostos diversos métodos univariados e multivariados. Atualmente, as análises multivariadas têm sido mais preferidas por sua capacidade de capturar maior proporção da variação dos efeitos estudados. Neste sentido, foi proposto uma modificação no método de Murakami e Cruz (2004) substituindo os valores fenotípicos ajustados por uma matriz dos efeitos genotípicos somados aos efeitos da interação GxA estimados via REML/BLUP. Com o objetivo de comparar a Análise de Fatores da matriz dos G+GA aleatórios (FGGAA) com os métodos AMMI e GGE, duas das mais utilizadas análises multivariadas, foram utilizados dados dos ensaios elites do Programa de Melhoramento do Feijoeiro da Universidade Federal de Lavras-MG. A análise FGGAA foi mais eficiente em capturar a maior porção da interação GxA, sendo seguida pela GGE e AMMI. O agrupamento dos Mega-Ambientes foi praticamente o mesmo para AMMI e GGE. Não houve concordância sobre a linhagem mais estável, com adaptação ampla e produtiva entre os três métodos. FGGAA e GGE classificaram a linhagem MAIV-15.204 como genótipo mais próximo do ideal, enquanto o AMMI identificou a linhagem MAIV-18.259. A análise GGE mostrou-se mais intuitiva na obtenção das interpretações, grande parte devido ao auxílio dos seus tipos gráficos. Sendo seguido por FGGAA. A análise AMMI apresentou-se difícil de realizar algumas inferências, a exemplo da obtenção dos Mega-Ambientes.

Palavras-chave: Interação GxA. Estabilidade. Estratificação ambiental. Adaptabilidade. REML/BLUP.

GENERAL ABSTRACT

Genotype by environment interaction plays an important role in the recommendation of inbred lines. In this study, several univariate and multivariate methods were proposed directed to this subject. Recently, multivariate analysis has been preferred due to its ability to capture a higher part of the variance of the studied effects. Thus, we propose a modification in the Murakami & Cruz (2004) method by changing the adjusted phenotypic values by a matrix of genotypic effects summed with the G x E interaction effects, estimated through REML/BLUP. Aiming to compare the matrix factor analyses of G + GE (RFGGE) with the AMMI and GGE, two of the most used multivariate analyses, we used data from the elite trials of the Common Bean Breeding Program at Universidade Federal de Lavras (UFLA). The RFGGE analysis was more effective to capture a larger part of the G x E interaction, and was followed by the GGE and AMMI analyses. The mega-environments clustering was always the same as those observed in the AMMI and GGE analyses. There was no agreement according to the inbred lines which were more stable, with wider adaptation and most productive among the three methods. RFGGE and GGE ranked the line MAIV-15.204 as the closest to the ideotype, whereas AMMI ranked the line MAIV-18-259. The GGE analysis was the most intuitive for interpretation, most due to its graphical analysis, and was followed by the RFGGE. The AMMI analysis was shown to be difficult to allow some inferences, like the attainment of mega-environments.

Keywords: GxE Interaction. Stability. Environmental stratification. Adaptability. REML/BLUP.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Linhagens de feijoeiro avaliadas nos experimentos elites no biênio 2006-2008 e seus respectivos códigos para a representação gráfica.....	63
Tabela 2 Componentes de variâncias genóticas e residuais obtidos das análises individuais e, respectivas, acurácias (r_{gg}), Lavras-MG, 2013	68
Tabela 3 Componentes da variância e teste χ^2 para a significância dos efeitos aleatórios das análises conjunta, Lavras MG, 2013	69
Tabela 4 Porcentagem da variância capturada (por eixo e acumulada) em cada fator, considerando de seis a um, após a rotação e os agrupamentos obtidos em cada fator, Lavras-MG, 2013.....	72
Tabela 5 Estratificação ambiental por meio da análise de fatores, com 36 genótipos e 15 ambientes, Lavras-MG, 2013	74
Tabela 6 Linhagens avaliadas nos experimentos elites no biênio 2006-2008 e seus respectivos códigos para a representação gráfica.....	88
Tabela 7 Resumo das análises da variância e os componentes da variância, e seus testes de significância dos efeitos, F e X^2 , respectivamente	93
Tabela 8 Desdobramento da interação G x A, da análise AMMI, em seus componentes principais e seus respectivos testes de significância, Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992) e Gollob (1968).....	95
Tabela 9 Estratificação ambiental por meio da análise de fatores, com 36 genótipos e 12 ambientes, Lavras-MG, 2013	104

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Número de fatores a serem extraídos pelos métodos: coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela e Kaiser-Guttman (autovalores>1,0).....	70
Figura 2 Análise gráfica da adaptabilidade de 36 linhagens de feijão a partir dos escores obtidos da análise FGGAA	76
Figura 3 Biplot AMMI1 para dados de produção de grãos (g/parcela) de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013.....	96
Figura 4 Biplot AMMI2 para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013	97
Figura 5 GGE Biplot ‘which won where’ de 36 linhagens de feijão avaliadas em três 12 ambientes, Lavras-MG, 2013	99
Figura 6 GGE Biplot ‘Mean vs. Stability’ para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013.....	101
Figura 7 GGE Biplot ‘ideal genotype’ para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013.....	102
Figura 8 GGE Biplot ‘Discriminative vs. Representativeness’ para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013.....	103
Figura 9 Análise gráfica da adaptabilidade de 36 linhagens de feijão a partir dos escores obtidos da análise FGGA	106
Figura 10 Interface gráfica do pacote ‘GGEBiplotGui’ com as opções de seleção dos diferentes tipos de gráficos possíveis	123

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE	24
1	INTRODUÇÃO GERAL	14
2	REFERENCIAL TEÓRICO	17
2.1	A interação G x A e os programas de melhoramento	17
2.2	A interação G x A e os métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade	23
2.3	Métodos estatísticos multivariados para estudo da interação G x A	29
	REFERÊNCIAS	44
	SEGUNDA PARTE - ARTIGOS	57
	ARTIGO 1: Análise de fatores aplicada à matriz G+GA via REML/BLUP para dados Multiambientes	58
1	INTRODUÇÃO	61
2	MATERIAL E MÉTODOS	63
2.1	Experimentos	63
2.2	Análises Estatísticas	64
2.2.1	Análises Individuais	64
2.2.1	Análise conjunta	65
2.3	Análise de fatores (AF) da matriz G+GA (FGGAA)	66
2.3.1	Número de fatores extraídos	66
2.3.2	Estratificação ambiental via análise de fatores	66
2.3.3	Estabilidade genotípica	67
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	68
3.1	Análises individuais e conjuntas	68
3.2	Número de fatores a serem extraídos	70
3.3	Estratificação ambiental via FGGA	73
3.4	Adaptabilidade e estabilidade genotípica	75
	REFERÊNCIAS	78
	ARTIGO 2 Análise multivariada para dados Multiambientes: AMMI, GGE e FGGAA	82
1	INTRODUÇÃO	85
2	MATERIAL E MÉTODOS	88
2.1	Experimentos	88
2.2	Análises Estatísticas	89
2.2.1	Método FGGAA	89

2.2.1.1	Estratificação ambiental via FGGAA	89
2.2.1.2	Adaptabilidade genotípica via FGGAA	90
2.2.2	Método AMMI.....	90
2.2.3	Método GGE Biplot.....	91
3	RESULTADOS	93
3.1	Análises conjuntas	93
3.2	AMMI	94
3.3	GGE Biplot.....	98
3.4	FGGA.....	103
3.4.1	Estratificação ambiental via FGGA	103
3.5	Adaptabilidade e estabilidade genotípica.....	105
4	DISCUSSÃO	108
5	CONCLUSÕES	113
	REFERÊNCIAS	114
	APÊNDICE A – Rotina para análise de fatores	120
	APÊNDICE B - Rotina para análise AMMI	121
	APÊNDICE C – Rotina para análise GGE Biplot	123

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO GERAL

Quando os programas de melhoramento iniciam suas fases de seleção de genótipos elites utilizando vários locais, safras e anos agrícolas, a interação genótipos por ambientes (interação GxA) exerce grande influência em tal escolha. Assim, diversos melhoristas e biometristas classificam-na com intrigante, desafiante e complicado fenômeno, constituindo-se num dos maiores problemas para os programas de melhoramento, especialmente concernente à recomendação de genótipos. Surgindo assim a necessidade de esforços estatísticos para ajudar a entender e interpretar esse fenômeno.

Inicialmente o estudo sobre a interação GxA era realizado tão somente pela análise conjunta tradicional, que pouco informa sobre o comportamento mais detalhado dos genótipos nos ambientes. Surgiram assim vários métodos para estudo da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos avaliados em vários ambientes. Os primeiros métodos propostos tinham caráter univariado, a exemplo dos baseados na regressão linear, resumindo toda a variação da interação GxA em apenas uma informação. Esses eram preferidos por ser de fácil interpretação e por não exigirem muito esforço computacional, que era escasso até algumas décadas atrás. Culminando nas análises multivariadas, que são mais exigentes em recursos computacionais e por isso foram pouco utilizadas à época da sua proposição. Atualmente com o avanço dos recursos computacionais a dificuldade na realização das análises multivariadas para a interação GxA foi dirimida, tendo-se diversos programas estatísticos disponíveis para a realização dessas análises.

Os métodos multivariados predominantes na avaliação da interação GxA utilizados no melhoramento de plantas são o AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) e GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*).

Esses dois métodos diferem apenas nas suas matrizes utilizadas para a decomposição em valores singulares (DVS). Em que, o AMMI utiliza os dados centrados em ambientes e genótipos e o GGE utiliza os dados centrados apenas em ambientes. Outra opção multivariada, recentemente proposta por Murakami e Cruz (2004), utiliza as medias fenotípicas dos genótipos por ambientes, aplicando a análise de fatores. Todos os três métodos têm o objetivo de sintetizar o número de informações originais em poucos eixos que mantenham correlação com os dados originais e que capture o máximo da variação nos primeiros eixos.

Embora essas técnicas sejam amplamente utilizadas atualmente, elas são contestadas por diversos autores pelo fato de considerarem os efeitos genotípicos como fixos. Considerar esses efeitos genéticos como aleatórios, visando obter os BLUPs (Melhor preditor linear não viesado) dos referidos efeitos, é mais vantajoso aos propósitos do melhoramento. O uso dos modelos mistos apresenta maior vantagem quando se tem desbalanceamento dos dados e delineamentos não ortogonais, situações normalmente encontradas nos experimentos multiambientais. Além dessas vantagens, os BLUPs apresentam uma estimativa mais acurada por ser mais eficaz na retirada dos ruídos.

Algumas metodologias foram propostas para sanar esses problemas, como o modelo do Fator Analítico Multiplicativo Misto (FAMM), que é análogo ao modelo AMMI, porém considerando os efeitos genotípicos como aleatórios, o Modelo Linear Misto Multivariado (MLMM) e a análise de componentes principais via modelos mistos (PCAM). Apesar das vantagens desses métodos, eles apresentam o mesmo obstáculo que enfrentaram as técnicas baseadas em DVS à época da sua idealização, falta de recursos computacionais para a sua execução pelo público em geral.

Visando aliar as vantagens dos modelos mistos com os métodos multivariados, o objetivo do trabalho é propor uma modificação na metodologia baseada na análise de fatores realizada sobre uma matriz contendo os efeitos

genotípicos (G) somados aos efeitos da interação GxA (GA) obtidos via modelos mistos (REML/BLUP) para o estudo da adaptabilidade e estratificação ambiental. Sob essa nova ótica, é necessário uma comparação do FGGA via modelos mistos com os métodos utilizados, AMMI e GGE, nas suas abordagens tradicionais, ou seja, sob o modelo fixo. O objetivo principal foi comparar as linhagens consideradas mais estáveis e com adaptação ampla, linhagens que foram mais instáveis, além dos agrupamentos dos ambientes gerados, e quais ambientes mais contribuíram para a interação.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A interação G x A e os programas de melhoramento

Em qualquer programa de melhoramento de plantas, independente do modo de reprodução da cultura (autógama, alógama, mista e propagação assexuada) ou ambiente em que ela vai ser estabelecida, o objetivo do melhorista é a obtenção de novas combinações genotípicas que sejam agronomicamente superiores às cultivares disponíveis no mercado. Sendo assim, o melhorista visa inicialmente gerar variabilidade, seja por meio de formação de populações segregantes, cruzamentos dialélicos, híbridos, progênies de meios irmãos ou irmãos completos. Com o passar dos ciclos de seleção os genótipos vão sendo selecionados para conter um maior número de alelos favoráveis (para aquela condição ambiental) do que aqueles materiais genéticos que foram utilizados para obtenção do conjunto segregante.

Para cada modo reprodutivo, objetivo ou preferência do melhorista do programa de melhoramento existe um método de seleção utilizado. Dentre eles estão: a seleção massal, seleção populacional (*Bulk*), seleção de progênies ou seleção clonal, seleção de linhas puras, método genealógico (*Pedigree*), seleção de progênies, método SSD (*Single Seed Descent*), retrocruzamento e seleção recorrente. Todos com o objetivo de afunilar o grupo heterótico e chegar a poucos indivíduos no final das etapas de seleção. Ao final dos ciclos de seleção, o programa de melhoramento conta com um grupo seletivo de genótipos superiores, normalmente intitulados de grupo elite, que passará a ser tratado como potenciais novas cultivares.

O grupo elite passará por uma avaliação mais criteriosa, envolvendo mais repetições, anos agrícolas, vários locais e safras, chamados de ensaios elite,

dos quais serão selecionados os mais promissores para então participarem de uma rede maior de experimentos nos ambientes de cultivo para determinar o valor de cultivo e uso (VCU) de cada genótipo e, então, decidir acerca da recomendação. Segundo Ramalho et al. (2010) as etapas do melhoramento passam desde o planejamento dos cruzamentos até a etapa final dos experimentos de VCU, quando se está definindo o material genético que irá ocupar a condição de nova cultivar a ser recomendada pelo melhorista. Ainda segundo esse autor no período que abrangeu os anos de 2000 a 2009 foram registradas no Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), pelo setor público e privado, mais de 3300 cultivares de diferentes espécies vegetais. Contudo, antes de iniciar o processo de registro de uma nova cultivar, o melhorista se depara com a interação genótipos por ambientes (GxA), observada nos experimentos de VCU. Essa interação torna-se importante, pois a nova cultivar tem que ser eficiente nas mais diversas situações ambientais (local, época do ano, nível tecnológico do produtor e etc.) que será submetida.

Bórem e Miranda (2009) definem o ambiente como condições edafoclimáticas, associadas às práticas culturais, à ocorrência de patógenos e outros fatores não genéticos que afetem o desenvolvimento das plantas. O Brasil, por exemplo, é um país que apresenta uma grande diversidade de ambientes de cultivo. Fica notório o grande desafio dos programas de melhoramento para se manterem eficientes em selecionar genótipos para essa condição, pois é esperado que a interação GxA assuma papel fundamental na manifestação fenotípica dos caracteres agroeconômicos, e por essa razão ela deve ser estimada e, sobretudo, deve ser avaliada a sua importância na recomendação das novas cultivares (RAMALHO et al., 1993). Para lidar adequadamente com o fenômeno da interação GxA, o primeiro passo consiste na realização de experimentos em vários ambientes representativos das condições

de cultivo. Sendo a interação GxA influente, essa estratégia de análise Multiambientes é imprescindível para então realizar a seleção com maior acurácia e menor risco de recomendação.

Entretanto, no início dos programas de melhoramento a interação GxA não é levada em consideração devido a: i. inicialmente são obtidos poucos materiais reprodutivos de cada genótipo e com isso não se tem condições de repetir os experimentos em diferentes ambientes; ii. normalmente se tem grande número de genótipos, sendo oneroso a avaliação em diversos ambientes. Quando essas situações estão presentes, os experimentos iniciais são instalados em um local e a seleção dos melhores indivíduos se dá pela média da produção nesse local. Ciclo por ciclo a seleção é feita dessa maneira e com isso são selecionados genótipos com alelos favoráveis àquele local. Somente quando o programa conta com um grupo reduzido de genótipos é que a avaliação baseada em vários ambientes se inicia, normalmente com dois ou três ambientes e só é feita a avaliação numa gama maior de ambientes quando está trabalhando com um grupo menor de genótipos, denominado de grupo elite.

Para entender o efeito da seleção baseada em apenas um local, tomando como referência o que é realizado pela seleção natural, os genótipos que deixam mais descendentes são àqueles que possuem um conjunto gênico melhor adaptado ao ambiente em que se encontra. Sendo assim, ele possui os alelos necessários para ser eficiente naquela situação específica. Quando aquele genótipo é, por algum motivo, submetido a outro ambiente seu comportamento já não é similar ao verificado no ambiente em que ele foi estabelecido, ou seja, seu comportamento não é correlacionado entre o ambiente de seleção e o ambiente de cultivo. Quando o melhorista utiliza os conhecimentos da genética, estatística e melhoramento de plantas na escolha do indivíduo mais produtivo ele também está selecionando genes. Só que nesse caso ele deseja que os alelos selecionados (genótipos) sejam eficientes naquele ambiente que está sendo

realizada a seleção como também em ambientes diferentes, situação essa que se observa a interação GxA. Esse comportamento é explicado pelo fato do caráter ser controlado por muitos genes, onde ora alguns alelos são expressos no local 1 e outros é que são expressos no local 2, dependendo da influência ambiental sobre eles, fazendo com que o comportamento dos indivíduos seja diferente nos ambientes. O que segundo Silva et al. (2011) influencia na estabilidade das linhagens quando as seleções iniciais são realizadas em um local e a seleção final (VCU) é realizada em outro, da seguinte forma: quando as suas condições ambientais são semelhantes as do local de cultivo não há influência sobre a estabilidade, mas interfere no desempenho das linhagens quando as condições ambientais são muito diferentes.

Para Borém e Miranda (2009), a interação GxA é um importante e desafiante fenômeno para melhoristas e agrônomos que participam de ensaios de VCU. Já para Yan e Kang (2003), definem a interação GxA como intrigante e desconcertante pois, não há uma maneira precisa de usar a interação em favor dos programas de melhoramento. E para Cruz e Carneiro (2003) a interação GxA constitui-se num dos maiores problemas dos programas de melhoramento de qualquer espécie, seja na fase de seleção ou na recomendação das cultivares. Annicchiarico (1997) descreve a interação GxA como um complicador na seleção e/ou recomendação de novos materiais genéticos. Observando o relatado acima pelos autores nota-se a grande importância do tema para os trabalhos de melhoramento de plantas.

A compreensão da relação entre o desempenho de uma cultivar e o ambiente tem sido uma importante fonte de pesquisa para melhoristas e geneticistas (YAN; KANG, 2003). Ao realizar a seleção em um local, o melhorista observa o fenótipo, que na verdade é a soma do valor genotípico e efeito ambiental, e quando avalia em mais de um local, acrescenta-se o efeito da interação GxA. Para se estimar a interação precisa-se ter no mínimo, a avaliação

de dois genótipos em dois ambientes. O modelo estatístico básico que contém a interação é:

$$y_{ij} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} \quad (1)$$

em que: y_{ij} é o valor fenotípico médio do genótipo i no ambiente j ; μ é a média geral, g_i é o efeito do genótipo i , a_j é o efeito do ambiente j e $(ga)_{ij}$ é o efeito da interação do genótipo i com o ambiente j . O que segundo Yan e Kang (2003) denota a possibilidade de obter diferentes valores fenotípicos observáveis para o mesmo genótipo só dependendo das mudanças na magnitude dos efeitos do ambiente e da interação GxA.

Diversas teses, dissertações e livros que abordam a interação GxA trazem no texto uma representação gráfica dos diferentes tipos de interação GxA: i. gráfico com genótipos tendo respostas iguais ao incremento da melhoria do ambiente, gerando retas paralelas, evidenciando falta de interação; ii. gráfico com genótipos tendo respostas diferentes ao incremento da melhoria do ambiente, iii. gráfico com retas se cruzando, denotando a alteração da classificação genotípica entre os ambientes. Esses gráficos demonstram as situações que podem ocorrer de uma forma simplificada considerando dois genótipos e dois ambientes. Em uma situação natural são utilizados vários materiais genéticos e um número considerável de ambientes, gerando uma interpretação mais complexa do que a apresentada acima. Ao realizar-se os estudos de interação GxA o melhorista se depara com um grande número de efeitos intermediários, onde o número de tipos de interação pode tornar-se extremamente grande (YAN; KANG, 2003). Com apenas dois genótipos e dois ambientes e com um único critério, pelo menos quatro tipos diferentes de interação GxA são possíveis; agora com 10 genótipos e 10 ambientes passa para a casa dos 400 tipos diferentes de interação, o que tornará, certamente, suas consequências, implicações e interpretações muito mais difíceis de serem

compreendidas (ALLARD, 1999). Na mesma linha de pensamento, Ramalho et al. (1993) dizem que a interação impede a recomendação de cultivares de uma forma generalizada, acarretando maiores dificuldades e exigindo a adoção de medidas que controlem ou minimizem os efeitos dessa interação, para então proceder à recomendação mais segura.

Quando se inicia a fase de seleção baseada em vários ambientes o melhorista começa a realizar inferências sobre a interação GxA, que basicamente é o comportamento diferenciado de genótipos em diferentes ambientes. A interação GxA é classificada como simples, quando o comportamento dos genótipos diferenciam (magnitudes da resposta) entre os ambientes, mas não há alteração na ordenamento ou classificação, e complexa, quando os genótipos apresentam um ordenamento diferente quando comparado entre os ambientes. Quando a interação GxA é do tipo simples não causa nenhuma restrição à indicação da melhor cultivar baseada na média dos ambientes. Entretanto, quando ela é do tipo complexa, a recomendação deve ser mais criteriosa. Esse tipo de interação é que, em geral, causa mais problema ao melhorista. Segundo Yan e Kang (2003), inconsistências do desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes testados dificultam o trabalho de melhorista, onde nenhum genótipo foi consistentemente superior nos ambientes. Nesses casos, o melhorista tem três opções: i. selecionar genótipos que sejam relativamente consistentes nos ambientes; ii. selecionar genótipos estáveis ou com ampla adaptação; iii. ou escolher genótipos especificamente adaptados para cada ambientes. Ramalho et al. (1993) ainda acrescentam a possibilidade de realizar um zoneamento ecológico, com o objetivo de atenuar os efeitos da interação GxA, selecionando Mega-ambientes, onde a interação passa a ser não significativa.

Em diversos trabalhos é apresentada a importância da interação GxA por meio da porcentagem de sua participação na soma de quadrados total (SQ) ou do

valor da variância da interação (σ^2_{ij}). Rea et al. (2011) apontam que 14% da SQ da variável toneladas de cana de açúcar por hectare refere-se a interação GxA, já Mohammadi e Amri (2009) avaliando trigo encontraram 13,36% para produção de grãos, Malla et al. (2010) trabalhando com trigo de inverno apresentaram 42,2% da variação total devido à interação GxA. Já Araújo et al. (2010) em um estudo com feijão encontrou 28%, Sabaghnia, Sabaghpour e Dehghani (2008) estudando 11 genótipos de lentilhas em 20 ambientes observaram que 40% da variação total era devido à interação GxA e Samonte et al. (2005), pesquisando sobre arroz apresentou uma participação de 27,6% da variação total referente à interação GxA. De acordo com Sabaghnia, Sabaghpour e Dehghani (2008), o entendimento das causas da interação GxA é importante em todas as fases do melhoramento de plantas e pode ser utilizada para estabelecer os objetivos do programa, identificando as condições ideais de teste (Mega-ambientes) e selecionando cultivares adaptadas a esses ambientes. Estudos a respeito da interação GxA, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações do ambiente, a qual só é possível nas análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica (CRUZ; REGAZI, 1994).

2.2 A interação G x A e os métodos de estudo de adaptabilidade e estabilidade

Uma pesquisa realizada nos Periódicos da CAPES com os termos '*stability and adaptability*' e restringindo a busca por artigos dos últimos cinco anos encontra-se mais de 6000 artigos científicos sobre esse tema. Todos esses artigos científicos visando estudar os efeitos da interação GxA, demonstrando que seu estudo demanda grande parte do recurso e tempo destinado à obtenção de novas cultivares.

Devido ao exposto, diversas metodologias foram propostas para avaliar a adaptabilidade e estabilidade do comportamento fenotípico. Borém e Miranda (2003) e Resende (2007) definem a adaptabilidade como a capacidade dos genótipos de aproveitar vantajosamente as variações do ambiente e estabilidade como a capacidade de ser altamente previsível o seu comportamento mesmo com as variações do ambiente. Com o estudo da adaptabilidade e estabilidade é possível identificar cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais (CRUZ; REGAZI, 1994).

Resende (2007) relata que os procedimentos de análises da interação GxA evoluíram da tradicional análise conjunta, passando pelos métodos de estudos da estabilidade e adaptabilidade fenotípica baseados em análises de regressão linear, pelos métodos não paramétricos para estabilidade e adaptabilidade e pelos modelos multiplicativos (AMMI) para efeitos da interação. Borém e Miranda (2003) ainda acrescentam os métodos baseados na regressão linear bissegmentada como outra opção na análise da interação GxA. Esses autores ainda relatam que diferentes conceitos biológicos da estabilidade e adaptabilidade são empregados, bem como diferentes procedimentos estatísticos para obtenção das estimativas desses parâmetros. Cubero e Flores (2002) resumem a maioria das abordagens sobre a interação GxA utilizadas até aquela data, incluindo a análise de variância, regressão linear conjunta, análise de agrupamento, análise de componentes principais (ACP), análise de coordenadas principais (ACOP), análise fatorial (AF), análise AMMI e modelo GGE (GGE Biplot). No contexto dos modelos mistos, uma alternativa é o método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), preconizado por Resende (2004).

Com o grande número de técnicas destinadas ao estudo da interação GxA, adaptabilidade e estabilidade, surge uma grande incógnita, qual o método mais adequado? Para tentar dirimir essa dúvida diversos trabalhos foram e,

ainda, são realizados para comparar essas técnicas. Flores, Moreno e Cubero (1998) apresentam o *rank* de 11 genótipos gerados nas 22 técnicas por eles estudadas e uma observação pode ser feita, um mesmo genótipo foi classificado desde primeiro lugar até último, dependendo da metodologia utilizada. Ou seja, essa informação dificulta ainda mais a escolha da técnica que será escolhida, pois cada metodologia gera um ranqueamento diferente, acarretando em seleções dos melhores indivíduos diferentes.

Esses autores utilizaram a técnica Biplot para plotar os componentes principais do *rank* da estabilidade de produção em dois conjuntos de dados: 1) 22 métodos, 15 genótipos e 12 ambientes (fava); 2) 22 métodos, 11 genótipos e 16 ambientes (ervilha). Como resposta eles conseguiram no primeiro componente principal agrupar as técnicas com base nos conceitos de estabilidade estática e biológica. Já no segundo componente, foram formados quatro grupos para o primeiro estudo e cinco grupos para o segundo. Esses grupos foram formados por técnicas que tem correlação com a produtividade (UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages*) e LIN; BINNS), outro pela estabilidade fenotípica (método de TAI; análises de correspondência (AC); LIN; SHUKLA; EBERHART e RUSSELL) e um grupo intermediário que leva em consideração tanto a produtividade quanto a estabilidade fenotípica (KANG proposto em 1988; AMMI e ACOP). Resultado esse que já era esperado, pois técnicas que usam a mesma definição de estabilidade tendem a ter estatísticas similares.

Cargnelutti Filho et al. (2009) obtiveram resposta similar a Flores et al. (1992) e concluíram que há concordância na indicação de cultivares de milho pelos métodos de Plaisted e Peterson e ecovalência de Wricke, de Annicchiarico e Lin e Binns modificado por Carneiro em 1998, de Eberhart e Russell e Tai, Toler, tornando desnecessário o uso combinado desses métodos. Borges et al. (2000), Pereira et al. (2009) e Silva e Duarte (2006) tiveram respostas similares

ao trabalho dos autores anteriores. Silva Filho et al. (2008) comparam as metodologias de Eberhart e Russell, Ecovalência e Lin e Binns e AMMI, para 17 genótipos de algodão, avaliados em 23 ambientes do Cerrado brasileiro. Esses autores verificaram que as metodologias apresentam respostas similares, e considera o uso do Pi de Lin e Binns vantajoso pela facilidade de aplicação e interpretação indicando seu uso combinado com a metodologia AMMI. Gouveia et al. (2011) comparando métodos de Eberhart e Russell, Lin e Binns, MHPRVG e AMMI chegaram também a mesma constatação da similaridade das técnicas, recomendando seu uso combinado (univariado com multivariado) para uma recomendação mais precisa de genótipos estáveis.

Namorato et al. (2009) chegaram a conclusão que todas as cultivares que foram identificadas como estáveis pela metodologia AMMI também foram identificadas por Eberhart e Russell. Contudo, a classificação ambiental obtida pelos métodos AMMI e GGE foram diferentes. Flores et al. (1996) comparando dois métodos multivariados (AMMI e ACP) concluíram que as duas técnicas tem respostas satisfatoriamente iguais na detecção de cultivares com bom desempenho e estáveis sob diferentes condições ambientais. Miranda et al. (2009) em um estudo com nove cultivares de milho pipoca avaliados em oito ambientes discorrem sobre a complementariedade da técnica GGE Biplot sobre o AMMI para estratificação ambiental, definindo Mega-ambientes e as cultivares que têm performance otimizadas nos Mega-ambientes. Esses autores informam que o uso combinado dessas técnicas proporciona uma abordagem inovadora para a interpretação dos efeitos das interações GxA. Bastos et al. (2007) e Zeni Neto et al. (2008) verificaram que o método MHPRVG produziu exatamente o mesmo ordenamento que a estatística Pi de Lin e Binns, podendo assim ser usado vantajosamente no contexto dos modelos mistos com efeitos genéticos aleatórios e ressaltam ainda, a eficácia do BLUP em eliminar efeitos ambientais e os ruídos da interação, destacada por Resende (2004).

Segundo Bastos et al. (2007) metodologias estatísticas de fácil interpretação e com seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade têm sido desenvolvidas buscando-se a seleção de genótipos com elevados rendimentos em diferentes ambientes de plantio. Flores, Moreno e Cubero (1998) apontam as técnicas univariadas como as mais simples de serem implementadas e interpretadas e que as técnicas multivariadas são mais complexas e a falta de programas estatísticos específicos, dificultam sua utilização, mas que ambas são válidas. Atualmente com o avanço dos recursos computacionais, a dificuldade na realização das análises multivariadas para a interação GxA foi dirimida, pois diversos programas estatísticos estão disponíveis para a realização dessas análises. Dentre eles destacam-se: SAS (SAS INSTITUTE, 1999), GGEBiplot (YAN, 2001), Statistica (THOMAS; MICHAEL, 2010), SPSS (INTERNATIONAL BUSINESS MACHINES - IBM, 2013) e R (R CORE TEAM, 2012), sendo que o R se destaca por ser um *software* livre, sem custo e amplamente reconhecido no meio científico.

O *software* R é uma linguagem e ambiente de programação para análises estatísticas e gráficas que conta com a colaboração de diversos pesquisadores na criação de pacotes de análises. Esses pacotes são a base das análises realizadas pelo programa e atualmente o repositório conta com quase 5000 mil pacotes avaliados. O usuário pode optar por realizar suas análises baseando-se por pacotes já existentes ou, caso saiba programar, realizar sua própria rotina de análise. Essa característica torna o R ainda mais interessante, pois o usuário pode interagir com o programa e adaptar a rotina requerida a uma situação que ele necessite. Além das vantagens já mencionadas o R possui versões para os principais sistemas operacionais como o Windows, Linux e MacOS, o que não ocorre nos demais programas estatísticos, normalmente feitos para Windows.

Em relação às análises sobre interação GxA, o repositório do R contém alguns pacotes com rotinas que realizam essas análises. O pacote “bpca” (*Biplot*

of Multivariate Data Based on Principal Components Analysis) realiza análise gráfica GGE Biplot baseado no livro de Yan e Kang de 2003 (FARIA; DEMETRIO, 2011). Já o pacote 'agridat', que é um pacote de banco de dados, exemplifica várias metodologias para avaliar os dados Multiambientes para estudar a adaptabilidade e estabilidade como: AMMI, Biplot's baseado em componentes principais derivado do artigo de Kroonenberg, e Basford em 1989, análise de estabilidade baseado no artigo de Piepho em 1999, método da regressão parcial dos mínimos quadrados de Vargas e outros em 1998 e o método GGE Biplot (WRIGHT, 2011). No pacote 'agricolae' o autor traz as implementações das análises AMMI, estabilidade não paramétrica e estabilidade da variância de Shukla em 1972 (MENDIBURU, 2013).

No pacote 'GGEBiplotGUI' aparece novamente a análise GGE Biplot com um diferencial, ser interativo, ou seja, o pacote apresenta uma interface gráfica em que o usuário seleciona como deseja realizar a análise, diferenciando da usual rotina escrita (BERNAL; VILLARDON, 2012). Essa forma de apresentação provavelmente torna o uso mais amigável para os usuários que tenham mais vivência com programas como Genes (CRUZ, 2006), SELEGEN (REZENDE, 2007) e outros. Algumas das funções do pacote são: i. classificar os cultivares com base em seu desempenho em um determinado ambiente, i. classificação dos ambientes com base no desempenho relativo de qualquer dado cultivar, iii. comparar o desempenho de qualquer par de cultivares em ambientes diferentes, iv. identificar a melhor cultivar em cada ambiente, v. agrupar os ambientes baseados nas melhores cultivares, vi. a avaliação das cultivares em função do seu rendimento médio e da estabilidade e vii. avaliar os ambientes baseados tanto na capacidade discriminativa quanto representativa.

Além desses, outros pacotes fazem análises de componentes principais e análises de fatores, as quais atualmente vêm fazendo parte do conjunto de técnicas utilizadas para o estudo da interação GxA. Para os usuários do SAS que

desejam realizar as análises para estudo da interação GxA, e outros estudos realizados por geneticistas e melhoristas de plantas, podem consultar o livro editado por Kang (2003), onde, vários pesquisadores renomados apresentam suas rotinas para o SAS. Nesse livro são apresentadas as metodologias Ecovalência de Wrick, 1965; Estabilidade da variância de Shukla proposta em 1972; AMMI e GGE.

2.3 Métodos estatísticos multivariados para estudo da interação G x A

Restringindo a busca nos periódicos CAPES, utilizando como palavra-chave o método multivariado AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*), dos 6000 artigos obtidos inicialmente cerca de 2300 são apresentados nesta pesquisa. Confirmando que as técnicas multivariadas para estudo de adaptabilidade e estabilidade representa grande parte dos artigos publicados nos últimos cinco anos.

Assim, nos últimos anos, é dado uma maior ênfase às análises de interação GxA baseadas em técnicas multivariadas, apesar da facilidade de interpretação das técnicas baseadas na regressão linear como Eberhart e Russell, Ecovalência, Annicchiarico, Lin e Binns e MHPRVG. Essas análises univariadas, têm várias limitações e críticas de ambos os pontos de vista, biológico ou estatístico (KANDUS et al., 2010). Crossa (1990) relata que o principal problema biológico dessas análises apresenta-se quando trabalhando com pequeno número de ambientes e alguns genótipos mostram-se altamente produtivos, ou com baixa produção, a retirada desse indivíduo, incide em uma alteração significativa nas estimativas obtidas. Babić et al. (2010) relatam que vários anos foram gastos tentando resumir os efeitos da interação GxA em apenas uma estatística, apesar dela ser conceitualmente multivariada, e que os

estudos recentes revelam que esse conceito deve ser abandonado e que ela deve ser apresentada em dois ou mais parâmetros a depender de cada caso.

Para Silva et al. (2011) metodologias recentes explicam adequadamente os efeitos principais (genótipos e ambientes) e a sua interação, podendo-se destacar as análises AMMI, GGE Biplot. Namorato et al. (2009) observando apenas os dois primeiros eixos do modelo AMMI, obtiveram uma captura de 50,7% da $SQG \times A$, enquanto que na metodologia de Eberhart e Russell foi capturado apenas 9,18%. Em Zobel et al. (1988) o método AMMI captaram 71% dessa soma de quadrados, enquanto a análise pela regressão linear de Finlay e Wilkinson só o fez para 7,9%. Zobel et al. (1988) ainda acrescentam que técnicas baseadas na regressão linear, na maioria das vezes, explica apenas uma pequena porção da $SQG \times E$ e que a análise de regressão linear é capaz de efetivamente analisar termos de interação apenas quando o padrão se ajusta a um modelo de regressão específico. No decorrer do tempo, foi demonstrado ser muito difícil explicar um fenômeno complexo, tal como a interação $G \times A$, que inclui um maior número de vetores, com um parâmetro universal (BABIC et al., 2010).

Pacheco et al. (2005) denotam que as técnicas multivariadas surgem como uma nova alternativa nas análises de interação $G \times A$ e destacam os gráficos biplot's. Inicialmente desenvolvido por Gabriel (1971), a técnica biplot exhibe as linhas e colunas de uma matriz, simultaneamente e, a partir disso, muitas versões dessa técnica gráfica multivariada tem sido amplamente aplicada e aceita no estudo da matriz para o estudo da interação $G \times A$ (LAFFONT; HANAFI; WRIGHT, 2007). Para Cubero e Flores (2002) seu maior atrativo é poder transformar o grupo de dados originais em outro facilmente interpretável, preservando, o quanto for possível, a configuração original dos dados e concentrando uma grande parte da variação dos dados originais nos primeiros eixos, chamados de componentes principais. Sendo que os últimos eixos contêm

pouca variação dos dados originais podendo assim ser descartados sem grandes perdas de informações.

A primeira técnica, proposta por Mandel (1971), é denominada de AMMI, que combina, em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação $G \times A$ (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Annicchiarico (2002) acrescenta os autores Bradu e Gabriel (1978), Gollob (1968) e Williams (1950), como contribuidores para o desenvolvimento da metodologia de Mandel (1971). Entretanto, seu uso na pesquisa agrícola foi proposta por Kempton (1984) e Zobel et al. (1988), mas tornou-se difundida após a monografia de Gauch (1992).

Yan et al. (2000) propõem um novo método denominado de GGE Biplot, que une os efeitos principais do genótipo (G) com os efeitos multiplicativos da interação $G \times A$ (GA). Segundo Cubero e Flores (2002) o método GGE Biplot vem recebendo numerosos comentários positivos dos principais biometristas como Crossa, Gauch e Hunt que acabaram por dedicar um capítulo ao método GGE Biplot na nova edição do seu livro que trata das técnicas de análises sobre interação $G \times A$. O método GGE Biplot vem chamando a atenção de melhoristas de plantas e agrônomos como nenhuma outra técnica o fez (KANG, 2003).

Essas duas técnicas predominam no meio científico atual e são alvos de muitas comparações entre elas e com outras técnicas univariadas, gerando uma série de contradições, pois ora um artigo informa a superioridade de uma ora da outra, a depender do autor. Gauch (2006) diz que para o entendimento e comparação entre as técnicas, AMMI e GGE, o conhecimento em diversas teorias são necessárias. E nesse mesmo artigo o autor descreve toda a hierarquia estatística que culminou na criação dessas duas técnicas (1901 - SDV (Decomposição em valores singulares), 1918 - AOV, utilização das duas

metodologias no mesmo estudo (1923 – separadamente – e 1952 – uso combinado) e primeiro artigo na área agrícola em 1984). Gauch (2006) diz que devido à dificuldade dos cálculos envolvendo o método SDV, que envolve processos iterativos, sua utilização só se tornou difundida a partir da década de 60 do século XX com o advento dos computadores.

A base para as técnicas de análise da interação GxA que são realizadas por análise de componentes principais (PCA) é a SDV. Ela resume a variação contida numa matriz $n \times m$ em poucos vetores contendo a maior parte da variação contida no conjunto de dados e com isso podendo ser facilmente interpretada em um gráfico Biplot. Existem numerosas variantes da PCA a depender do procedimento previamente aplicado aos dados antes de ser submetido à análise SDV (GAUCH, 2006). Entre as variantes da PCA estão o GM-centered PCA ($Y_{ij}-\mu$), *environment-centered* PCA ($Y_{ij}-\beta_j$), que é a metodologia GGE e *Double-centered* PCA ($Y_{ij}-\alpha_i-\beta_j+\mu$), que é a metodologia AMMI (GAUCH, 2006). Com isso, e com base no modelo básico, foram desenvolvidas as técnicas AMMI e GGE. As duas técnicas combinam a ANOVA para a parte dos efeitos aditivos e SDV para a parte multiplicativa (GAUCH, 2006). Para um melhor entendimento da parte multiplicativa serão apresentadas a seguir as principais nuances para cada método.

O modelo completo para a metodologia AMMI, apresentado em várias literaturas, é dada por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^a \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (2)$$

em que:

Y_{ij} é o valor médio observado do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente;

μ é a média geral dos experimentos;

g_i e a_j são os efeitos genotípicos e ambientais, respectivamente;

$(ga)_{ij}$ é a interação genótipos por ambientes e é representado por

$$\sum_{k=1}^a \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \rho_{ij} \quad (3)$$

k : é o *rank* do componente principal, $k = 1 \dots a$;

λ_k : valor singular do k -ésimo componente principal (PC), com $\lambda_1 > \lambda_2 > \dots > \lambda_a$. λ_k ao quadrado resulta na soma de quadrados explicada pelo k -ésimo componente principal;

γ_{ik} e α_{jk} : vetor singular do genótipo i e ambiente j , respectivamente, do k -ésimo componente principal;

ρ_{ij} é o erro do ajuste do modelo multiplicativo;

e ε_{ij} é o erro experimental médio.

Assumindo as restrições

$$\sum_i g_i = \sum_j a_j = \sum_i (ga)_{ij} = \sum_j (ga)_{ij} = 0 \quad (4)$$

A diferença entre as técnicas AMMI e GGE é que a primeira aplica a SVD nos dados originais (Y_{ijr}) subtraído do efeito genotípico (g_i) e do efeito ambiental (α_j), com a necessidade da adição da média geral (μ), pois foi removida duas vezes. No entanto o GGE Biplot aplica a SDV nos dados originais subtraído do efeito ambiental (α_j), o que automaticamente remove a média geral (μ).

O modelo geral GGE biplot é

$$Y_{ij} - \alpha_j = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \varepsilon_{ij} \quad (5)$$

onde,

Y_{ij} é o valor observado do genótipo i ($i=1,\dots,g$) no ambiente j ($j=1,\dots,a$), e os demais parâmetros tem a mesma descrição já apresentada no modelo AMMI acima.

Pode-se notar que podem ocorrer k componentes principais para o modelo multiplicativo e com isso os inúmeros modelos AMMI ou GGE Biplot são possíveis a depender do número de componentes principais que apresentaram significância. No modelo AMMI podem ocorrer desde o AMMI0 (modelo aditivo, ou seja, nenhum PC significativo) até AMMIF (todos os PCs significativos) (ANNICCHIARICO, 2002), sendo F igual ao menor posto da matriz de dados da interação. Quando é utilizado o modelo completo (Denominados de AMMIF ou GGEF) o efeito ρ_{ij} não faz mais parte do modelo. Entretanto, se esses modelos têm muitos eixos significativos, sua interpretação torna-se muito complexa. Outra diferença entre as duas metodologias é que o GGE Biplot apresenta, no seu modelo padrão, sempre os dois primeiros componentes principais, enquanto que o AMMI pode apresentar uma combinação de dois a dois componentes principais que foram considerados significativos. Entretanto, sabe-se que uma análise AMMI com mais de três componentes apresenta grande dificuldade de interpretação, sendo assim os pesquisadores optam pela apresentação até esse nível.

Resumidamente, a diferença entre as equações do modelo AMMI e GGE é que AMMI subtrai o efeito genotípico, e GGE não o faz, antes de realizar a análise SDV. Consequentemente acarretará em diferentes valores para os parâmetros multiplicativos encontrados nas análises SDV por utilizar diferentes matrizes de dados (GAUCH et al., 2008). Segundo Yan e Kang (2003), a não remoção do efeito genotípico do modelo GGE Biplot ($G + GA$) é indicada, pois são duas fontes de variação que são relevantes para avaliação das cultivares, principalmente em estudos nos programas de melhoramento.

Vários artigos têm sido publicados a respeito dessas técnicas multivariadas. Contudo, três publicações merecem atenção pela robustez das discussões geradas (GAUCH, 2006; GAUCH; PIEPHO; ANNICCHIARICO, 2008; YAN et al., 2007). Gauch (2006) apresenta toda a teoria envolvendo as duas metodologias de uma forma bem elucidativa, sendo um excelente material de estudo sobre as técnicas. Após apresentar uma revisão sobre as técnicas o autor defende que para uma real comparação entre as técnicas deve-se, primeiro e principalmente, saber qual efeito está sendo capturado em cada PC. O AMMI apresenta, devido ao seu modelo, somente os efeitos da interação GxA nos PCs apresentados, o GGE apresenta tanto o efeito genotípico quanto da interação GxA. Nesse caso, gerando diversas possibilidades para o GGE, considerando apenas dois PC.

A superioridade do AMMI, segundo Gauch (2006), não é estatisticamente e sim agronomicamente, pois o AMMI separa genótipo, ambiente e a interação analisando-os de forma diferente, pois eles representam desafios e oportunidades diferentes e têm diferentes implicações para os objetivos da pesquisa agrícola. Como exemplo, o autor utiliza duas situações onde: 1) pesquisas realizadas em plantas, incluindo os trabalhos de melhoramento, seus estudos são focados nos efeitos G e GxA; 2) pesquisas na área das Ciências dos Solos focam nos efeitos de ambiente e na interação. Outro comentário do autor é que nem sempre os modelos que contêm os primeiros componentes principais são os mais acurados. E como o GGE usa como padrão de apresentação o GGE2, nem sempre sendo o mais acurado. Concluindo que o modelo GGE2 nem sempre é a melhor escolha para otimizar a acurácia. Entretanto, no caso do AMMI, ele apresenta qualquer modelo da família, a depender dos números de eixos considerados significativos nas análises.

Yan et al. (2007) apresentam uma revisão sobre essas duas técnicas. Os autores subdividem seu artigo em três pontos que classificam como de maior

interesse nas análises da interação GxA: i. análises de Mega-ambientes; ii. teste de avaliação ambiental e iii. avaliação genotípica. Para o primeiro ponto, os autores relatam que, sob os vários aspectos, GGE Biplot é mais vantajoso que AMMI. Primeiro, o GGE explica sempre mais variação G+GA que AMMI e é, portanto, mais acurado. Segundo, o GGE apresenta uma variante gráfica chamada 'quem-venceu-onde' (*Which-Won-Where*) que é uma efetiva ferramenta visual para identificar os Mega-ambientes, o que não é facilmente visualizado no AMMI1, principalmente quando muitos genótipos e ambientes são testados, como proposto por Abdon e Gauch (2002). Apesar de Gauch (2006) afirmar a superioridade do AMMI por separar e analisar de forma distinta os efeitos de ambiente, genótipo e interação entre eles, Yan et al. (2007) defendem que esse fato não conduz à conclusão de superioridade. Em todo o texto, esses autores exaustivamente comentam da superioridade do GGE sobre o AMMI para a captura dos efeitos de G+GA nos primeiros eixos dos gráficos, o que é ratificado em outros trabalhos (BALESTRE et al., 2009a, 2009b; OLIVEIRA et al., 2010). Para Yan et al. (2007), separar G de GA é uma manipulação matemática que nem sempre é apoiada por evidências biológicas. E que a sua utilização em conjunto no GGE não é um erro como afirma Gauch (2006) e sim intencional, não uma fraqueza e sim uma vantagem. Com isso, a interação GxA é o efeito do comportamento diferenciado do conjunto gênico por meio dos ambientes. Partindo desse pressuposto, a separação de G e GxA não se mostra realmente interessante, do ponto de vista biológico.

Fazendo uma analogia com as análises dialélicas, em que G é similar ou igual à Capacidade Geral de Combinação e GxA é similar ou igual à Capacidade Específica de Combinação, levar em consideração apenas a GxA traria informação sobre a combinação específica do genótipo com o ambiente sem levar em consideração a capacidade geral do indivíduo com todos os ambientes. Já utilizando G+GxA, tanto a capacidade específica do genótipo com o

ambiente, quanto a capacidade geral desse indivíduo com a gama de ambientes analisados seriam levados em consideração.

Outro ponto debatido por Gauch (2006) é referente ao GGE ter como padrão a plotagem dos dois primeiros eixos, os quais nem sempre se mostram como modelo mais acurado. Para rebater essa afirmativa, Yan et al. (2007) fazem três questionamentos “a acurácia encontrada no melhor modelo é realmente necessária?”, “as recomendações são feitas com base nos melhores modelos?” e “performances futuras são exatamente como previstas pelo melhor modelo?”. Para rebater a afirmação de Gauch (2006) e responder aos questionamentos, os autores utilizam trabalhos do próprio Gauch onde, os melhores modelos (mais acurados) encontrados foram o AMMI2 e AMMI7 e, no entanto o AMMI1 é que foi utilizado para a recomendação de cultivares e classificação ambiental. É sabido que modelos que utilizem mais de três eixos são complexos na sua interpretação. Outro ponto é que essas técnicas foram propostas para capturar a variação do conjunto de dados em um pequeno número de eixos que tenham a maior parte dos efeitos, deixando para os últimos eixos pouca variação e muito ruído. Então justificar que o GGE2 (Padrão) não é sempre a melhor escolha do ponto de vista da acurácia de seleção é o mesmo que ir contra a proposta dos métodos.

Em tréplica, Gauch, Piepho e Annicchiarico (2008) rebatem o que classificam como os criticismos de Yan et al. (2007) e seus vários erros. Como relatam os autores, esse artigo não é uma revisão de literatura e sim um foco em Yan et al. (2007). Segundo os autores, a quantidade de G+GA capturado sempre segue a regra de que $AMMI1 < GGE2 < AMMI2$, rebatendo ao relatado anteriormente por Yan et al. (2007). Como argumento, os autores demonstram três exemplos em que AMMI2 é superior ao GGE2 na proporção dos efeitos capturados e relatam que em raros casos isso se torna falso. Outro ponto classificado por Yan et al. (2007) é a superioridade, seja por facilidade de

interpretação ou qualidade gráfica, do gráfico 'quem-venceu-onde' na identificação dos Mega-ambientes. Gauch, Piepho e Annicchiarico (2008) rebatem veemente as afirmativas de Yan et al. (2007) apresentando três gráficos que segundo os autores fazem a função tão bem quanto, ou até com maior facilidade de interpretação na classificação ambiental. Os autores foram além, e apresentaram um gráfico similar ao gráfico 'quem-venceu-onde' e demonstraram a superioridade na captura do G e GA (86,7%), em detrimento do GGE (78,0%).

Apesar dessa batalha particular, que envolve diversas personalidades como Gauch, Piepho e Annicchiarico em defesa do AMMI e Yan, Kang e Cornelius em defesa do GGE, pode-se observar que ambas as técnicas tem suas vantagens e desvantagens. As duas são baseadas na SDV e divergem apenas no pré-tratamento realizado nos dados. O uso de uma ou outra acaba sendo uma escolha ideológica, já que as duas executam com primor a sua função, como observado por Asfaw et al. (2009) e Namorato et al. (2009).

Outra técnica que foi idealizada no início do século passado, e que apresentou as mesmas dificuldades iniciais da SVD, é a Análise de Fatores (AF). Essa técnica tem o mesmo princípio que as utilizadas no AMMI e GGE, que é a redução do número de variáveis para facilitar a interpretação. Muitos dos seus exemplos iniciais foram realizados nas áreas da psicologia e ciências sociais, na tentativa de identificar os fatores relacionados com a inteligência humana e ligá-los, de algum modo, à etnia (SARTORIO, 2008).

O modelo para AF em uma dada situação com n variáveis (ambientes) pode ser expresso da seguinte forma:

$$(Y_j - \alpha_j) = \beta_{j1}F_1 + \beta_{jm}F_m + \varepsilon_j, j = 1, \dots, n, \quad (6)$$

onde: Y_j são variáveis respostas originais; α_j são as médias das variáveis (média ambiental); F_i são os fatores comuns e explicam as correlações entre as variáveis, sendo $i = 1, 2, \dots, n$; β_{ij} são as cargas fatoriais, que refletem a

importância do fator i na explicação da variável j ; e ε_j é erro aleatório, que capta a variação específica (ou fator específico) da variável Y_j não explicada pela combinação linear das cargas fatoriais com os fatores comuns.

Embora utilizem as mesmas ferramentas matemáticas, as técnicas de AF e PCA não devem ser confundidas como técnicas de respostas similares. A diferença entre as duas técnicas é a filosofia do modelo. AF impõe um número fixo de fatores a serem utilizados, enquanto que o PCA determina p fatores, onde p é o número de fatores significativos (HÄRDLE; SIMAR, 2012). Sendo o principal fator (primeiro eixo) no PCA aquele que contém a maior porção da variação dos dados. E o mais importante fator para AF (após rotação) é o que apresente a máxima interpretação (HÄRDLE; SIMAR, 2012). Segundo Everitt (2005), a alteração no número de fatores a serem considerados na AF podem alterar substancialmente os valores de cada fator.

A base ideológica da AF é que os fatores podem ser condensados devido à sua alta correlação entre eles, isto é, todas as variáveis dentro de um particular grupo (Fator) sejam altamente correlacionadas entre si, mas tenham correlações relativamente pequenas com variáveis em grupos diferentes. Ou seja, dentro de cada fator estará contido os ambientes altamente correlacionados entre si e pouco correlacionados com os outros ambientes. Podendo-se reduzir o número de ambientes a serem utilizados nos experimentos de seleção de genótipos, eliminando aqueles ambientes que tenham respostas de mesma magnitude.

A AF é utilizada nas ciências agrárias principalmente nos estudos de estratificação ambiental, permitindo reduzir um número elevado de variáveis originais a um pequeno número de variáveis abstratas, também chamadas de fatores (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Murakami e Cruz (2004) propõem a utilização da AF aplicada à matriz dos dados fenotípicos ajustados por ambientes para estudos da interação GxA. Outros trabalhos apresentados seguindo ao proposto por Murakami e Cruz (2004) foram realizados por Fritsche

Neto et al. (2010), Garbuglio et al. (2007), Hardner et al. (2011), Mendonça et al. (2007), Meyer (2009) e Ribeiro e Almeida (2011). Poucas publicações sobre AF utilizada para fins de estudo na interação GxA são encontradas na literatura. Sua recente popularização ocorreu, do mesmo modo que aconteceu para o AMMI e GGE, devido à popularização do computador e da sua capacidade de cálculo, fazendo com que técnicas outrora propostas sejam revistas, adaptadas e amplamente utilizadas.

Segundo Garbuglio (2010) a análise de adaptabilidade baseada na análise de fatores é realizada graficamente por meio dos escores em relação aos fatores. Para isso, são traçados eixos paralelos, tomando-se a média dos escores, de modo a estabelecer quatro quadrantes. Garbuglio et al. (2007) relatam que nos quadrantes II e IV ficam situados aqueles genótipos com adaptabilidade específica ao grupo de ambientes determinados pelo fator. No quadrante I ficaram situados aqueles genótipos de adaptabilidade ampla e, no quadrante III, os genótipos ruins, de baixo desempenho e passíveis de descarte ou não indicação para cultivo.

Embora essas técnicas sejam amplamente utilizadas atualmente, elas são contestadas por diversos autores pelo fato dessas análises considerarem os efeitos genotípicos como fixo. O que, de acordo com Resende (2007), é um tanto limitante para a análise dos experimentos que apresentam desbalanceamentos dos dados, delineamentos não ortogonais e heterogeneidade das variâncias entre os vários ambientes de experimentação, situações essas, muito comuns nos experimentos de VCU. Ainda segundo Resende (2007), o uso dos modelos mistos é mais vantajoso aos propósitos do melhoramento quando se considera os efeitos genéticos como aleatórios visando obter os BLUPs (Melhor preditor linear não viesado) dos referidos efeitos. A associação das técnicas de análises multivariadas com os modelos mistos é importante para as análises de múltiplos

experimentos; experimentos com múltiplos caracteres e, em alguns casos, de medidas repetidas (RESENDE, 2007).

Seguindo o mesmo pensamento, Piepho (1997, 1999) propôs adaptar algumas metodologias tradicionais aos modelos mistos. Entre estas metodologias estão Eberhart e Russel (1966) e Shukla (1972) e uma variante do AMMI considerando os genótipos como fixos e ambientes como aleatórios. Entretanto para os propósitos do melhoramento de plantas é mais vantajoso analisar os genótipos como aleatórios, visando à obtenção dos BLUP's genotípicos, e da interação GxA, os quais não foram considerados nos casos acima. Buscando sanar esse problema, Piepho (1998) apresenta o Modelo do Fator Analítico Multiplicativo Misto (FAMM), que é análogo ao modelo AMMI, porém considerando os efeitos genotípicos como aleatórios. Outras opções relatadas por Resende (2007) seriam a utilização do Modelo Linear Misto Multivariado (MLMM) e a análise de componentes principais sob os modelos mistos (PCAM). Melhores detalhes sobre essas técnicas baseadas nos modelos mistos são disponibilizados em Resende (2007).

Apesar das vantagens desses métodos (FAMM, MLMM e PCAM), eles apresentam o mesmo obstáculo que enfrentaram as técnicas baseadas em SDV e AF à época da sua idealização, falta de recursos computacionais para a sua execução pelo público em geral. Resende (2007) relata como a principal desvantagem do MLMM seu elevado custo computacional. Sendo assim, essas técnicas estão disponíveis apenas para os detentores de conhecimento sobre programações avançadas no SAS, R ou outros *softwares*. Para que essas metodologias sejam amplamente utilizadas devem ser disponibilizados *softwares* que a executem sem muitas dificuldades para o usuário, como hoje são disponibilizados para as análises univariadas de estabilidade e adaptabilidade, bem como as multivariadas AMMI e GGE.

Garbuglio (2010) propõe uma modificação no trabalho de Mirakami e Cruz (2004) em sua tese. Sua Proposta denominada de FGGA é a aplicação da análise de fatores em uma matriz dos efeitos genotípicos somados aos efeitos da interação GxA estimados via mínimos quadrados ordinais. Mas, como é de conhecimento do meio acadêmico a melhor solução para a estimativa dos efeitos genotípicos e da interação GxA são obtidos por meio da metodologia REML/BLUP. A grande vantagem de utilizar os BLUP's no lugar das médias fenotípicas ajustadas é que os BLUP's contêm menos ruídos. Consequentemente ao utilizá-los na matriz para a realização de análises de adaptabilidade e estabilidade resultariam em maior acurácia e captura de maior porção da variação nos primeiros eixos do gráfico. Sendo assim, as matrizes que serão utilizadas para as análises AMMI irão conter somente os BLUP's da interação GxA (GA) obtidos na análise conjunta mista e para as análises GGE a matriz conterá os BLUP's genotípicos somados aos BLUP's da interação GxA (G+GA) também obtidos da análise conjunta via REML/BLUP, considerando os ambientes como fixo e genótipos e a interação GxA como aleatórios.

Assim, uma alternativa intermediária, devido à falta de recursos computacionais para utilizar os modelos FAMM, MLMM e PCAM, é a utilização dos BLUP's genotípicos e/ou BLUP's da interação, estimados na análise conjunta via REML/BLUP, no lugar do valor fenotípico ajustado, recentemente propostos nas análises AMMI, GGE. Dois grupos de trabalhos podem ser identificados, um que segue o proposto por Piepho (1999), considerando os efeitos genotípicos como fixo e o outro que considera os efeitos genotípicos como aleatórios. Análises que consideraram os efeitos genotípicos como fixos foram estudados por Dehghani, Sabaghnia e Moghaddam (2009), Gordón-Mendoza; Franco-Barrera; Camargo-Buitrago (2010), Hardner et al. (2011) e Raman et al. (2011) e estudos onde os efeitos genotípicos foram

considerados aleatórios foram realizados por Balestre et al. (2009b), Correia et al. (2010), Costa et al. (2002) e D'Andrea, Otegui e Vega (2008).

Em contrapartida, todos os trabalhos baseados na técnica proposta por Murakami e Cruz (2004) utiliza a matriz de médias fenotípicas ajustadas, o que pode levar a inferências equivocadas tanto na adaptabilidade das cultivares avaliadas quanto no processo de estratificação ambiental, devido ao ruído presente na interação $G \times A$, implicando também em um número elevado de fatores, dependendo da natureza das variáveis a serem consideradas no agrupamento (GARBUGLIO, 2010). No mesmo sentido ao exposto sobre o AMMI e GGE, a utilização dos modelos mistos para a retirada dos ruídos contidos nos dados fenotípicos originalmente utilizados para a realização dessas análises trará vantagens adicionais e resultados mais acurados. Além do exposto, Garbuglio (2010) utiliza os $G+GA$ obtidos via mínimos quadrados ordinais, que não é a melhor opção para estimar os efeitos. Sobre esses preceitos propõe-se a utilização da AF na matriz de $G+GA$ obtidas via REML/BLUP.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2nd ed. New York: J. Wiley, 1999. 264 p.

ANNICCHIARICO, P. **Genotype × Environment Interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations**. Rome: Food and Agricultural Organization, 2002. 115 p.

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

ARAUJO, L. B. et al. Gráficos biplot e joint plot para o estudo da interação tripla. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 4, p. 833-839, abr. 2010.

ASFAW, A. et al. AMMI and GGE Biplot analysis for matching varieties onto soybean production environments in Ethiopia. **Scientific Research and Essay**, Nairobi, v. 4, p. 1322-1330, 2009.

BABIĆ V. et al. Understanding and utilization of genotype-by-environment interaction in maize breeding. **Genetika**, Beograd, v. 42, n. 1, p. 79-90, 2010.

BALESTRE, M. et al. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 9, p. 123-1135, 2009b.

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

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

BERNAL, E. F.; VILLARDON, P. G. **GGEbiplotGUI**: interactive GGE Biplots in R. Salamanca, Spain. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplotGUI>>. Acesso em: 21 jan. 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: UFV, 2009. 547 p.

BORGES, L. C. et al. Emprego de metodologias de avaliação da estabilidade fenotípica na cultura do feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 47, p. 89-102, 2000.

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Associação entre métodos de adaptabilidade e estabilidade em milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 2, p. 340-347, mar./abr. 2009.

CORREIA, I. et al. Genotype \times Environment interactions in Pinus pinaster at age 10 in a multi-environment trial in Portugal: a maximum likelihood approach. **Annals of Clinical and Laboratory Science**, Philadelphia, v. 67, p. 612, 2010.

COSTA, R. B. et al. Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype \times environment interaction in rubber tree (Hevea) breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 1, p. 131-140, 2002.

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

CRUZ, C. D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2007. Disponível em: <<http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm>>. Acesso em: 8 jul. 2010.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 1994. 390 p.

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

D'ANDREA, K. E.; OTEGUI, M. E.; VEGA, A. Multi-attribute responses of maize inbred lines across managed environments. **Euphytica**, Wageningen, v. 162, p. 381–394, 2008.

DEGHANI, H.; SABAGHNIA, N.; MOGHADDAM, M. Interpretation of genotype-by-environment interaction for late Maize Hybrids' Grain Yield using a biplot method. **Turkish Journal of Agriculture & Forestry**, Turkey, v. 33, p. 139-148, 2009.

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

EVERITT, B. S. **An R and S-Plus companion to multivariate analysis**. New York: Springer, 2005. 221 p.

FLORES, F. et al. Genotype-environment interaction in faba bean: comparison of AMMI and principal coordinate model. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 47, p. 117-127, 1992.

FLORES, F.; MORENO, M. T.; CUBERO, J. I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze environments. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 56, p. 271–286, 1998.

FRITSCH NETO, R. et al. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype \times environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 5, p. 1043-1048, 2010.

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

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

GARBUGLIO, D. D. et. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 183-191, 2007.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Hangzhou: China National Rice Research Institute, 1992.

GAUCH, H. G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, Madison, v. 46, p. 1488–1500, 2006.

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 866–889, 2008.

GORDÓN-MENDOZA, R.; FRANCO-BARRERA, J.; CAMARGO-BUITRAGO, I. Adaptabilidad y estabilidad de 20 variedades de maíz, Panamá. **Agronomía Mesoamericana**, Costa Rica, v. 21, n. 1, p. 11-20, jan./jun. 2010.

HÄRDLE, W.; SIMAR, L. **Applied multivariate statistical analysis**. 3rd ed. Heidelberg: Springer Verlag, 2012. 539 p.

HARDNER, C. M. et al. Identifying deployment zones for *Eucalyptus camaldulensis* x *E. globulus* and x *E. grandis* hybrids using factor analytic modelling of genotype by environment interaction. **Australian Forestry**, Queen Victoria, v. 74, p. 30-35, 2011.

INTERNATIONAL BUSINESS MACHINES. **IBM SPSS Statistics for Windows**: version 21.0. Armonk, 2012.

KANDUS, M. et al. Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). **Phyton**, Buenos Aires, v. 79, n. 1, p. 1851-5657, 2010.

KANG, M. S. **Handbook of formulas and software for plant geneticists and breeders**. Minnesota: Food Products, 2003. 347 p.

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

LAFFONT, J. L.; HANAFLI, M.; WRIGHT, K. Numerical and graphical measures to facilitate the interpretation of GGE Biplots. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 990–996, 2007.

MALLA, S. et al. Comparison of shifted multiplicative model, rank correlation, and biplot analysis for clustering winter wheat production environments. **Euphytica**, Wageningen, v. 174, p. 357–370, 2010.

MENDIBURU, F. **Agricolae**: statistical procedures for agricultural research. R package version 1.1-4. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=agricolae>>. Acesso em: 21 jun. 2013.

MENDONÇA, O. et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, p.1567-1575, 2007.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 41, p. 21, 2009.

MIRANDA, G. V. et al. Multivariate analyses of genotype x environment interaction of popcorn. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n.1, p. 45-50, Jan. 2009.

MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Analysis of genotype \times environment interactions for grain yield in durum wheat. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1177–1186, July/Aug. 2009.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, p. 7-11, 2004.

NAMORATO, H. et al. Comparing biplot multivariate analyses with Eberhart and Russel method for genotype x environment interaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, p. 299-307, 2009.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.10, n. 3, p. 247-253, Sept. 2010.

PACHECO, R. M. et al. Use of supplementary genotypes in AMMI analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 110, p. 812-818, 2005.

PEREIRA, H. S. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, p. 29-37, 2009.

PIEPHO, H. P. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative effects. **Biometrics**, Washington, v. 53, p. 761–766, 1997.

PIEPHO, H. P. Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor analytic variance-covariance structures. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, p. 195–201, 1998.

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

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

RAMALHO, M. A. P. et al. **Competências em melhoramento genético de plantas no Brasil**. Viçosa, MG: Arka, 2010.104 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; RIGHETTO, G. U. Interação de cultivares de feijão por épocas de semeadura em diferentes localidades do Estado de Minas Gerais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, p. 1183-1189, 1993.

RAMAN, A. et al. Stability analysis of farmer participatory trials for conservation agriculture using mixed models. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 121, p. 450–459, 2011.

REA, R. et al. **AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela**. 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s12355-011-0070-8>>. Acesso em: 22 dez. 2011.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 435 p.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimento de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65 p.

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Brazilian Journal of Mathematics and Statistics** Hayward, v. 22, p. 31-52, 2004.

RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.

SABAGHNIA, N.; SABAGHPOUR, S. H.; DEHGHANI, H. The use of an AMMI model and its parameters to analyse yield stability in multi-environment trials. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 146, p. 571–581, 2008.

SAMONTE, S. O. P. B. et al. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE Biplot analyses. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 2124-2424, Nov./Dec. 2005.

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas de análises multivariadas em experimentos agropecuários usando o software R**. 2008. 130 p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrícola) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT**: user's guide: version 8. Cary, 1999.

SILVA FILHO, J. L. et al. Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e estabilidade produtiva em algodoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, p. 349-355, 2008.

SILVA, G. O. et al. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, Sept. 2011.

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

THOMAS, J.; MICHAEL, P. Statistica. In: SALKIND, N. (Ed.). **Encyclopedia of research design**. Thousand Oaks: Sage, 2010. p. 1443-1445.

YAN, W. et al. Cultivar evaluation to principal component analysis. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 597-605, 2000.

YAN, W. et al. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 643-665, 2007.

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

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC, 2003. 286 p.

ZENI NETO, H. et al. Seleção para produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar em três ambientes no Estado do Paraná via modelos mistos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 9, p. 425-430, 2008.

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

SEGUNDA PARTE - ARTIGOS

**ARTIGO 1: Análise de fatores aplicada à matriz G+GA via REML/BLUP
para dados Multiambientes**

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi propor uma modificação no método de Murakami e Cruz (2004), utilizando a análise de fatores diretamente na matriz contendo os efeitos genotípicos somados aos efeitos da interação genótipos x ambientes (G+GA), preditos via REML/BLUP (FGGAA), com a finalidade de se proceder à estratificação ambiental e estudos da adaptabilidade genotípica. Como exemplo, foram utilizados dados de 36 linhagens de feijoeiro do Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Lavras avaliadas em 15 ambientes. Todas as análises foram realizadas pelo software R 2.15.2. Pode-se agrupar pelo método FGGAA 46,7% dos ambientes avaliados, sendo formado dois grupos de ambientes, um com 4 ambientes e outro grupo com três ambientes. As linhagens plotadas no quadrante 1 apresentaram altos valores genéticos e as linhagens agrupadas no quadrante três são as menos favoráveis à recomendação. A técnica FGGAA apresenta fácil interpretação, facilitando a identificação dos Mega-Ambientes e também recomendação das novas cultivares com ampla adaptabilidade.

Palavras-chave: Análise multivariada. Adaptabilidade. Estratificação Ambiental. REML/BLUP.

ABSTRACT

The aim of this study was to propose a modification in the Murakami e Cruz (2004) method using factor analysis directly on the matrix containing the genotypic effects added to the effects of the genotype x environment interaction (G+GA), predicted via REML/BLUP (FGGAA), for the purpose of proceeding with environmental stratification and studies of genotypic adaptability. As an example, we used data from 36 lines of common bean from the Breeding Program of the Universidade Federal de Lavras (Lavras, MG, Brazil) evaluated in 15 environments. All the analyses were carried out through the software R 2.15.2. The RFGGE method allows grouping of 46.7% of the environments evaluated, forming two groups of environments, one with four environments and the other group with three environments. The lines plotted in quadrant 1 exhibited high genetic values and the lines grouped in quadrant 3 are the least favorable for recommendation. The RFGGE technique is easily interpreted, easing identification of the Mega-Environments and also recommendation of the new cultivars with broad adaptability.

Keywords: Multivariate analysis. Adaptability. Environmental Stratification. REML/BLUP.

1 INTRODUÇÃO

Nas atividades dos programas de melhoramento, o melhorista consistentemente se depara com o fenômeno da interação genótipos por ambientes (GxA), especialmente nas fases de avaliação de genótipos para a recomendação aos produtores. Esse grupo de genótipos passa por uma avaliação bastante criteriosa, envolvendo mais repetições, anos agrícolas, locais e safras. Nesses momentos, quando os genótipos são avaliados em ensaios Multiambientes, surge a necessidade de estudos sobre a interação GxA.

Para Borém e Miranda (2009), a interação G x A é um importante e desafiante fenômeno para melhoristas e agrônomos que participam de ensaios envolvendo vários ambientes. Devido à sua grande importância, diversos métodos foram propostos para realizar o estudo da interação GxA. Babić et al. (2010) relatam que vários anos foram gastos tentando resumir os efeitos da interação GxA em apenas uma estatística univariada, apesar dela ser conceitualmente multivariada, e que os estudos recentes revelam que esse conceito deve ser abandonado. Para Silva et al. (2011), métodos recentes explicam adequadamente os efeitos principais (genótipos e ambientes) e a sua interação, podendo-se destacar as análises AMMI (ZOBEL et al., 1988) e GGE Biplot (YAN et al., 2000).

Outro método multivariado, proposto por Murakami e Cruz (2004), é a análise de fatores da matriz dos valores fenotípicos ajustados, dos genótipos nos ambientes testados. A partir disso diversos autores vêm fazendo uso desse método para realizar a estratificação ambiental. Ribeiro e Almeida (2011) comparando a estratificação ambiental por diferentes métodos concluíram que a análise de fatores é mais rigorosa e ponderam de maneira mais eficiente a magnitude da interação GxA. Garbuglio et al. (2007), assim como Murakami e

Cruz (2004), observaram a eficiência da estratificação ambiental pela análise de fatores e no estudo da adaptabilidade dos genótipos em Milho.

Diversos autores contestam essas técnicas multivariadas pelo fato de considerarem os efeitos genotípicos como fixos. O que, de acordo com Resende (2007), é um tanto limitante para a análise dos experimentos que apresentam desbalanceamentos dos dados e delineamentos não ortogonais, situações muito comum nos ensaios Multiambientais. O uso dos modelos mistos é mais vantajoso aos propósitos do melhoramento quando se consideram os efeitos genéticos como aleatórios visando obter os BLUPs (Melhor preditor linear não viesado) dos referidos efeitos (RESENDE, 2007).

Buscando sanar esse problema, Piepho (1999) propôs o modelo Fator Analítico Multiplicativo Misto (FAMM), análogo ao AMMI, porém considerando os efeitos genotípicos como aleatórios. Outras opções relatadas por Resende (2007) são o modelo Linear Misto Multivariado (MLMM) e a análise de componentes principais sob os modelos mistos (PCAM). Entretanto, essas três técnicas recaem sobre a falta de recursos computacionais disponíveis para obter a convergência, devido seu elevado custo computacional. Uma alternativa intermediária é a utilização dos BLUP's genotípicos e/ou BLUP's da interação, estimados na análise conjunta via REML/BLUP, no lugar do valor fenotípico ajustado, recentemente propostos nas análises AMMI, GGE.

Garbuglio (2010) propõe a utilização da análise de fatores na matriz contendo G+GA, obtidos via mínimos quadrados ordinais (FGGA). Entretanto, essa não é a melhor escolha para estimar os efeitos genotípicos e da interação GxA. Sobre essa ótica, o objetivo do trabalho é propor uma modificação no método de Murakami e Cruz (2004) utilizando a análise de fatores com uma matriz dos efeitos genotípicos (g) somados aos efeitos da interação GxA (ga) preditos via modelos mistos (REML/BLUP) para o estudo da adaptabilidade e estratificação ambiental.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Experimentos

Os dados utilizados neste trabalho foram oriundos do programa de melhoramento do feijoeiro da Universidade Federal de Lavras. As linhagens fazem parte do grupo elite do programa e avaliadas no período de 2006 a 2008 em três locais (Lavras, Lambari e Patos de Minas) e três safras agrícolas (Águas – Plantio de outubro a novembro, Seca – plantio de fevereiro a março e Inverno – Plantio de julho a agosto) totalizando 15 combinações locais. Nesses experimentos foram avaliadas 36 linhagens (Tabela 1) em delineamento látice quadrado parcialmente balanceado com três repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 4,0m e a variável coletada foi produção, em gramas por parcela.

Tabela 1 Linhagens de feijoeiro avaliadas nos experimentos elites no biênio 2006-2008 e seus respectivos códigos para a representação gráfica

Código	Linhagem	Código	Linhagem	Código	Linhagem
1	CARIOCA	13	MA-III-17-185	25	P18-163
2	CARIOCAMG	14	MAIII-17-179	26	P18-171
3	CVIII-1	15	MAIII-9-91	27	P5-7
4	CVIII-2	16	MAIV-15-203	28	PEROLA
5	CVIII-3	17	MAIV-15-204	29	RCII-10-26
6	CVIII-4	18	MAIV-18-259	30	RCII-14-22
7	CVIII-5	19	MAIV-18-264	31	RCII-14-27
8	CVIII-6	20	MAIV-18-266	32	RCII-2-19
9	CVIII-7	21	MAIV-18-524	33	RCII-2-2
10	FP-3-47	22	MAIV-8-102	34	RCII-2-21
11	FP-5-3	23	OURONEGRO	35	RCII-6-14
12	FP-5-9	24	P1-103	36	TALISMA

2.2 Análises Estatísticas

Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do Programa e Ambiente Estatístico R 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012). Os pacotes necessários para todas as análises deste trabalho foram o *lme4* (BATES; MAECHLER; BOLKER, 2011), *MixMod* (KUZNETSOVA; BROCKHOFF, 2012), *psych* (REVELLE, 2013) e *nFactors* (RAICHE; MAGIS, 2010).

2.2.1 Análises Individuais

Foram realizadas as análises de variância da produção de grãos em cada combinação ano-safra-local seguindo o modelo estatístico linear misto a seguir:

$$y = Xr + Zg + Wb + e, \quad (7)$$

em que: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos fixos de repetição somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos, sendo $g \sim NMV(0, I\sigma_g^2)$, b é o vetor dos efeitos de blocos, sendo $b \sim NMV(0, I\sigma_b^2)$, e é o vetor de erros, sendo $e \sim NMV(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas (X , Z e W) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As análises estatísticas individuais foram realizadas pela função *lmer* do pacote *lme4*. Os testes de significância dos efeitos aleatórios (X^2) do modelo foram realizados pelo pacote *MixMod* com a função *totalAnalysis* com o argumento *isRandReduce=TRUE*.

Após realizar todas as análises individuais verificou-se a homogeneidade das variâncias pelo teste prático baseado na estatística de Hartley, onde, aceitou-se a relação de 7:1 entre a maior e menor variância residual como experimentos homogêneos (BANZATTO; KRONKA, 2008; CRUZ; CARNEIRO, 2003).

A qualidade dos experimentos foi aferida pela estatística acurácia seletiva apresentada em Resende e Duarte (2007):

$$r_{g\hat{g}} = \sqrt{\frac{1}{1 + (\hat{\sigma}_e^2/b)/\hat{\sigma}_g^2}} \quad (8)$$

em que: $r_{g\hat{g}}$ é a acurácia de seleção, $\hat{\sigma}_e^2$ é a variância residual, $\hat{\sigma}_g^2$ é a variância genotípica, e b é o número de repetições

2.2.1 Análise conjunta

Devido à maioria dos experimentos indicarem a não significância do fator bloco (látice) optou-se por considerar os experimentos como DBC na análise conjunta. As análises estatísticas foram realizadas pelo pacote *lme4* com a função *lmer*. Os testes de significância dos efeitos aleatórios (Qui-Quadrado (χ^2)) do modelo foram realizados pelo pacote *MixMod* pela função *totalAnalysis* com o argumento *isRandReduce=TRUE*.

A análise foi realizada seguindo o modelo a seguir:

$$y = Xf + Zg + Kga + e, \quad (9)$$

em que: y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos fixos das combinações repetição-ambiente somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos, sendo $g \sim NMV(0, I\sigma_g^2)$, ga é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes, sendo $ga \sim NMV(0, I\sigma_{ga}^2)$ e e é o vetor de erros ou resíduos, sendo $e \sim NMV(0, I\sigma_e^2)$. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os valores de g e ga obtidos da análise do modelo simplificado foram utilizados para montar a matriz $g+ga$ para ser utilizada no estudo da análise de fatores.

2.3 Análise de fatores (AF) da matriz G+GA (FGGAA)

Neste estudo foi aplicada a análise de fatores na matriz dos $g+ga$ obtida na análise conjunta dos dados Multiambientes realizada via modelo misto. No lugar da matriz de dados fenotípicos ajustados foi utilizada a soma dos BLUP's do efeito genotípicos (g) aos BLUP's do efeito de interação (ga).

2.3.1 Número de fatores extraídos

Inicialmente foi realizada uma análise para determinar o número de fatores a serem extraídos. O método de Kaiser-Guttman tem como base o número de fatores igual ao número de autovalores maior ou igual a 1,0, sendo o mais utilizado nas análises de fatores para as ciências agrárias. Já o método do fator de aceleração indica onde o cotovelo do *scree plot* aparece. Ele corresponde à aceleração da curva, isto é, a segunda derivada (RAICHE; RIOPEL; BLAIS, 2006). Melhores detalhes dessas técnicas podem ser obtidas em Raiche, Riopel e Blais (2006) e no pacote '*nFactors*' (RAICHE; MAGIS, 2010).

A análise seguiu a rotina apresentada no APÊNDICE A.

2.3.2 Estratificação ambiental via análise de fatores

O modelo para AF em uma dada situação com n variáveis (ambientes) pode ser expresso da seguinte forma:

$$(Y_j - \alpha_j) = \beta_{j1}F_1 + \beta_{jm}F_m + \varepsilon_j, j = 1, \dots, n, \quad (10)$$

onde: Y_j são variáveis respostas originais; α_j são as médias das variáveis (média ambiental); F_i são os fatores comuns e explicam as correlações entre as variáveis, sendo $i = 1, 2, \dots, n$; β_{ij} são as cargas fatoriais, que refletem a

importância do fator i na explicação da variável j ; e ε_j é erro aleatório, que capta a variação específica (ou fator específico) da variável Y_j não explicada pela combinação linear das cargas fatoriais com os fatores comuns.

A análise de fatores foi realizada pelo pacote *psych* seguindo a rotina de análise apresentada no APÊNDICE A.

Para essa análise foi considerado o método de fatoração a máxima verossimilhança ($fm = "ml"$) por ser, provavelmente, o mais preferido e robusto. O método de rotação foi o "*varimax*", onde, maximiza a soma dos desvios quadrados dos carregamentos.

Os ambientes foram agrupados a partir da magnitude das cargas fatoriais finais obtidas após a rotação. Sendo que, cargas fatoriais acima de 0,70 representam ambientes com alta correlação com aquele grupo e baixa correlação com os demais, indicando que aqueles ambientes pertencem ao mesmo grupo.

2.3.3 Estabilidade genotípica

A estabilidade dos genótipos, com base na análise de fatores, é realizada por meio da análise gráfica, plotando os escores obtidos após rotação. A formação dos quadrantes é feita traçando-se eixos paralelos baseados na média dos escores. Nos quadrantes II e IV ficam situados os genótipos com adaptabilidade específica aos ambientes agrupados em cada fator. No quadrante I ficam situados os genótipos com adaptabilidade ampla, ou seja, são adaptados aos dois grupos de ambientes. E no quadrante III ficam situados os genótipos não adaptados ao grupo de ambientes definidos pelos fatores, sendo não recomendáveis àqueles ambientes.

O número de gráficos necessários para essa análise depende do número de fatores necessários para alcançar 80% da variação total. A rotina para realização da análise gráfica é apresentada no APÊNDICE A.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análises individuais e conjuntas

Nas análises individuais observou-se que 73,3% dos experimentos apresentaram não significância para o efeito de blocos dentro de repetições e por esse motivo esse efeito foi desconsiderado nas análises conjuntas (Tabela 2).

Tabela 2 Componentes de variâncias genotípicas e residuais obtidos das análises individuais e, respectivas, acurácias (r_{gg}), Lavras-MG, 2013

Ambientes	Componentes da Variância			r_{gg}
	Genotípica	Bloco	Residual	
A1	41580,00**	11426,00**	25627,00	0,91
A2	33835,00**	12773,00 ^{ns}	29800,00	0,88
A3	5602,90*	1105,60 ^{ns}	21061,60	0,67
A4	10737,92**	737,87 ^{ns}	21154,60	0,78
A5	10365,35**	445,55 ^{ns}	17225,37	0,80
A6	5233,80*	3080,00 ^{ns}	12302,90	0,75
A7	12367,00**	59742,00**	17497,00	0,82
A8	5893,00*	2534,60 ^{ns}	21720,80	0,67
A9	19534,00**	19116,00**	38168,00 ¹	0,78
A10	9506,00**	0,00 ^{ns}	22606,00	0,79
A11	17360,50**	368,75 ^{ns}	12292,02	0,90
A12	20004,80**	1392,20 ^{ns}	28520,60	0,82
A13	6819,90**	3743,40 ^{ns}	15508,20	0,75
A14	7900,90**	237,72 ^{ns}	12422,30	0,81
A15	11496,20**	10063,10**	9332,60 ²	0,89

Códigos das significâncias do teste χ^2 dos efeitos aleatórios **0,01, *0,05, ^{ns} > 0,05

As acurácias foram de magnitude acima de 0,75, sendo classificadas como alta a muito alta nas classes de precisão experimental de Resende e Duarte (2007), com exceção de A5 e A7 que apresentaram acurácias de 0,67, ou seja, precisão experimental moderada. O teste prático da homocedasticidade das variâncias residuais foi de 4,09, sendo aceito que os experimentos têm variâncias residuais similares.

Na tabela 3 são representados os resultados da análise conjunta. Os efeitos genotípicos e da interação genótipos por ambientes foram significativos pelo teste χ^2 , indicando que os genótipos se comportam de forma diferenciada entre os ambientes. Esse resultado justifica a necessidade de realizar uma estratificação ambiental. Essa estratificação tem como justificativa o direcionamento de esforços de um programa de melhoramento de plantas, financeiro e pessoal, em ambientes contrastantes, de forma que, a recomendação dos materiais adaptados e estáveis àquelas condições seja o mais acurado possível. Essa redução no número de ambientes a serem testados possibilita a inclusão de novos ambientes não contemplados ou experimentos com mais repetições nos ambientes já comumente testados obtendo-se resultados mais precisos.

Tabela 3 Componentes da variância e teste χ^2 para a significância dos efeitos aleatórios das análises conjunta, Lavras MG, 2013

Efeito aleatório	Comp. da Var.	LRT (χ^2)
Genótipos x Ambientes	7485,4**	65,6
Genótipos	5111,3**	82,8
Residual	27326,9	-

Códigos das significâncias do teste χ^2 dos efeitos aleatórios **0,01, *0,05, ^{ns} > 0,05

3.2 Número de fatores a serem extraídos

Na figura 1 é representado o resultado do número de fatores a serem extraídos pela análise de fatores de acordo aos métodos das coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela e Kaiser-Guttman. Observa-se que o número de fatores variou de 2 a 7 eixos, não havendo concordância entre os métodos.

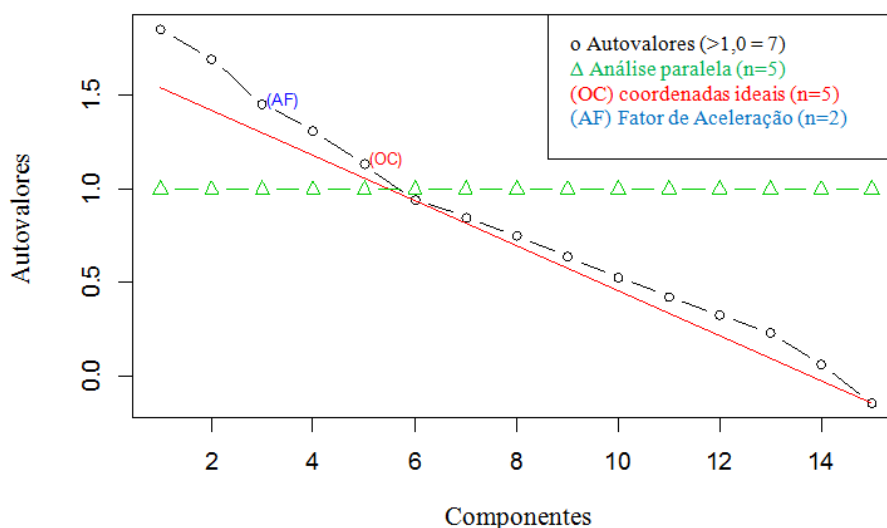


Figura 1 Número de fatores a serem extraídos pelos métodos: coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela e Kaiser-Guttman (autovalores>1,0)

Essa é uma ferramenta importante na tomada de decisão do número de fatores utilizados na análise, por essa etapa ser considerada crucial nesse tipo de análise. No entanto, observou-se que a cada vez que se realizava a rotina, para o mesmo banco de dados, os métodos das coordenadas ideais, fator de aceleração, análise paralela apresentaram valores diferentes. Fato esse devido aos três métodos utilizarem reamostragem para realização dos cálculos do número dos fatores. Sendo o resultado apresentado o mais recorrente.

Diversos autores relatam que o número de fatores extraídos deve ser igual ao número de autovalores maior ou igual a 1,0 ou caso a proporção da explicação desses fatores seja baixa, deve-se utilizar números de fatores que expliquem até 80% da variação total (FRITSCHÉ NETO et al., 2011; GARBUGLIO et al., 2007; MENDONÇA et al., 2007; RIBEIRO; ALMEIDA, 2011). No caso atual, 80% da variação é conseguida com 6 fatores, que é menor que o número de fatores indicado pelos autovalores maiores que 1,0 (Tabela 4). Todavia, a análise de fatores concentra o máximo da variação nos primeiros eixos deixando para os últimos pouca variação e muito ruído. Como se pode observar na tabela 5, com apenas um eixo, 61% da variação total é capturada e a cada eixo adicionado, a proporção da variação somada é baixa (4% em média). Observa-se também que a proporção capturada é redistribuída pelos eixos utilizados.

Nos trabalhos de Murakami e Cruz (2004) os dois primeiros eixos capturaram 81%, 67,3% e 60,31% da variação total capturada nos seus três anos agrícolas. Já Garbuglio et al. (2007) obtiveram 65,8% da variação total capturada nos dois primeiros eixos e Ribeiro e Almeida (2011) observaram que os dois primeiros eixos continham 64,73% da variação total.

Brian (2005) relata que em situações com poucos fatores utilizados esses terão muitas cargas elevadas, já com muitos fatores podem ser fragmentados tornando-se a interpretação de forma convincente dificultada. Resultado que pode ser observado na tabela 4, onde a análise com dois fatores agrupou 4 ambientes no primeiro eixo e 3 no segundo eixo e nas demais situações não houve um agrupamento e sim uma pulverização dos ambientes entre os eixos. Fritsche Neto et al. (2010) e Ribeiro e Almeida (2011) obtiveram resultados similares, onde os ambientes foram espalhados pelos fatores e conseqüentemente não obtendo um agrupamento.

Tabela 4 Porcentagem da variância capturada (por eixo e acumulada) em cada fator, considerando de seis a um, após a rotação e os agrupamentos obtidos em cada fator, Lavras-MG, 2013

	Fator 1	Fator 2	Fator 3	Fator 4	Fator 5	Fator 6
% da Variância explicada	0,23	0,15	0,12	0,11	0,10	0,09
% da Variância acumulada	0,23	0,38	0,50	0,61	0,71	0,80
Ambientes agrupados	A12			A10	A8	A6
% da Variância explicada	0,21	0,21	0,13	0,1	0,1	
% da Variância acumulada	0,21	0,42	0,55	0,65	0,75	
Ambientes agrupados	A12		A7	A11	A8	
% da Variância explicada	0,23	0,21	0,18	0,10		
% da Variância acumulada	0,23	0,44	0,62	0,72		
Ambientes agrupados	A12			A11		
% da Variância explicada	0,25	0,22	0,22			
% da Variância acumulada	0,25	0,47	0,69			
Ambientes agrupados	A1		A5			
% da Variância explicada	0,35	0,3				
% da Variância acumulada	0,35	0,65				
Ambientes agrupados		Fator 1 A7, A3, A9, A13				
		Fator 2 A5, A12, A8				
% da Variância explicada	0,61					
% da Variância acumulada	0,61					
Ambientes agrupados	Todos os ambientes, exceto A7					

Em negrito as variâncias totais capturadas pelos eixos utilizados.

Outro ponto é que nas análises AMMI e GGE, técnicas análogas ao FGGA, as proporções da explicação da variação giram em torno de 60% a 70%, como pode ser observado nos trabalhos de Mohammadi e Amri (2009) com 66,51% nos dois primeiros eixos, Rea et al. (2011) com 61,09% também nos dois primeiros eixos significativos, ambos trabalhos com AMMI e Oliveira et al. (2010) capturaram 51,53% da variação g+ga na análise GGE Biplot e Balestre

et al. (2009) obtiveram 70,36% da variação, também com GGE Biplot. Além disso, as análises GGE tem como padrão a utilização dos dois primeiros eixos para a análise gráfica e nas análises AMMI é comum utilizar dois eixos para facilitar a interpretação dos resultados, chegando a utilizar no máximo três eixos.

Resende (2007) relata que o número de fatores a serem utilizados pode ser determinado por i. estrutura física das variáveis, que pode sugerir um certo número de fatores: ii. número de autovalores maiores que 1,0 (Critério de Kaiser-Guttman), quando se utiliza uma matriz de correlação e iii. número de fatores que expliquem uma proporção desejada da variação total. Ou seja, não há um critério metodológico para a escolha do número de fatores, e essa escolha depende dos critérios pré-estabelecidos pelo pesquisador.

Com o exposto, foi proposto que a análise FGGAA tenha como padrão a apresentação gráfica com os dois primeiros eixos, similar ao que já é usual na análise GGE biplot.

3.3 Estratificação ambiental via FGGAA

Na tabela 6 são representadas as cargas fatoriais obtidas após rotação e suas comunalidades. Os dois fatores explicaram 65% da variação total observada na matriz dos efeitos genotípicos somados ao da interação genótipos por ambientes. As comunalidades obtidas nos ambientes com cargas fatoriais acima de 0,69 foram superiores a 0,64 (Tabela 5), o que segundo Cruz e Carneiro (2003), podem ser classificadas como razoáveis por representarem uma correlação próxima de 0,80 entre a variável padronizada e a parte comum, que explica essa variável. As demais comunalidades são inferiores a esse valor, indicando que os locais não apresentam correlação com os fatores. O que é esperado, já que a análise de fatores agrega os ambientes altamente

correlacionados no fator, logo esses ambientes não foram agrupados em nenhum dos fatores apresentando correlações baixas entre esses dois fatores.

Tabela 5 Estratificação ambiental por meio da análise de fatores, com 36 genótipos e 15 ambientes, Lavras-MG, 2013

Ambientes	Cargas fatoriais após rotação		Comunalidade
	Fator 1	Fator 2	
A1	0,72	0,36	0,65
A7	0,56	0,38	0,46
A11	0,66	0,47	0,66
A2	0,45	0,70	0,67
A8	0,50	0,59	0,60
A12	0,33	0,89	0,90
A5	0,40	0,70	0,65
A14	0,50	0,62	0,63
A4	0,57	0,42	0,50
A10	0,47	0,60	0,58
A3	0,79	0,35	0,75
A9	0,77	0,36	0,72
A13	0,73	0,52	0,79
A15	0,62	0,40	0,55
A6	0,55	0,57	0,63
Autovalores	5,23	4,51	
% da Variância explicada	0,35	0,30	
% da Variância acumulada	0,35	0,65	

No fator 1 foram agrupados os locais A1, A3, A9 e A13 e o fator 2 agrupou os locais A2, A5 e A12 (Tabela 5). Para confirmar a eficiência dos agrupamentos obtidos Murakami e Cruz (2004) estimaram a correlação entre os pares de ambientes classificados no mesmo fator e deles com os outros

ambientes não agrupados, e assim confirmando que as correlações entre os ambientes agrupados naquele fator são altas, e deles com os outros ambientes não agrupados sendo baixa. Já Garbuglio et al. (2007) fizeram a decomposição da interação em parte simples e complexa para todos os pares de ambientes e observaram que os ambientes agrupados no mesmo fator continham grande parte da interação como simples. Esses resultados também foram observados em Mendonça et al. (2007) e Ribeiro e Almeida (2011). Esses resultados confirmam a eficiência dos agrupamentos obtidos via análises de fatores após a rotação. Sendo assim, não há a necessidade de realizar novamente essa confirmação.

Desse modo, a FGGA com dois fatores explicando 65% da variação total permitiu a realização da estratificação ambiental, agrupando metade dos ambientes testados nos dois eixos.

3.4 Adaptabilidade e estabilidade genotípica

Na figura 2 são representados os escores dos genótipos numa representação gráfica para facilitar a interpretação. As inferências realizadas são baseadas nos ambientes que foram classificados como pertencentes ao mesmo fator. No quadrante I (Q1) estão situados os genótipos com adaptabilidade ampla ao grupo de ambientes pertencentes àqueles fatores. No presente caso, as linhagens L32 (RCII-2-19), L33 (RCII-2-2), L34 (RCII-2-21), L35 (RCII-6-14), L10 (FP-3-47), L22 (MAIV-8-102), L17 (MAIV-15-204) e L18 (MAIV-18-259) apresentaram adaptabilidade aos ambientes A1, A2, A3, A5, A9, A13, e A12.

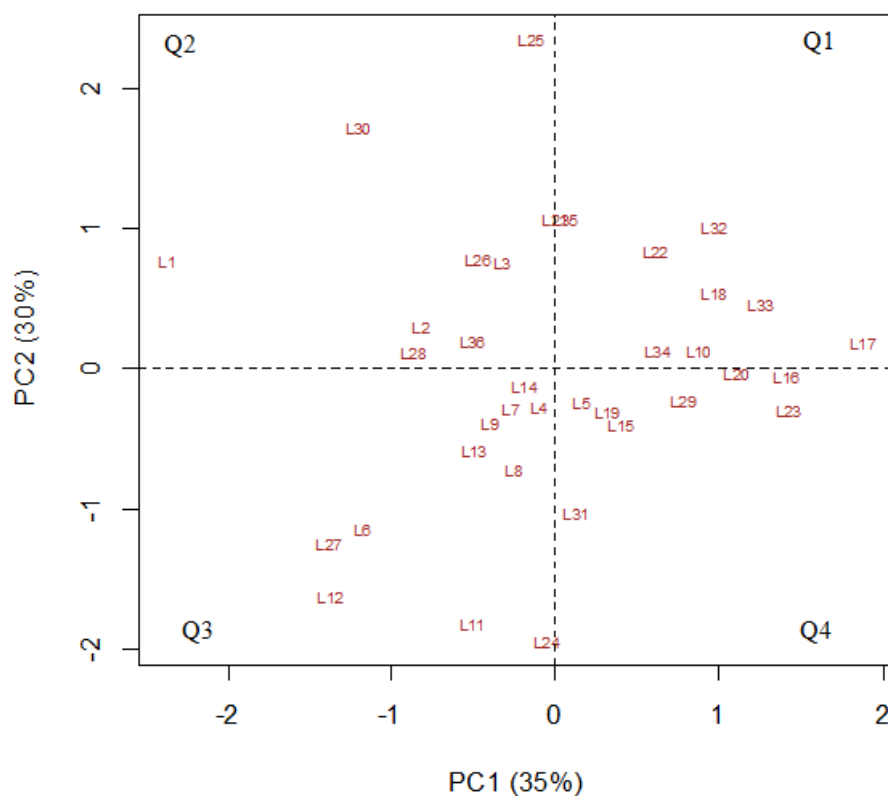


Figura 2 Análise gráfica da adaptabilidade de 36 linhagens de feijão a partir dos escores obtidos da análise FGGAA

Nos quadrantes II (Q2) e IV (Q4), situam-se os genótipos com adaptabilidade específica aos ambientes agrupados nos fator 2 e fator 1, respectivamente. As linhagens L5 (CVIII-3), L15 (MAIII-9-91), L16 (MAIV-15-203), L19 (MAIV-18-264), L20 (MAIV-18-266), L29 (RCII-10-26), L31 (RCII-14-27) e L23 (OURONEGRO) encontram-se no quadrante IV (Q4) e por isso são classificados como adaptados aos ambientes agrupados pelo fator 1 (A1, A3, A9 e A13). Já as linhagens L30 (RCII-14-22), L26 (P-18-171), L25 (P-18-163), L21 (MAIV-18-524), L3 (CVIII-1) e as cultivares L28 (Perola), L36 (Talismã), L1 (Carioca), L2 (CariocaMG) apresentaram boa adaptabilidade nos

ambientes A2, A5 e A12 agrupados ao fator 2. Os demais genótipos, encontrados no quadrante III (Q3), mostram-se com baixa performance nos ambientes classificados e por isso são passíveis de descarte.

Com esses resultados o melhorista opta por maximizar a interação G x A, utilizando-a em seu favor, selecionando os indivíduos adaptados especificamente ao ambiente, indicando os genótipos contidos nos quadrantes II e IV para seus respectivos ambientes ou seleciona indivíduos com adaptação ampla, como os situados no quadrante I, que são adaptados aos sete ambientes que apresentaram cargas fatoriais acima de 0,7.

Garbuglio et al. (2007), utilizando três eixos com 73,7% da variação total, observaram que os indivíduos que ficaram no Q1 têm as maiores médias e os que ficaram no Q3 eram os menos produtivos. E os intermediários situaram-se nos Q2 e Q4. Resultados que corroboram para atestar a eficiência do método mesmo utilizando-se menos de 80% da variação.

Após analisar todos os resultados pode-se concluir que a técnica FGGAA apresenta com fácil interpretação, facilitando a formação de Mega-ambientes e também uma recomendação das novas cultivares com ampla adaptabilidade.

REFERÊNCIAS

- BALESTRE, M. et al. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, p. 219-228, 2009.
- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação agrícola**. 4. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2008. 237 p.
- BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B. **lme4**: linear mixed-effects models using S4 classes: R package version 0.999999-0. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=lme4>>. Acesso em: 21 dez. 2012.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: MG: UFV, 2009. 547 p.
- BRIAN, S. E. **An R and S-PLUS® companion to multivariate analysis**. London: Springer-Verlag, 2005. 221 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. v. 2, 585 p.

FRITSCH NETO, R. et al. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype \times environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 5, p.1043-1048, maio 2011.

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

GARBUGLIO, D. D. et al. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 183-191, 2007.

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B. **MixMod**: analysis of mixed models. R package version 1.0. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=MixMod>>. Acesso em: 21 jan. 2013.

MENDONÇA, O. et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 1567-1575, 2007.

MOHAMMADI, R.; AMRI, A. Analysis of genotype \times environment interactions for grain yield in durum wheat. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1177–1186, July/Aug. 2009.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, p. 7-11, 2004.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, n. 3, p. 247-253, Sept. 2010.

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

RAICHE, G.; MAGIS. **nFactors**: an R package for parallel analysis and non graphical solutions to the Cattell scree test. R package: version 2.3.3. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=nFactors>>. Acesso em: 22 jan 2013.

RAICHE, G.; RIOPEL, M.; BLAIS, J. G. **Non graphical solutions for the Cattell's scree test**. 2006. Disponível em: <<http://www.er.uqam.ca/nobel/r17165/RECHERCHE/COMMUNICATIONS/>>. Acesso em: 22 jan. 2013.

REA, R. et al. **AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela**. 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s12355-011-0070-8>>. Acesso em: 22 dez. 2011.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 435 p.

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

REVELLE, W. **Psych**: procedures for personality and psychological research. Evanston: Northwestern University, 2013.

RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.

SILVA, G. O. et al. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, Sept. 2011.

YAN, W. et al. Cultivar evaluation to principal component analysis. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 597-605, 2000.

**ARTIGO 2 Análise multivariada para dados Multiambientes: AMMI, GGE
e FGGAA**

RESUMO

Apesar do grande uso das metodologias multivariadas para o estudo da interação genótipos por ambientes (interação GxA), estas vem sofrendo grandes críticas por considerar os genótipos fixos. A utilização dos modelos mistos via procedimento REML/BLUP é mais vantajoso nos experimentos multi-ambientes, pois resulta em predições mais acuradas dos valores genotípicos. Neste sentido, o objetivo desse trabalho é comparar a modificação proposta na metodologia de Murakami e Cruz (2004), que consiste em utilizar os BLUPs genotípicos somados aos BLUPs da interação GxA (FGGAA) com os métodos AMMI e GGE Biplot. Foram utilizadas 36 linhagens de feijão do programa de melhoramento da Universidade Federal de Lavras avaliadas em 12 ambientes. As análises estatísticas foram realizadas por meio do programa e ambiente estatístico R 2.15.2. As análises para os métodos AMMI e GGE foram procedidas de forma convencional utilizando as médias fenotípicas. A análise FGGAA capturou a maior porção da interação GxA, sendo seguida pela GGE e AMMI. Os mega-ambientes foram praticamente os mesmos para AMMI e GGE. Não houve concordância sobre a linhagem mais estável, com adaptação ampla e produtiva entre as três metodologias. A análise GGE apresentou melhor interpretabilidade, seguido pelo FGGAA, apesar deste último método não informar sobre a contribuição dos ambientes sobre a interação. O AMMI apresentou maior dificuldade para realizar algumas inferências, a exemplo da obtenção dos mega-ambientes.

Palavras-chave: Análises de Fatores. *Phaseolus vulgaris*. Interação GxA. Estabilidade. Estratificação ambiental.

ABSTRACT

In spite of the extensive use of multivariate methodologies for the study of the genotype by environment interaction (GxA interaction), they have been greatly criticized for considering genotypes as fixed. The use of mixed models through the REML/BLUP procedure is more advantageous in the multi-environment experiments because it results in more accurate predictions of the genotypic values. Thus, the aim of this study is to compare the modification proposed in the methodology of Murakami e Cruz (2004), which consists of using the genotypic BLUPs added to the BLUPs of the GxA interaction (RFGGE), with the AMMI and GGE Biplot methods. A total of 36 lines of common bean were used from the breeding program of the Universidade Federal de Lavras (Lavras, MG, Brazil), evaluated in 12 environments. Statistical analyses were carried out by means of the R 2.15.2 program and statistical environment. Analyses for the AMMI and GGE methods were conducted in a conventional manner using the phenotypic mean values. RFGGE analysis captured most of the GxE interaction, followed by the GGE and AMMI. The mega-environments were practically the same for the AMMI and GGE. There was no agreement on the most stable line, with broad and productive adaptation among the three methodologies. GGE analysis showed better interpretability, followed by the RFGGE, although the latter method did not indicate the contribution of the environments to the interaction. The AMMI exhibited greater difficulty for making some inferences, as in obtaining mega-environments.

Keywords: Factor analyses. *Phaseolus vulgaris*. GxE Interaction. Stability. Environmental stratification.

1 INTRODUÇÃO

Notoriamente, nos últimos anos, é dado maior ênfase nas análises de interação genótipos por ambientes (interação GxA) baseadas em técnicas multivariadas, pois apesar da facilidade de interpretação de várias técnicas univariadas, essas têm limitações e críticas de ambos os pontos de vista, biológico ou estatístico (KANDUS et al., 2010). Resumir a interação GxA em uma estatística univariada opõe-se ao próprio conceito de interação, a qual é conceitualmente multivariada (BABIC et al., 2010). Dentre as análises multivariadas, para dados Multiambientes, destacam-se o AMMI (*Additive Main Effect and Multiplicative Interaction*) e GGE (*Genotype plus Genotype by Environment*) por apresentarem os *biplots* para auxiliar a interpretação (SILVA et al., 2011).

Essas técnicas ficaram, por muito tempo, restritas a alguns pesquisadores devido à dificuldade de acesso aos recursos computacionais e falta de programas que realizassem essa análise de uma forma mais prática. Atualmente, com o avanço dos recursos computacionais a dificuldade na realização das análises multivariadas para a interação GxA foi dirimida pois, diversos programas estatísticos estão disponíveis para a realização dessas análises. Dentre eles destaca-se o ambiente estatístico R (R CORE TEAM, 2012), por ser um *software* livre, sem custo e amplamente reconhecido no meio científico.

As análises AMMI e GGE Biplot fazem uso da técnica da decomposição por valores singulares (SDV) em uma matriz de n genótipos por m ambientes ($Y = n \times m$) sendo gerados k componentes principais, sendo k igual ao menor valor do posto da matriz Y . A diferença básica entre as duas técnicas é que a primeira

utiliza uma matriz contendo apenas os efeitos da interação GxA e a segunda adiciona os efeitos genotípicos nessa matriz.

Outro método, recentemente proposto por Murakami e Cruz (2004), para realizar a estratificação ambiental e estudo da adaptabilidade é a análise de fatores (AF) aplicada a uma matriz de n genótipos por m ambientes. Essa técnica tem o mesmo princípio que as análises AMMI e GGE, que é a redução do número de variáveis para facilitar a interpretação. Sua base ideológica é que todas as variáveis dentro de um particular grupo (fator) sejam altamente correlacionadas entre si, mas tenham correlações relativamente pequenas com variáveis em grupos diferentes.

Estudos da interação GxA realizados por AF são apresentados na literatura atual por Fritsche Neto et al. (2010), Garbuglio et al. (2007), Hardner et al. (2011), Mendonça et al. (2007), Meyer (2009), Murakami e Cruz (2004) e Ribeiro e Almeida (2011). Entretanto esse método ainda considera os efeitos genotípicos como fixos. O que, de acordo com Resende (2007) é um tanto limitante para a análise dos experimentos que apresentam desbalanceamentos dos dados, delineamentos não ortogonais e heterogeneidade das variâncias entre os vários ambientes de experimentação, situações essas, muito comuns nos experimentos Multiambientes.

A grande vantagem dessas técnicas é o tratamento dado à parte multiplicativa do modelo, onde, variação contida numa matriz $n \times m$ é resumida em poucos vetores contendo a maior parte da variação. E com isso podendo ser facilmente interpretada em gráfico *biplot*, em que os primeiros eixos capturam a maior parte da variação e os eixos finais capturam pouca variação e mais ruído. Embora essas duas técnicas sejam amplamente utilizadas atualmente, elas são contestadas por diversos autores pelo fato de considerarem os efeitos genotípicos como fixos. O uso dos modelos mistos é mais vantajoso aos propósitos do melhoramento quando se considera os efeitos genéticos como aleatórios visando

obter os BLUPs (Melhor preditor linear não viesado) dos referidos efeitos (RESENDE, 2007).

Buscando sanar esse problema, Resende e Thompson (2004) propuseram o modelo Fator Analítico Multiplicativo Misto (FAMM), que é análogo ao modelo AMMI, porém considerando os efeitos genotípicos como aleatórios. Outras opções relatadas por Resende (2007) seriam a utilização do modelo Linear Misto Multivariado (MLMM) e a análise de componentes principais sob os modelos mistos (PCAM). Entretanto, essas três técnicas recaem sobre a falta de recursos computacionais disponíveis, pois são técnicas que demandam elevado custo computacional para a convergência.

Buscando sanar as dificuldades e críticas apresentadas na literatura, foi proposta uma modificação na matriz que é utilizada para realização da análise de fatores, denominada de FGGA. Nesse caso, os efeitos genotípicos e os efeitos da interação $G \times A$, assumidos aleatórios e constantes na matriz $G+GA$, foram preditos via procedimento REML/BLUP. Diante do exposto, este trabalho tem por objetivo de comparar a técnica FGGAA (Análise de Fatores dos efeitos aleatórios $G+GA$) em relação às análises AMMI e GGE.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Experimentos

Os dados utilizados neste trabalho foram obtidos do Programa de Melhoramento de Feijoeiro da Universidade Federal de Lavras, dos ensaios elite plantados no biênio 2006-2008 em três locais de Minas Gerais e em três safras agrícolas, totalizando 12 ambientes. Nesses experimentos foram avaliadas 36 linhagens em delineamento látice quadrado com três repetições (Tabela 6). As parcelas foram constituídas de duas linhas de 4,0m. Foram considerados os dados de produção de grãos, em gramas por parcela.

Tabela 6 Linhagens avaliadas nos experimentos elites no biênio 2006-2008 e seus respectivos códigos para a representação gráfica

Código	Linhagem	Código	Linhagem	Código	Linhagem
L1	CARIOCA	L13	MA-III-17-185	L25	P18-163
L2	CARIOCAMG	L14	MAIII-17-179	L26	P18-171
L3	CVIII-1	L15	MAIII-9-91	L27	P5-7
L4	CVIII-2	L16	MAIV-15-203	L28	PEROLA
L5	CVIII-3	L17	MAIV-15-204	L29	RCII-10-26
L6	CVIII-4	L18	MAIV-18-259	L30	RCII-14-22
L7	CVIII-5	L19	MAIV-18-264	L31	RCII-14-27
L8	CVIII-6	L20	MAIV-18-266	L32	RCII-2-19
L9	CVIII-7	L21	MAIV-18-524	L33	RCII-2-2
L10	FP-3-47	L22	MAIV-8-102	L34	RCII-2-21
L11	FP-5-3	L23	OURONEGRO	L35	RCII-6-14
L12	FP-5-9	L24	P1-103	L36	TALISMA

2.2 Análises Estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas por meio do Programa e Ambiente estatístico R 2.15.2 (R CORE TEAM, 2012). Os pacotes necessários para todas as análises deste trabalho foram o 'lme4' (BATES; MAECHLER; BOLKER, 2011), 'MixMod' (KUZNETSOVA; BROCKHOFF, 2012), 'psych' (REVELLE, 2013), 'GGEBiplotGUI' (BERNAL; VILLARDON, 2012), 'lsmeans' (LENTH, 2013) e 'agricolae' (MENDIBURU, 2013).

Foram realizadas duas análises para a obtenção das matrizes a serem utilizadas. A primeira, por meio dos modelos mistos (REML/BLUP), para obtenção dos BLUP's dos efeitos genotípicos (g) e da interação (ga), que somados formaram a matriz para a realização da análise multivariada FGGAA. A segunda, por meio da análise de variância (ANOVA), foi realizada para a obtenção das médias ajustadas das linhagens por ambiente com o objetivo de formar a matriz para a realização das análises GGE Biplot e AMMI.

Para verificar a homogeneidade das variâncias das análises individuais procedeu-se o teste prático baseado na estatística de Hartley, onde, aceitou-se a relação de 7:1 entre a maior e menor variância residual como experimentos homogêneos (BANZATTO; KRONKA, 2008; CRUZ; CARNEIRO, 2003).

2.2.1 Método FGGAA

2.2.1.1 Estratificação ambiental via FGGAA

Para a análise FGGAA utilizou-se a matriz obtida da análise conjunta via modelos mistos ($g+ga$). Foram considerados dois fatores para a rotação. A análise de fatores foi realizada pelo pacote 'psych' com a rotina de análise apresentada no APÊNDICE A. Para essa análise foi considerado o método de

fatoração a máximo verossimilhança (fm="ml") por ser, o mais preferido e robusto. O método de rotação foi o "varimax", o qual maximiza a soma de quadrados dos desvios dos carregamentos.

Os ambientes foram agrupados a partir da magnitude das cargas fatoriais finais obtidas após a rotação. Sendo que, cargas fatoriais acima de 0,70 representam ambientes com alta correlação com aquele grupo e baixa correlação com os demais, indicando que aqueles ambientes pertencem ao mesmo grupo.

2.2.1.2 Adaptabilidade genotípica via FGGAA

A adaptabilidade dos genótipos, com base na análise de fatores, foi realizada por meio da análise gráfica, plotando-se os escores obtidos após rotação. A formação dos quadrantes é feita traçando-se eixos paralelos baseados na média dos escores. Nos quadrantes II e IV ficam situados os genótipos com adaptabilidade específica aos ambientes agrupados em cada fator. No quadrante I ficam situados os genótipos com adaptabilidade ampla, ou seja, são adaptados aos dois grupos de ambientes. E no quadrante III ficam situados os genótipos não adaptados ao grupo de ambientes definidos pelos fatores, sendo não indicáveis ao plantio naqueles ambientes. A rotina para gerar o gráfico é apresentada no APÊNDICE A.

2.2.2 Método AMMI

O modelo completo para a metodologia AMMI é dado por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^a \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (11)$$

em que:

Y_{ij} é o valor médio observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente;

μ é a média geral dos experimentos;
 g_i e a_j são os efeitos genotípicos e ambientais, respectivamente;
 $(ga)_{ij}$ é a interação genótipos por ambientes e é representado por

$$\sum_{k=1}^a \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \rho_{ij} \quad (11)$$

k : é o *rank* do componente principal, $k = 1 \dots a$;
 λ_k : valor singular do k -ésimo componente principal, com $\lambda_1 > \lambda_2 > \dots > \lambda_a$. λ_k ao quadrado resulta na soma de quadrados explicada pelo k -ésimo componente principal;
 γ_{ik} e α_{jk} : vetor singular do genótipo i e ambiente j , respectivamente, do k -ésimo componente principal;
 ρ_{ij} é o erro do ajuste do modelo multiplicativo;
e ε_{ij} é o erro experimental médio.

$$\text{Assumindo as restrições } \sum_i g_i = \sum_j a_j = \sum_i (ga)_i = \sum_j (ga)_j = 0$$

Para a verificação do número de eixos significativos utilizou-se do critério de Gollob (1968) e do teste F_R proposto por Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992).

2.2.3 Método GGE Biplot

Para o estudo pelo modelo GGE foi realizada a análise da parte multiplicativa, pelo método SDV, da matriz de dupla entrada $G + GA$ da seguinte forma:

$$G + GA_{(g+gxa)} = [(g + ga)] = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + \rho_{ij} \quad (12)$$

em que: $G+GA_{(g+gxa)}$ é a matriz dos efeitos dos g genótipos somados aos efeitos das interações dos g genótipos por a ambientes; λ_k é o valor singular do k -ésimo eixo da análise dos componentes principais; γ_{ik} e δ_{jk} são os autovetores dos componentes principais genotípicos e ambientais para o k -ésimo eixo, respectivamente; n é o número dos componentes principais retidos no modelo; e ρ_{ij} é o ruído do ajuste do modelo multiplicativo.

3 RESULTADOS

3.1 Análises conjuntas

O teste prático da homocedasticidade das variâncias residuais, das análises individuais, foi de 4,09 para a abordagem via modelo misto e 4,36 para a abordagem tradicional (ANOVA), sendo aceito que os experimentos têm variâncias residuais similares, procedendo-se então a análise conjunta (BANZATTO; KRONKA, 2008; CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Foi verificado nas análises conjuntas, via REML/BLUP e ANOVA (tabela 7), a significância dos efeitos genotípicos e da interação GxA. A partir desses resultados surge a necessidade do estudo da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e a obtenção dos Mega-ambientes, procedendo-se às análises multivariadas pelos métodos AMMI, GGE Biplot e FGGAA.

Tabela 7 Resumo das análises da variância e os componentes da variância, e seus testes de significância dos efeitos, F e X^2 , respectivamente

Fonte de Variação	ANOVA		REML/BLUP	
	GL	QM	Componentes da Variância	(χ^2)
Ambientes	11	2943290,71**		
Genótipos	35	295743,87**	5111,3**	82,8
Genótipos x Ambientes	385	53014,88**	7485,4**	65,6
Resíduo	840	20552,55	27326,9	

3.2 AMMI

Observou-se que os oito primeiros componentes principais apresentaram significância de acordo com o critério de Gollob (1968) (Tabela 8). No entanto, aplicando-se o teste F_R , proposto por Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992), defendido por Piepho (1995) como o mais robusto, obteve-se significância até o quinto componente principal, resultando na escolha do AMMI5. Sendo necessária a plotagem de 10 gráficos, combinação dois a dois dos cinco componentes significativos. Observa-se que a interpretação nesse caso seria dificultada e o objetivo da técnica não seria alcançado. Segundo Piepho (1995) o número de eixos é uma escolha liberal, não havendo na literatura um consenso sobre o número de eixos e a proporção da variação capturada por eles. Com isso, o presente estudo optou por plotar dois gráficos, um com as médias-gerais *versus* o primeiro componente principal (CP1) (AMMI1) e outro entre os CP1 e o segundo componente principal (CP2) (AMMI2).

Tabela 8 Desdobramento da interação G x A, da análise AMMI, em seus componentes principais e seus respectivos testes de significância, Cornelius, Seyedsadr e Crossa (1992) e Gollob (1968)

Fonte de Variação	GL	QM _{Res AMMI Gollob}	GL	QM _{Res AMMI FR}
G x A	385	53014,88**		
PC1	45	93512,92**	340	47654,85**
PC2	43	78362,10**	297	43209,01**
PC3	41	80423,41**	256	37248,90**
PC4	39	65847,08**	217	32109,13**
PC5	37	42286,86**	180	30017,04*
PC6	35	42846,88**	145	26920,18
PC7	33	37684,02**	112	23748,70
PC8	31	30516,6*	81	21158,51
PC9	29	27719,41	52	17499,55
PC10	27	19013,58	25	0
PC11	25	15864,4	0	-
Resíduo	840	20552,55	-	-

No AMMI1 (figura 3), 19 dos 36 genótipos avaliados (52,8%) apresentaram rendimento superior à média geral, que foi de 887,70 g/parcela. Dentre esses, as linhagens L16 (MAIV-15-203 (979,21 g/parc)), L18 (MAIV-18-259 (972,82 g/parc)), L35 (RCII-6-14 (945,94 g/parc)) e L26 (P18-171 (936,23 g/parc)), apresentaram baixa contribuição para a interação. Outras cinco linhagens (L5 (CVIII-3 (870,72 g/parc)), L31 (RCII-14-27 (851,31 g/parc)), L4 (CVIII-2 (866,18 g/parc)), L14 (MAIII-17-179 (843,20 g/parc)), L11 (Carioca (782,00 g/parc))) apresentaram baixa interação com os ambientes, no entanto, tiveram rendimento abaixo da média. Sendo que a linhagem com maior produtividade (L17 (MAIV-15-204 – 1010,93 g/parc)) apresentou ligeira contribuição para interação. As linhagens L24 (P1-103) e L32 (RCII-2-19)

foram as que mais contribuíram para a interação dentre os genótipos, considerando apenas o primeiro eixo.

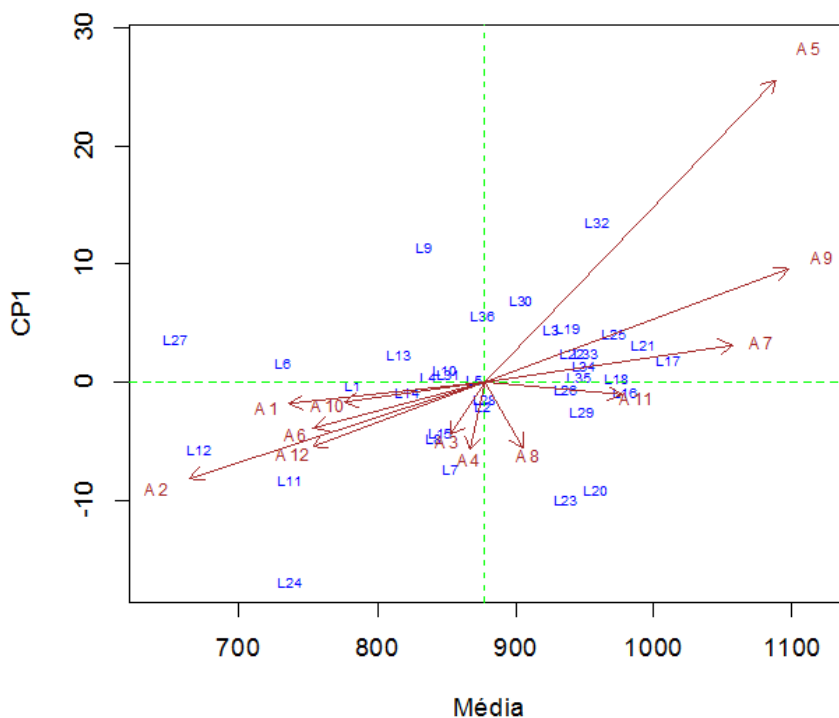


Figura 3 Biplot AMMI1 para dados de produção de grãos (g/parcela) de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013

Em relação aos ambientes, cinco dos 12 utilizados no estudo apresentaram rendimento acima da média geral (Figura 3). Desses, apenas A11 (987,55 g/parc) apresentou pouca contribuição para a interação GxA, seguido por A7 e A9 com uma maior contribuição. Os ambientes mais produtivos (A9 e A5, em ordem decrescente) foram os que mais contribuíram para interação.

No AMMI2 observam-se as informações sobre adaptabilidade específica (Figura 2). Genótipos e ambientes situados no mesmo quadrante e próximos um

ao outro indicam que eles interagem de forma positiva, ou seja, o genótipo tem adaptação específica àquele ambiente (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

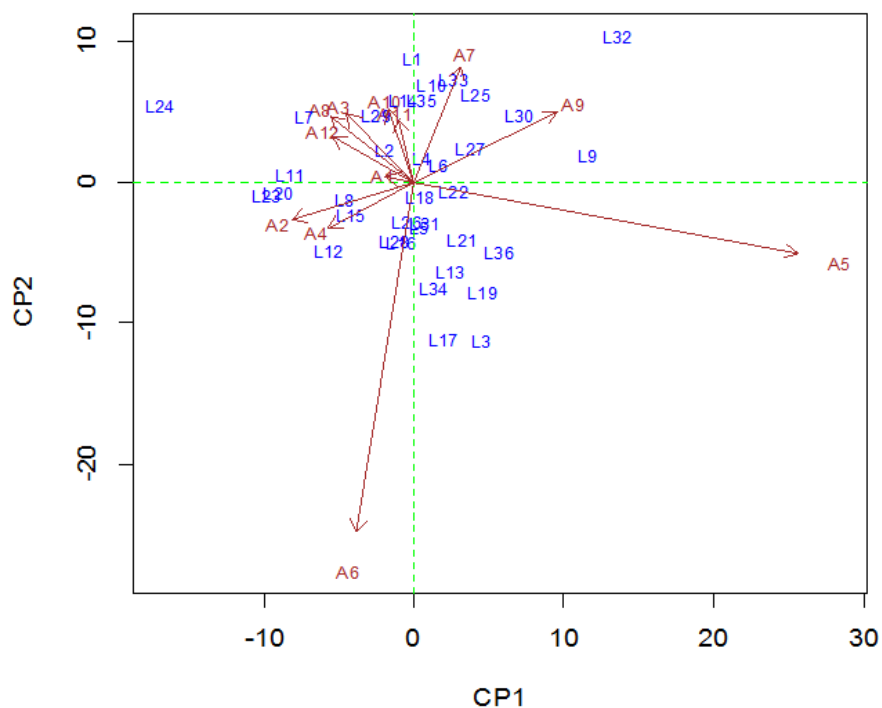


Figura 4 Biplot AMMI2 para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013

A linhagem L33 (RCII-2-21) apresenta adaptabilidade específica com A7 e a linhagem L30 (RCII-14-22) com o ambiente A9, pois na figura 5 esses genótipos formam ângulos muito pequenos em relação ao ambiente, além disso, apresentaram produtividades acima da média. Da mesma forma as linhagens L8 (CVIII-6) L12 (FP-5-9) e L15 (MAIII-9-91) apresentam especificidade com os ambientes A2 e A4, entretanto produziram abaixo da média e por isso não devem ser recomendadas. Sendo assim, o melhorista pode utilizar a interação ao seu favor e recomendar cultivares específicas àquele(s) ambiente(s).

REA et al. (2011) explicam que quando os ângulos formados entre os vetores dos ambientes são menores que 90° isso é um indicativo que aqueles ambientes têm influência similar para os genótipos. Podendo assim ser formados os Mega-ambientes. E que quando os ângulos são de 90° não há correlação entre esses ambientes. Já ambientes que apresentam ângulos próximos de 180° entre si, são ambientes com fortes relações opostas. Pelo exposto, os ambientes A3, A8 e A12 (G1) poderiam ser classificados como ambientes similares em relação às respostas genóticas. E esses ambientes são contrastantes ao ambiente L5 por formarem ângulos de praticamente 180° . Outros grupos formados, pela proximidade dos vetores oriundos do centro do gráfico, são os ambientes A2 e A4 (G2) e A10 e A11 (G3). O ambiente A6 tem influência oposta aos ambientes A7, A9 e ao grupo G3, também por formarem entre si ângulos próximos a 180° .

Os ambientes mais estáveis são aqueles mais próximos à origem dos eixos. A1 foi o ambiente que menos influenciou na interação, seguido por A11. E os ambientes A5 e A6 foram os que mais contribuíram para a interação. As linhagens mais estáveis, ou seja, os que menos influenciaram a interação foram L18 (MAIV-18-259), L4 (CVIII-2) e L6 (CVIII-4). Entretanto, apenas a linhagem L18 produziu acima da média geral, sendo assim classificada com adaptação geral e produtiva. Já as linhagens L32 (RCII-2-19) e L24 (P1-103) estão mais distantes do centro do gráfico, sendo grandes contribuidoras para a interação e não recomendáveis ao plantio.

3.3 GGE Biplot

Na figura 5 é representada uma opção gráfica da técnica GGE Biplot denominada 'quem-venceu-onde' (*Which-won-where*). O polígono é formado pelas linhagens nos extremos em cada região do gráfico, aqui os genótipos mais

afastados da origem foram o L17 (MAIV-15-204), L18 (MAIV-18-259), L32 (RCII-2-19), L23 (Ouro Negro), L24 (P1-103), L27 (P5-7), L12 (FP-5-9).

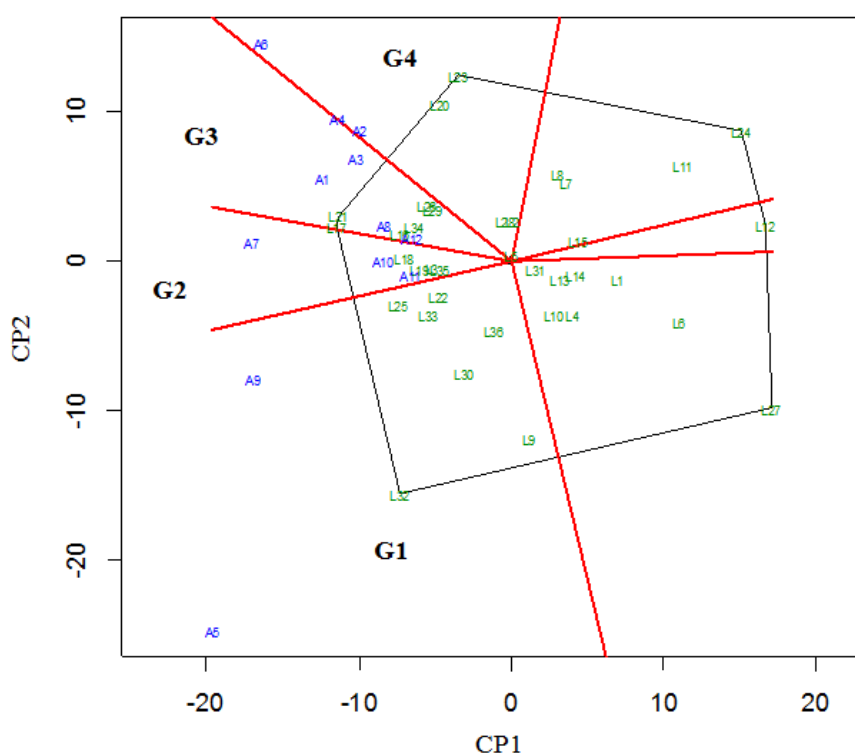


Figura 5 GGE Biplot 'which won where' de 36 linhagens de feijão avaliadas em três ambientes, Lavras-MG, 2013

Desse modo, os ambientes agrupados dentro desse espaço são considerados similares em relação à influência ambiental gerada sobre os indivíduos. Na Figura 5 é possível observar a formação de quatro agrupamentos ambientais. As linhagens localizadas no vértice do polígono formado na figura 5, formadores de Mega-ambientes, são as mais favoráveis para aquele grupo, tendo o maior rendimento em pelo menos um dos ambientes e é um dos genótipos com melhor desempenho nos outros ambientes do grupo (YAN; RAJCAN, 2002).

O primeiro grupo (G1) é representado pelo genótipo L32 (RCII-2-19) com os ambientes A5 e A9. O segundo grupo (G2), onde o genótipo L18 (MAIV-18.259) foi o mais favorável para os ambientes A7, A10 e A11. O genótipo L17 (MAIV-15-204) foi o vencedor que deu origem a formação do grupo três (G3) com os ambientes A1, A3, A4, A8 e A12. O último grupo (G4), com o ganhador L23 (Ouro Negro), compreendeu os ambientes A2 e A6.

Os outros genótipos (L24 (P1-103), L27 (P5-7) e L12 (FP-5-9)) que dão origem aos outros vértices do polígono, mas não contêm nenhum ambiente agrupado, são considerados desfavoráveis aos grupos de ambientes testados, tendo baixa produtividade (KARIMIZADEH et al., 2013). Da mesma forma, os indivíduos localizados nos setores por eles compreendidos também são desfavoráveis à recomendação.

Na figura 6 é representado o gráfico '*Mean vs. Stability*' (média *versus* estabilidade) onde é possível avaliar tanto o rendimento produtivo quanto sua estabilidade. Sendo que, os genótipos mais distantes do eixo y e em direção à seta são os mais produtivos (MATTOS et al., 2013). Assim, o genótipo mais produtivo é o L17 (MAIV-15.204), em seguida os genótipos L21 (MAIV-18.524), L18 (MAIV-18.259), L16 (MAIV-15.203), L34 (RCII-2.21). Os menos produtivos foram L27 (P5-7), L12 (FP.5.9), L24 (P1-103), L6 (CVIII-4), L11 (FP-5.3) e L1 (Carioca) por se apresentarem o mais distante no sentido oposto. Os genótipos menos estáveis são aqueles que têm as maiores distâncias do eixo horizontal. Assim, L32 (RCII-2.19), L23 (Ouro Negro), L9 (CVIII-7) e L20 (MAIV-18.266) foram, em ordem decrescente, os mais instáveis (Figura 6).

Considerando os dois parâmetros ao mesmo tempo, as linhagens recomendadas por apresentarem tanto alto valor produtivo e com boa adaptabilidade e estabilidade foram, em ordem decrescente, L17 (MAIV-15.204), L21 (MAIV-18.524), L18 (MAIV-18.259), L16 (MAIV-15.203), L34 (RCII-2.21) e L19 (MAIV-18.264) (Figura 6).

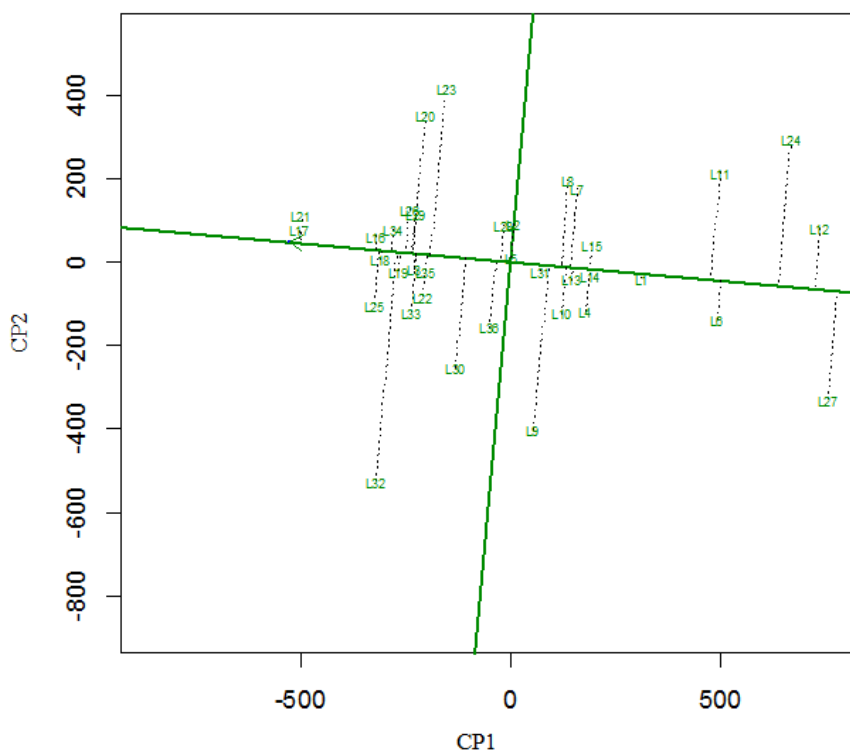


Figura 6 GGE Biplot 'Mean vs. Stability' para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013

Na figura 7 o círculo central representa o genótipo ideal, com grande produtividade, boa adaptabilidade e estabilidade no grupo de ambientes testados. Portanto, o genótipo L17 (MAIV-15.204), plotado dentro do primeiro círculo concêntrico, é considerado o mais produtivo e estável dentre os 36 avaliados, sendo seguido por L21 (MAIV-18.524), L16 (MAIV-15.203), L34 (MAIV-8.102). Já o L27 (P5-7) foi apresentado como o menos produtivo e menos estável dentre todos, sendo seguido por L12 (FP.5.9), L24 (P1-103), L6 (CVIII-4), L11 (FP-5.3).

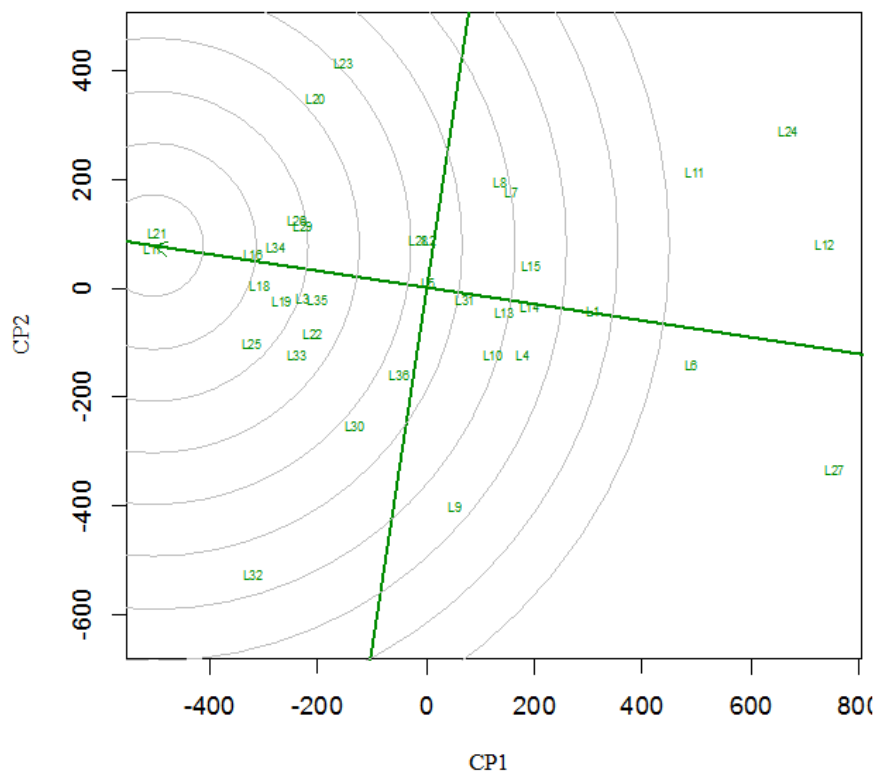


Figura 7 GGE Biplot ‘ideal genotype’ para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013

Para a verificação da relação entre os ambientes, fez-se uso da variação gráfica do GGE Biplot denominada de “Discriminante *versus* Representante” (*Discriminative vs. Representativeness*) (Figura 8). Sendo o comprimento do vetor do centro do gráfico ao ambiente informa o quanto esse ambiente é capaz de discriminar as linhagens e quanto mais próximo do eixo os ambientes estiverem mais representante ele é. Os ambientes que têm maior capacidade de discriminar as linhagens foram A5, A9, A7 e A6. Desses ambientes o mais representante e discriminante é o ambiente A7 por estar bem próximo ao eixo e por ter um dos maiores vetores.

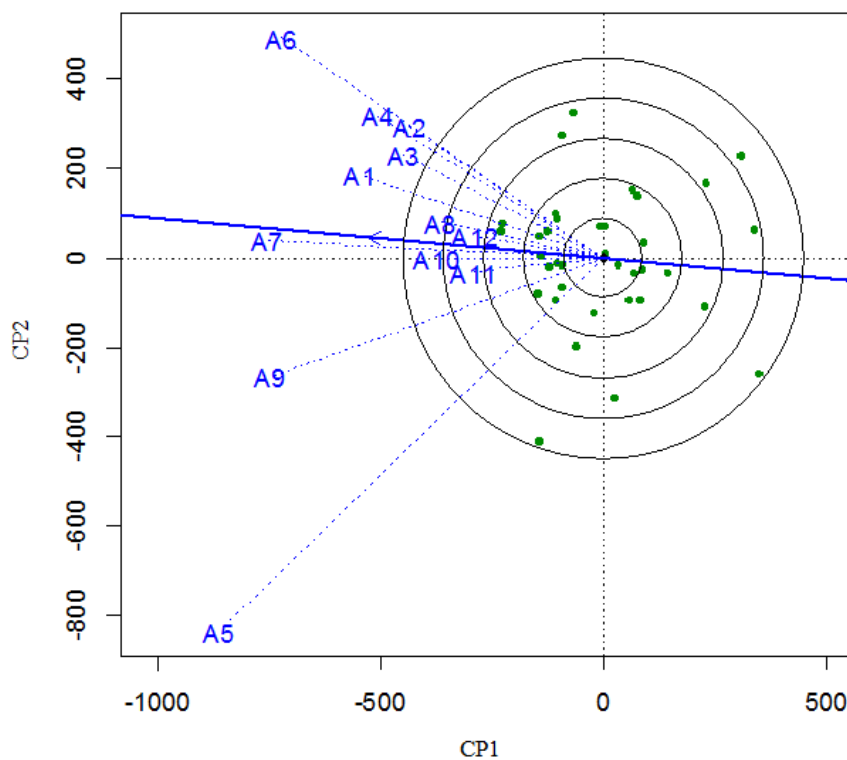


Figura 8 GGE Biplot 'Discriminative vs. Representativeness' para dados de produção de grãos de 36 linhagens de feijão avaliadas em 12 ambientes, Lavras-MG, 2013

3.4 FGGA

3.4.1 Estratificação ambiental via FGGA

Na tabela 9 são representadas as cargas fatoriais obtidas após rotação e suas comunalidades. Os dois primeiros fatores explicaram 67% da variação total observada na matriz de dupla entrada dos efeitos genotípicos somados ao da interação genótipos por ambientes. As comunalidades obtidas nos ambientes com cargas fatoriais acima de 0,7 foram superiores a 0,69 (Tabela 9), que segundo Cruz e Carneiro (2003), podem ser classificadas como razoáveis por

representarem uma correlação próxima de 0,80 entre a variável padronizada e a parte comum, que explica essa variável. As demais comunalidades são inferiores a esse valor. Logo esses ambientes não foram agrupados em nenhum dos fatores, apresentando correlações baixas entre os dois fatores. No fator 1 foram agrupados os ambientes A2, A6 e A10 (Tabela 9). Já o fator 2 agrupou apenas o A9.

Tabela 9 Estratificação ambiental por meio da análise de fatores, com 36 genótipos e 12 ambientes, Lavras-MG, 2013

Ambientes	Cargas fatoriais após rotação		Comunalidade
	Fator 1	Fator 2	
A8	0,67	0,44	0,64
A1	0,53	0,63	0,67
A5	0,48	0,61	0,61
A9	0,32	0,94	1,00
A11	0,52	0,56	0,58
A3	0,59	0,39	0,51
A7	0,54	0,54	0,59
A2	0,82	0,33	0,77
A6	0,76	0,35	0,70
A10	0,77	0,47	0,80
A12	0,62	0,39	0,54
A4	0,61	0,52	0,63
Autovalores	4,57	3,47	
% da Variância explicada	0,38	0,29	
% da Variância acumulada	0,38	0,67	

Murakami e Cruz (2004) estimaram a correlação entre os pares de ambientes classificados no mesmo fator e deles com os outros ambientes não agrupados, no intuito de confirmar que a correlação entre os ambientes agrupados em um dado fator é alta e deles com os outros ambientes não

agrupados é baixa. Já Garbuglio et al. (2007) utilizaram a decomposição da interação em parte simples e complexa para todos os pares de ambientes e observaram que os ambientes agrupados no mesmo fator continham grande parte da interação como simples. Esses resultados também foram observados em Mendonça et al. (2007) e Ribeiro e Almeida (2011). Esses resultados confirmam a eficiência dos agrupamentos obtidos via análises de fatores após a rotação. Com isso, este estudo irá utilizar apenas as informações geradas pela análise de fatores e os escores obtidos após a rotação.

Desse modo, a FGGA com dois fatores explicando 67% da variação total permitiu a realização da estratificação ambiental, agrupando 33% dos ambientes testados nos dois primeiros eixos.

3.5 Adaptabilidade e estabilidade genotípica

Na figura 9 são representados os escores dos genótipos numa representação gráfica para facilitar a interpretação. As inferências realizadas são baseadas nos ambientes que foram classificados como pertencentes ao mesmo fator. No quadrante 1 (Q1) estão situados os genótipos com adaptabilidade ampla ao grupo de ambientes agrupados nos dois fatores. No presente caso, os genótipos L17 (MAIV-15-204), L33 (RCII-2-2), L32 (RCII-2-19), L18 (MAIV-18-259), L22 (MAIV-8-102), L34 (RCII-2-21), L10 (FP-3-47), L21 (MAIV-18-524), L35 (RCII-6-14) apresentaram adaptabilidade aos ambientes A2, A6, A9 e A10. Todas essas linhagens apresentaram valores genotípicos altos e positivos. Se destacando como maiores BLUP genotípicos, as linhagens L17 (MAIV-15-204) e L32 (RCII-2-19).

BLUP's genotípicos, em ordem decrescente. As demais apresentaram baixos BLUP's sendo passíveis de descarte.

Já as linhagens L30 (RCII-14-22), L26 (P-18-171), L25 (P-18-163), L3 (CVIII-1) e as cultivares L28 (Perola), L36 (Talismã), L1 (Carioca) e L2 (CariocaMG) foram agrupadas ao fator 2 (Figura 9). Se destacando as linhagens em relação às cultivares, por apresentarem altos valores dos seus BLUP's. Os demais genótipos, encontrados no quadrante 3, mostram-se com baixa performance nos ambientes classificados e baixos valores genéticos e por isso são passíveis de descarte. Resultados similares foram observados por Garbuglio et al. (2007), utilizando três eixos com 73,7% da variação total, onde Q1 agrupou os genótipos com as maiores médias, no Q3 eram os menos produtivos e os intermediários situaram-se nos Q2 e Q4.

Com esses resultados o melhorista opta por maximizar a interação, utilizando-a em seu favor, selecionando os indivíduos adaptados especificamente ao ambiente, indicando os genótipos contidos nos quadrantes II e IV para seus respectivos ambientes ou seleciona indivíduos com adaptação ampla, como os situados no quadrante I, que são adaptados aos quatro ambientes que apresentaram cargas fatoriais acima de 0,7.

4 DISCUSSÃO

Em relação à proporção da captura da interação GxA nos dois primeiros eixos, pelas três metodologias, notou-se a grande superioridade do FGGA (67,00%) em relação às análises AMMI (37,10%) e GGE (49,69%). Na literatura, diversos trabalhos utilizam essa diferença para classificar as técnicas como superior a outra. Balestre et al. (2009a, 2009b), Oliveira et al. (2010) e Yan et al. (2007) evidenciaram que a técnica GGE Biplot foi superior ao AMMI. Garbuglio (2010) também observou a superioridade do GGE Biplot e do FGGA (via quadrados mínimos ordinários) em relação ao AMMI. No entanto, no trabalho de Fritsche Neto et al. (2010) e Garbuglio (2010) a técnica FGGA se mostrou ligeiramente inferior ao GGE Biplot quanto à captura da interação, diferindo do observado neste trabalho.

As diferentes abordagens para obter a matriz de interação GxA podem ter contribuído para que as proporções de explicação do GGE e FGGA fossem próximas no caso dos estudos de Fritsche Neto et al. (2010) e Garbuglio (2010), utilizando mínimos quadrados ordinários, em relação ao aqui apresentado via REML/BULP. Ou seja, a grande diferença obtida (aproximadamente 18,00%) neste trabalho deve-se, possivelmente, pela maior capacidade de retirada de ruídos da técnica REML/BLUP utilizada. O uso dos modelos mistos, com genótipos considerados como aleatórios, é mais vantajoso por ser mais eficaz na eliminação dos efeitos ambientais e ruídos da interação (BASTOS et al., 2007; ZENI NETO et al., 2008). Resende (2007) relata que o uso dos modelos mistos é mais vantajoso aos propósitos do melhoramento quando se considera os efeitos genéticos como aleatórios visando obter os BLUPs dos referidos efeitos. E que a associação das técnicas de análises multivariadas com os modelos mistos é

importante para análises de múltiplos experimentos, experimentos de múltiplos caracteres e, em alguns casos, de medidas repetidas (RESENDE, 2007).

Outro ponto debatido é sobre o número de fatores utilizados, onde o GGE é duramente criticado por Gauch (2006) e Gauch, Piepho e Annicchiarico (2008) por apresentar apenas os dois primeiros eixos. Já o FGGA deve apresentar eixos, tais quais, sejam o número de autovalores maiores que 1,0 ou até que se atinja 80% da variação (FRITSCHÉ NETO et al., 2010; GARBUGLIO et al., 2007; HARDNER et al., 2011; MENDONÇA et al., 2007; MURAKAMI; CRUZ, 2004; MEYER, 2009; RIBEIRO; ALMEIDA, 2011). Para o AMMI, o número de eixos utilizados é dado pela significância dos componentes principais. Sendo que não há um critério metodológico para a escolha do número de fatores, e essa escolha depende dos critérios pré-estabelecidos pelo pesquisador. É sabido que modelos que utilizem mais de três eixos são complexos na sua interpretação. Seguindo esse contexto, Yan et al. (2007) utilizando trabalhos de Gauch (2006) demonstraram que apesar de serem indicados os modelos AMMI2 e AMMI7, no entanto o AMMI1 é que foi utilizado para a recomendação de cultivares e classificação ambiental. Matos et al. (2013) observaram significância até o quarto componente principal na análise AMMI e no entanto também optaram por apresentar os AMMI1 e AMMI2, por serem mais fáceis de interpretação. Como também, que essas técnicas foram propostas para capturar a variação do conjunto de dados em um pequeno número de eixos que tenham a maior parte dos efeitos, deixando para os últimos eixos pouca variação e muito ruído. Dessa forma, optou-se por utilizar para as três metodologias a plotagem gráfica até o segundo eixo.

A representação gráfica, “quem vence onde”, do GGE agrupa todos os ambientes baseando-se nos vértices do polígono formado. Sendo formados quatro grupos nessa técnica. Já na metodologia AMMI é possível realizar um agrupamento através dos ângulos das retas que ligam o centro do gráfico aos

ambientes. No AMMI foi possível formar 3 grupos. No FGGAA, o agrupamento é dado pelos ambientes que apresentam cargas fatoriais acima de 0,70 dentro de um mesmo eixo. Tanto GGE como FGGAA apresentam facilidade na visualização dos Mega-ambientes tornando a interpretação mais direta. Já o AMMI apresenta uma subjetividade na formação dos agrupamentos.

O método GGE apresentou um agrupamento preferencial ao ano de plantio dos ambientes (G1, G4 e parte de G3 e G2), os outros dois métodos não tiveram um padrão nos agrupamentos obtidos. Garbuglio (2010) também observou esse comportamento, sendo seus ambientes agrupados conforme a safra de plantio pelo método GGE. Karimizadeh et al. (2013) observaram que seus ambientes foram formados em ambientes com clima quente e ambientes com clima frio, e que esses ambientes apresentam, relativamente, um coincidente padrão geográfico avaliando 18 genótipos de lentilha em 5 localidades.

Pode-se observar que houve coincidência na formação dos grupos das metodologias AMMI e GGE. Foram iguais o G1 do AMMI com o G3 do GGE e G3 do AMMI com G2 do GGE. No entanto, o FGGAA não apresentou nenhuma coincidência com as outras técnicas. No trabalho de Matos et al. (2013) não foi observada a formação de grupos de ambientes coincidentes comparando os métodos AMMI e GGE, divergindo ao observado neste trabalho. Uma possibilidade dessa diferença deve-se ao fato de Matos et al. (2013) utilizarem apenas 5 ambientes e uma mesma época.

Outra observação a ser feita, é que segundo Souza (1988), valores de comunalidades superiores a 0,64 têm sido aceitos como razoáveis, pois equivalem a uma correlação próxima de 0,80 entre a variável padronizada (x_j) e a parte comum que explica essa variável (z_j). Dessa forma, a FGGAA é muito mais rigorosa no agrupamento em comparação ao AMMI e GGE. Já que os agrupamentos realizados por AMMI e GGE se baseiam no ângulo formado pelos

vetores dos ambientes. Assim, os agrupamentos podem não apresentar correlações de magnitudes próximas a 0,80, como é feita pela FGGAA.

Segundo Yan e Kang (2003) o cosseno do ângulo entre os vetores de duas colunas representa uma estimativa do coeficiente de correlação entre as duas colunas. Então para obter uma correlação similar ao FGGAA só seriam aceitos como similares ambientes que tivessem ângulos entre si de 35° no máximo, obtendo uma correlação de aproximadamente 80%. Observando a figura 6 os ambientes que foram agrupados no G1 pelo GGE, possivelmente, não apresentam correlações de 0,8. No trabalho de Garbuglio (2010) essa situação é mais evidente, o ângulo entre dois ambientes tidos como pertencentes ao mesmo grupo se aproxima de 90° , ângulo que geraria uma correlação praticamente nula. Uma alternativa seria diminuir a exigência das cargas fatoriais superiores a 0,70 e assim obter um maior agrupamento dos ambientes nos eixos utilizados.

Os ambientes que mais influenciaram a interação GxA (A5 e A6), e o que menos contribuiu (A11), foram coincidentes entre os métodos GGE e AMMI. Na técnica FGGAA não é possível realizar essa inferência. Dentre os genótipos tidos como estáveis houve apenas um (L18 (MAIV-18.259)) foi classificado nos métodos AMMI e GGE biplot, apresentando pouca concordância entre as metodologias. Da mesma forma, ocorreu para a linhagem menos estável, ou seja, que mais contribuiu para a interação. No caso do FGGA, os genótipos, situados no Q1, que são considerados favoráveis aos dois grupos de ambientes formados, podendo ser considerados como estáveis. Com isso a linhagem L18 (MAIV-18.259) também está localizada naquele quadrante, dando a igualdade aos outros dois métodos. Na mesma ordem, os genótipos localizados no Q3 são os maiores contribuidores da interação GxA. Entretanto para este quesito houve discordância entre o FGGAA e as outras metodologias. Garbuglio (2010) e Matos et al. (2013) observaram que a maioria dos genótipos foi

concordante entre as técnicas quanto à sua estabilidade. Resultado esse que está em desacordo com o obtido no presente estudo.

O objetivo principal dessas análises é a identificação de genótipos que sejam estáveis, adaptados a uma grande quantidade de ambientes e produtivos. Nesse caso as linhagens L18 (MAIV-18-259), L22 (MAIV-8-102) e L26 (P18-171), seriam as linhagens selecionadas pelo método AMMI. Já pelo método GGE as linhagens escolhidas para participar dos ensaios de VCU são L21 (MAIV-18-524), L17 (MAIV-15-204) e L16 (MAIV-15-203). E no método FGGAA foram classificadas as linhagens L17 (MAIV-15-204), L32 (RCII-2-19) e L33 (RCII-2-2). A linhagem L17 (MAIV-15.204) foi selecionada tanto pelo GGE quanto pelo FGGAA e a linhagem L21 (MAIV-18.524) ficou em quarto lugar para o FGGAA e em primeiro para o GGE, com baixa influência da interação e com a maior média de produção. Entretanto, nas análises GGE e AMMI essa visualização é mais direta. No caso da FGGAA necessita-se da tabela de médias para selecionar dentre as linhagens situadas no Q1 quais apresentam boa produtividade.

Outra possibilidade para o melhorista é selecionar indivíduos com adaptabilidade específica com um ambiente ou grupo de ambientes correlacionados. AMMI apresentou maior dificuldade de realizar essa dedução. Somente quando é muito clara a proximidade dos genótipos com os ambientes que essa recomendação deve ser realizada. FGGAA e GGE apresentam grande facilidade na obtenção dessa informação. A FGGAA é a mais clara, sendo necessário apenas observar os indivíduos presentes em Q2 e Q3 e relacioná-los com os ambientes agrupados naquele eixo. O GGE, com o uso da variação gráfica ‘quem vence onde’, torna a visualização das relações dos genótipos com um ambiente ou grupo deles.

5 CONCLUSÕES

A análise FGGAA foi mais eficiente em capturar a maior porção da interação GxA, sendo seguida pela GGE e AMMI.

Houve grande concordância na formação dos Mega-ambientes para AMMI e GGE, entretanto discordaram do obtido pelo FGGAA.

Os ambientes A5 e A6 foram considerados os que mais contribuíram para a interação GxA e o ambiente A11 como o que menos influenciou a interação GxA pelos métodos AMMI e GGE.

As três linhagens mais estáveis, com ampla adaptação e produtivas são: AMMI - L18 (MAIV-18-259), L22 (MAIV-8-102) e L26 (P18-171), GGE - L21 (MAIV-18-524), L17 (MAIV-15-204) e L16 (MAIV-15-203) e FGGA - L17 (MAIV-15-204), L32 (RCII-2-19) e L33 (RCII-2-2).

Não houve concordância sobre a linhagem mais estável, com adaptação ampla e produtiva entre as três metodologias. FGGAA e GGE classificaram a linhagem MAIV-15.204 como genótipo ideal e o AMMI identificou a linhagem MAIV-18.259.

REFERÊNCIAS

- BALESTRE, M. et al. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research** Ribeirão Preto, v. 9, p. 123-1135, 2009b.
- BALESTRE, M. et al. Yield stability and adaptability of maize hybrids based on GGE biplot analysis characteristics. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 9, p. 219-228, 2009a.
- BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação agrícola**. 4. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2008. 237 p.
- BATES, D.; MAECHLER, M.; BOLKER, B. **lme4**: linear mixed-effects models using S4 classes. R package version 0.999999-0. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=lme4>>. Acesso em: 23 jan. 2012.
- BERNAL, E. F.; VILLARDON, P. G. **GGEbiplotGUI**: interactive GGE Biplots in R. Salamanca, Spain. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplotGUI>>. Acesso em: 21 jan. 2012.
- BRIAN, S. E. **An R and S-PLUS® companion to multivariate analysis**. London: Springer-Verlag, 2005. 221 p.

CORNELIUS, P. L.; SEYEDSADR, M.; CROSSA, J. Using the shifted multiplicative model to search for 'separability' in crop cultivar trials. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 84, p. 161–172, 1992.

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

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

FRITSCH NETO, R. et al. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype \times environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 5, p.1043-1048, maio 2010.

GARBUGLIO, D. D. et al. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 183-191, 2007.

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

GAUCH, H. G.; PIEPHO, H. P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. **Crop Science**, Madison, v. 48, p. 866–889, 2008.

GOLLOB, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 33, p. 73-145, 1968.

HARDNER, C. M. et al. Identifying deployment zones for *Eucalyptus camaldulensis* x *E. globulus* and x *E. grandis* hybrids using factor analytic modelling of genotype by environment interaction. **Australian Forestry**, Queen Victoria, v. 74, p. 30-35, 2011.

KANDUS, M. et al. Statistical models for evaluating the genotype-environment interaction in maize (*Zea mays* L.). **Phyton**, Buenos Aires, v. 79, n. 1, p. 1851-5657, 2010.

KARIMIZADEH, R. et al. GGE biplot analysis of yield stability in multi-environment trials of lentil genotypes under rainfed condition. **Notulae Scientia Biologicae**, Cluj-Napoca, v. 6, n. 2, p. 256-262, 2013.

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B. **MixMod**: analysis of mixed models. R package version 1.0. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=MixMod>>. Acesso em: 21 jan. 2013.

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

MENDIBURU, F. **Agricolae**: statistical procedures for agricultural research. R package version 1.1-4. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=lsmeans>>. Acesso em: 21 jun. 2013.

MENDONÇA, O. et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 1567-1575, 2007.

MEYER, K. Factor-analytic models for genotype \times environment type problems and structured covariance matrices. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 41, p. 21, 2009.

MURAKAMI, D. M.; CRUZ, C. D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, p. 7-11, 2004.

OLIVEIRA, R. L. et al. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, n. 3, p. 247-253, Sept. 2010.

PIEPHO, H. P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical and Applied of Genetics**, Heidelberg, v. 89, p. 438-443, 1995.

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

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

REA, R. et al. **AMMI analysis and its application to sugarcane regional trials in Venezuela**. 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1007/s12355-011-0070-8>>. Acesso em: 22 dez. 2011.

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

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 435 p.

REVELLE, W. **Psych**: procedures for personality and psychological research. Evanston: Northwestern University, 2013.

RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.

SILVA, G. O. et al. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 494-501, Sept. 2011.

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

YAN, W.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. Boca Raton: CRC, 2003. 286 p.

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

ZENI NETO, H. et al. Seleção para produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar em três ambientes no Estado do Paraná via modelos mistos. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 9, p. 425-430, 2008.

APÊNDICE A – Rotina para análise de fatores

Determinando o número de fatores a ser extraído

```
dados<-read.table("F:/dados.txt", header=T) # matriz dos g + ga.  
library(nFactors) # Pacote para realizar o gráfico  
ev <- eigen(cor(dados)) # autovalores  
ap <- parallel(subject=nrow(dados),var=ncol(dados), rep=100,cent=.05)  
nS <- nScree(ev$values, ap$eigen$qevpea)  
plotnScree(nS)
```

Realizando a análise de fatores da matriz G+GA

```
library(psych)  
factor <- fa(dados,2,fm="ml",scores=TRUE,rotate="varimax")  
print(factor, digits=2, cutoff=.3) # apresenta as cargas fatoriais,  
comunalidades e proporção de explicação dos eixos.
```

Realizando a análise gráfica do FGGAA (factor 1 vs factor 2)

```
plot(factor$scores[,1], factor$scores[,2], cex=0, xlab="PC1 (26%)",  
ylab="PC2 (23%)", text(factor$scores[,1], factor$scores[,2],  
labels=row.names(factor$scores), cex=0.6, col="brown"))  
abline(v=0,h=0,lty=2)
```

APÊNDICE B - Rotina para análise AMMI

Realizando a análise AMMI com os dados em nível de médias ajustadas (sem repetições)

```
library(agricolae)
matrizammi<-read.table("C:/... /ammi.txt",header=T) # indicar o local do
arquivo de dados
attach(matrizammi)
REP = 3 # número de repetições
MSerror = 20792.62 # Erro médio
model<-AMMI(AMB, GEN, REP, Y, MSerror)
```

Criando banco de dados auxiliares para a plotagem gráfica

```
bplot=model$biplot[,1:4]
bplotgen=model$biplot[1:36,1:4]
bplotamb=model$biplot[37:48,1:4]
attach(bplotgen)
attach(bplotamb)
attach(bplot)
```

Realizando a análise gráfica - AMMI1 - Média vs PC1

```
plot(bplotgen[,2], bplotgen[,3], xlim=c(min(bplot[,2]),max(bplot[,2])),
ylim=c(min(bplot[,3]),max(bplot[,3])),cex=0,xlab="Média",ylab="PC1",
text(bplotgen[,2],bplotgen[,3],labels=row.names(bplotgen),cex=0.6,col="blue"))
# Plotando as linhagens no gráfico
```

```
points(bplotamb[,2],bplotamb[,3],cex=0,text(bplotamb[,2],bplotamb[,3],
labels=row.names(bplotamb), cex=0.7, col="brown")) # plotando os ambientes
no gráfico
```

```
media=mean(Y)
abline(h=0, v=media, lty=2, col="green") # gerando os quadrantes
detach(bplot)
s=seq(length(Y))
arrows(media,0,0.9*(Y[s]-media)+media,0.9*PC1[s], col="brown", code=2,
lwd=1.8, length=0.1)
```

```
# Realizando a análise gráfica - AMMI2 - PC1 vs PC2
```

```
plot(bplotamb[,3], bplotamb[,4], xlim=c(min(bplot[,3]), max(bplot[,3])),  
ylim=c(min(bplot[,4]), max(bplot[,4])), cex=0, xlab="PC1", ylab="PC2",  
text(bplotamb[,3], bplotamb[,4], labels=row.names(bplotamb),  
cex=0.7,col="brown")) # plotando os ambientes
```

```
points(bplotgen[,3], bplotgen[,4], cex=0, text(bplotgen[,3], bplotgen[,4],  
labels=row.names(bplotgen), cex=0.7,col="blue")) # plotando as linhagens no  
gráfico
```

```
abline(h=0, v=0, lty=2, col="green") # gerando os quadrantes
```

```
s <- seq(length(bplotamb[, 3]))  
arrows(0,0,0.95* bplotamb[,3][s], 0.95*bplotamb[,4][s], col="brown", lwd=1.8,  
length=0.1, code=2) #criando vetores do centro ao ambiente
```

APÊNDICE C – Rotina para análise GGE Biplot

```
## Análise GGE
```

```
library(GGEBiplotGUI)  
dadosGGE=read.table("F:/dados/GrupoI/dadosgge.txt",header=T)  
GGEBiplot(Data = dadosGGE)
```

Após a rotina é representada a interface gráfica (figura 10) onde pode-se selecionar os tipos gráficos: quem-venceu-onde “*which-won-where*”, Média *versus* Estabilidade “*Mean vs. Stability*”, Discriminate *versus* Representante “*Discriminateness vs. representativeness*” e Ranqueamento de Ambientes ou Genótipos “*Rank Environment/Genotypes*” (Figura 10 APÊNDICE C).

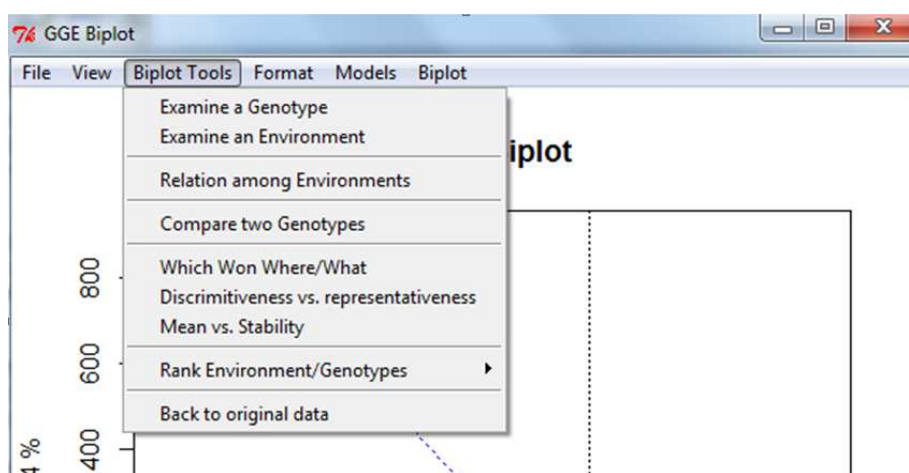


Figura 10 Interface gráfica do pacote ‘GGEBiplotGui’ com as opções de seleção dos diferentes tipos de gráficos possíveis