

ANDRÉ PAULO MARTINELLI

MÉTODOS AMMI, GGE BILOT, REML/BLUP E ANÁLISE DE FATORES NA
ESTABILIDADE E ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES DE SAFRINHA PARA
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO

Dissertação apresentada à Universidade Federal de
Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-
graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração
em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientadora

Prof. Dra. Denise Garcia de Santana

Co-orientador

Prof. Dr. Carlos Juliano Albuquerque

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

ANDRÉ PAULO MARTINELLI

MÉTODOS AMMI, GGE BILOT, REML/BLUP E ANÁLISE DE FATORES NA
ESTABILIDADE E ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES DE SAFRINHA PARA
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO

Dissertação apresentada à Universidade Federal de
Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-
graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração
em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 17 de abril de 2013.

Prof. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

INGEB-UFU

Dr. André Humberto de Brito

Dow AgroSciences

Prof. Dr. Marcelo Tavares

FAMAT-UFU

Prof. Dra. Denise Garcia de Santana
ICIAG-UFU
(Orientadora)

Prof. Dr. Carlos Juliano Albuquerque
(Co-orientador)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

M385m Martinelli, André Paulo, 1981-
2013 Métodos AMMI, GGE BIPLLOT, REML/BLUP e análise de fatores
na estabilidade e estratificação de ambientes de safrinha para seleção de
híbridos de milho / André Paulo Martinelli. -- 2013.
61 f.

Orientadora: Denise Garcia de Santana.
Coorientador: Carlos Juliano Albuquerque.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pro-
grama de Pós-Graduação em Agronomia.
Inclui bibliografia.

1. Agronomia - Teses. 2. Milho - Teses. I. Santana, Denise Garcia
de. II. Albuquerque, Carlos Juliano. III. Universidade Federal de Uber-
lândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU: 631

A Deus por me dar sabedoria, luz e força para lutar em busca dos meus objetivos.

À minha querida esposa, Amanda, pelo amor e dedicação a mim dispensados, o que me possibilitou chegar até o fim.

OFEREÇO

Aos meus pais, Aleixo e Luzia Martinelli por sempre me ensinarem a trilhar caminhos retos e confiar em Deus.

A minha filha Alice que está a caminho, por trazer para minha vida mais amor e alegria, tornando-a melhor e carregada de felicidade.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, por iluminar meus caminhos e por me dar forças para conquistar mais esse objetivo em minha vida.

À minha esposa Amanda e sua família, por todo amor, dedicação e sempre acreditarem que eu conseguiria alcançar mais essa vitória.

À Profa. Dra. Denise Garcia de Santana pela confiança, disponibilidade, amizade e valiosas orientações mesmo fora de sua área principal de trabalho.

À Universidade Federal de Uberlândia, pela oportunidade de realizar o curso de Pós-graduação Mestrado em Agronomia.

Aos doutores Ana Paula Oliveira Nogueira, André Humberto de Brito e Marcelo Tavares pela disponibilidade em participar da banca de defesa.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, por todos os ensinamentos que foram fundamentais para meu aprimoramento profissional.

Aos funcionários da secretaria do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Cida e Eduardo) pela amizade, ajuda e apoio constante.

À Dow AgroSciences Sementes e Biotecnologia Brasil Ltda, nas pessoas de Edimilson Linares e Renato Pereira por permitirem que esse sonho se realizasse através do apoio, incentivo e liberação dos dados utilizados neste trabalho.

Aos colegas do Departamento de Desenvolvimento de Produtos da Dow AgroSciences, por contribuírem na instalação e condução dos ensaios.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para realização deste trabalho. Minha gratidão!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
CAPÍTULO 1.....	1
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	2
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 Interação Genótipo x Ambiente	3
2.2 Número ideal de locais para ensaios	4
2.3 Estratificação ambiental.....	5
2.4 Metodologias para estratificação ambiental e estabilidade fenotípica.....	6
REFERÊNCIAS.....	13
CAPÍTULO 2 Estabilidade de híbridos de milho em ambientes de safrinha pelos métodos AMMI, GGEbiplot e REML/BLUP	17
RESUMO.....	18
ABSTRACT.....	19
1 INTRODUÇÃO	20
2 MATERIAL E MÉTODOS	22
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
4 CONCLUSÕES	34
REFERÊNCIAS.....	35
CAPÍTULO 3 Estratificação de ambientes para seleção de híbridos de milho adaptados a condição de safrinha do Brasil Central	37
RESUMO.....	38
ABSTRACT.....	39
1 INTRODUÇÃO	40
2 MATERIAL E MÉTODOS	43
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	47
4 CONCLUSÕES	58
REFERÊNCIAS.....	59

RESUMO

MARTINELLI, André Paulo. **Métodos AMMI, GGEbiplot, REML/BLUP e Análise de Fatores na estabilidade e estratificação de ambientes de safrinha para seleção de híbridos de milho**. 2013. 61p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.*

O presente estudo foi realizado com objetivos de avaliar os efeitos da interação genótipo \times ambiente, adaptabilidade, estabilidade, seleção dos melhores híbridos de milho e estratificar ambientes mais indicados para seleção de genótipos adaptados a safrinha da região Central do Brasil, por meio dos métodos AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), GGEbiplot (Genotype and Genotypes by Environment Interaction), AF (Análise de Fatores) e REML/BLUP. Foram utilizados dados da avaliação de produtividade de grãos, provenientes da empresa Dow AgroSciences, referente a 25 híbridos de milho, em 13 locais distribuídos nos estados de Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Goiás e Distrito Federal, em duas safrinhas, 2011 e 2012. Foram realizadas as análises de variância e posteriormente as análises de adaptabilidade e estabilidade. As análises AMMI e GGE biplot associadas aos valores genéticos preditos estimados pela metodologia REML/BLUP permitiram indicação dos melhores híbridos para cultivo em ambientes de safrinha do Brasil Central. Os melhores híbridos para plantio na safrinha no Brasil Central quanto a adaptabilidade e estabilidade foram: H10, H17, H07, H09 e H05. O método REML/BLUP fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos e apresentaram alta coincidência com os dados médios de produtividade de grãos, no entanto, não permitiram identificar interações específicas entre genótipos \times ambientes como nos métodos AMMI e GGE biplot. Os métodos AMMI, GGE biplot e Análise de Fatores permitiram a estratificação dos ambientes com base na altitude. Os locais que apresentaram o melhor potencial de seleção de genótipos superiores para safrinha foram Jataí - GO, Montividiu - GO, Campo Novo do Parecis - MT e Campo Verde - MT. O método GGE biplot foi superior aos modelos AMMI₁, AMMI₂ e AF por explicar maior proporção da interação genótipo \times ambiente e estes associados ao percentual de diferença crítica (*PDC*) permitiram a redução de 23% no número de ambientes para ensaios futuros.

Termos para indexação: *Zea mays*, Interação Genótipo \times Ambiente, Análise Multivariada, BLUP/REML.

*Comitê orientador: Denise Garcia de Santana – UFU (orientador) e Carlos Juliano Albuquerque.

ABSTRACT

MARTINELLI, André Paulo. **Methods AMMI, GGEbiplot, REML/BLUP, and Factors Analysis on stability and environment stratification of second harvest for selection of maize hybrids.** 2013. 61 p. Dissertation (Master's degree in Agronomy/Crop Sciences) – University of Uberlândia, Uberlândia, Brazil.*

The present study evaluated the effects of genotype by environment interaction, adaptability, stability, selection of the best maize hybrids, and to stratify the most suitable environments for selection of genotypes adapted to second harvest in Central Brazil, by the methods AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), GGEbiplot (Genotype and Genotypes by Environment Interaction), AF (Factor Analysis) and REML/BLUP. Data from the yield evaluations from Dow AgroSciences, for 25 maize hybrids in 13 locations distributed in the States of Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Goiás and Distrito Federal, in two second harvests, 2011 and 2012 were evaluated. Analyses of variance were performed, followed adaptability and stability analyses. GGE biplot and AMMI analyses associated with the predicted genetic values estimated by REML/BLUP methodology allowed the indication of the best hybrids for cultivation for second harvest. The best hybrids for planting for the second harvest in Central Brazil considering the adaptability and stability were: H10, H17, H07, H05 and H09. The REML/BLUP method provides results that are interpreted directly as genotypic values and presented high coincidence with the average yield data; however, it does not identify specific interactions between genotypes x environments such as in AMMI and GGE biplot. The AMMI, GGE biplot and Factor analyses allowed stratification of environments based on altitude. The locations that have the best potential for selection of superior genotypes for second harvest were Jataí - GO, Montividiu - GO, Campo Novo do Parecis - MT and Campo Verde - MT. The GGE biplot method was superior to the models AMMI1, AMMI2 and Factors Analysis, explaining greater proportion of genotype x environment interactions and those associated with the Critical Difference Percentage (CDP) allowed the reduction of the number of environments for future trials in 23%.

Index terms: *Zea mays*, Genotype x Environment Interaction, Multivariate Analysis, REML/BLUP.

*Supervising committee: Denise Garcia de Santana – UFU (Major professor) and Carlos Juliano Albuquerque.

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO GERAL

A identificação de genótipos com alto potencial produtivo, associado a ampla adaptabilidade e estabilidade é o principal objetivo dos programas de melhoramento de híbridos de milho. A interação genótipo \times ambiente é a resposta diferenciada dos genótipos perante os ambientes, especialmente quando a classificação muda de um ambiente para outro. Genótipos com este tipo de resposta não possuem ampla adaptação ou estabilidade. A identificação da interação é importante para determinar os objetivos dos programas de melhoramento, como a escolha dos genitores, identificação das condições ideais de teste e recomendação por região de adaptação das cultivares (YAN et al., 2000).

O processo de estratificação ambiental consiste na subdivisão de regiões heterogêneas em sub-regiões mais uniformes, onde se exclui qualquer interação G \times A significativa, desta forma podem ser exploradas adaptações específicas dos genótipos com os ambientes e excluir os locais com potencial para seleção semelhantes.

Os programas de melhoramento de híbridos de milho no Brasil trabalham com intensa avaliação em experimentos em vários locais e anos. No entanto, os altos custos das atividades desenvolvidas nos programas de pesquisa requerem a racionalização de recursos, como redução do número de ambientes para experimentação e seleção adequada da metodologia na análise de dados.

Para maximizar a seleção, existem metodologias que proporcionam melhor interpretação dos efeitos genéticos e ambientais, podendo estes serem separados, e a seleção ser realizada com base nos efeitos genéticos. Nesse contexto, podendo-se destacar as análises multivariadas AMMI, GGE biplot e Análise de Fatores e, dentro do conceito de modelos mistos, o REML/BLUP. Praticamente todas buscam quantificar o comportamento dos genótipos quanto a sua estabilidade nos diversos ambientes. Além disso, busca-se quantificar as diferenças entre os ambientes e assim selecionar os mais representativos, com melhores potencial para seleção e, conseqüentemente, proporcionando os maiores ganhos genéticos.

Diante disso, os objetivos foram estudar os efeitos da interação genótipo \times ambiente, adaptabilidade, estabilidade, seleção dos melhores híbridos de milho e estratificar ambientes mais indicados para seleção de híbridos adaptados a safrinha da região Central do Brasil.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Interação Genótipo \times Ambiente

No melhoramento de plantas, a produtividade de grãos é um caractere quantitativo, associado ao controle de muitos genes, sendo altamente influenciado pelo ambiente em que o genótipo é cultivado. Desta forma, a interação genótipo \times ambiente é o principal complicador na seleção e recomendação de cultivares para grandes regiões geográficas. Por esta razão, em um programa de melhoramento, as novas cultivares são plantadas em vários locais, em diferentes condições de clima, fertilidade de solo e em diferentes safras (BECHER; LÉON, 1988; ACCIARESI; CHIDICHIMO, 1999). Estes ensaios constituem as chamadas redes de avaliação de cultivares.

O fator ambiente é uma combinação de variações não genéticas que influenciam as respostas fenotípicas do cultivar, podendo ser desde o local onde o genótipo é cultivado, as tecnologias de cultivo como adubação e espaçamento, fatores climáticos como precipitação, temperatura e luminosidade e toda biodiversidade de insetos e patógenos a que as plantas podem estar expostas. Assim, genótipos avaliados em diferentes ambientes podem apresentar comportamento diferenciado frente às condições ambientais distintas, caracterizando a interação entre genótipos e ambientes (BERNARDO, 2002; CRUZ; CARNEIRO, 2006). Caracteres quantitativos, especialmente afetados pelo ambiente, apresentam frequentemente significância da interação (BERNARDO, 2002). Desse modo, se não houvesse interação, uma dada cultivar poderia se adaptar a maioria dos ambientes de cultivo (locais, safras, condições de clima e solo), de maneira que um único ensaio poderia ser base para uma recomendação generalizada (FOX et al., 1997; DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

O valor fenotípico de um indivíduo, quando avaliado em um ambiente, é o resultado da ação do efeito genotípico sob a influência do meio (CRUZ; CARNEIRO, 2006). No entanto, ao avaliar o mesmo indivíduo em vários ambientes surge, frequentemente, um componente adicional que influencia o seu valor fenotípico, que é denominado interação entre os efeitos genotípicos e os ambientais.

Para a detecção da interação é necessário que os genótipos sejam avaliados em dois ou mais ambientes, a avaliação em um único ambiente não permite que o componente da interação seja isolado, acarretando superestimativa da variância genética. Consequentemente, a herdabilidade também fica superestimada,

comprometendo o ganho esperado com a seleção, o qual é diretamente proporcional à herdabilidade (TERASAWA JÚNIOR, et al., 2008). Neste contexto, a interação não deve ser considerada como um problema para o melhoramento de plantas, e sim uma oportunidade de identificar genótipos e ambientes superiores para diferentes condições, maximizando a interação e, conseqüentemente, a resposta positiva de um genótipo.

Apenas a detecção da interação não é suficiente, deve-se também considerar a sua natureza (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A interação pode ser simples quando não causa mudança na classificação dos genótipos entre ambientes ou complexa, quando altera a classificação. A interação simples indica a presença de genótipos adaptados a ampla faixa de ambientes, assim a recomendação de cultivares pode ser feita de forma generalizada. A interação complexa indica a presença de materiais adaptados a ambientes particulares, trazendo complicações ao melhorista, uma vez que a recomendação é restrita a ambientes específicos (RAMALHO et al., 1993).

A interação relacionada à parte simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes, enquanto a interação complexa, pela falta de correlação nos desempenhos médios dos genótipos entre ambientes (CRUZ; CASTOLDI, 1991; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Neste caso, a classificação entre os genótipos é alterada mediante variação do ambiente. Interações complexas têm grande importância no melhoramento, influenciando na eficiência de seleção e na precisão das recomendações de cultivo (BAKER, 1988; CROSSA; CORNELIUS, 1997).

No início do programa de desenvolvimento de um novo cultivar, o melhorista necessita de ambientes que apresentam pouca interação, facilitando assim a seleção dos genótipos com os maiores valores genotípicos. A escolha dos locais deve ser realizada de modo a permitir o uso eficiente de recursos e maximizar as diferenças entre os genótipos (SILVA et al., 2004).

2.2 Número ideal de locais para ensaios

Durante o processo de melhoramento, muitos recursos são gastos para avaliar e avançar novos cultivares. Ensaios em muitos ambientes são capazes de identificar os genótipos que apresentam uma performance constante através dos anos e dos locais.

A eficiência na avaliação dos ensaios em muitos locais pode ser melhorada conhecendo-se os componentes de variâncias envolvidos. Os componentes de variância

podem ser atribuídos aos componentes associados aos genótipos (σ^2_g), ambientes (σ^2_a), e com a interação dos genótipos \times ambientes (σ^2_{ga}) (Fox et al., 1997). Quando os ensaios são avaliados em muitos locais e anos, o componente de variância associado ao ambiente (σ^2_a) pode ser dividido em variâncias associadas aos locais (σ^2_l) e aos anos (σ^2_y). Similarmente, a variância devido a interação pode ser dividida em interação genótipo \times local (σ^2_{gl}), genótipo \times ano (σ^2_{gy}) e genótipo \times local \times ano (σ^2_{gly}) (Fox et al., 1997).

Os componentes de variância podem ser usados para calcular a precisão e a melhor combinação local-anos dos ensaios em muito locais. A precisão dos ensaios podem ser definida através do *CPD* (Percentual de diferença crítica), na qual é a diferença entre dois genótipos, se a real diferença for zero, podendo ser ultrapassado à proporção α (TALBOT, 1984).

$$CPD = \frac{z_{(\alpha)} \times 100 \times \sqrt{2V}}{\mu}$$

em que: V é a variância média do genótipo e igual a $\frac{\sigma^2_{gl}}{l} + \frac{\sigma^2_{gy}}{y} + \frac{\sigma^2_{gly}}{ly} + \frac{\sigma^2}{rly}$; $z_{(\alpha)}$ é o valor da distribuição normal que excede a probabilidade α ; μ é a média geral; l e y , são o número de locais e anos, respectivamente; σ^2 , σ^2_{gl} , σ^2_{gy} e σ^2_{gly} são as variâncias para as interações genótipo \times ambiente, genótipo \times ano e genótipo \times ambiente \times ano, respectivamente.

A contribuição dos locais e anos são diferentes nas redes de ensaios, e a mudança nestes podem causar grande impacto na precisão experimental. Nos programas de melhoramento, o atraso de um ano pode causar perdas substanciais. Segundo Talbot (1997), quando tem-se poucos anos de avaliação, a alteração na quantidade de locais de teste, especialmente quando é maior que cinco, tem um aumento esperado na precisão experimental.

2.3 Estratificação ambiental

Com o objetivo de contornar os inconvenientes proporcionados pela interação genótipo \times ambiente é recomendada a estratificação da região de adaptação das culturas em sub-regiões mais homogêneas (CRUZ et al., 2012). Sem subdivisão das regiões, somente uma adaptação ampla pode ser explorada, porém com a subdivisão, adaptações específicas podem ser exploradas (GAUCH; ZOBEL, 1997). Os primeiros estudos de

dissimilaridade entre ambientes, por meio da interação, foram propostos por Horner e Frey (1957). Para a dissimilaridade entre locais definiu-se o quadrado médio da interação, obtidos da análise conjunta de variância dos locais, dois a dois. Entre os métodos tradicionais alguns permitem estratificar os ambientes em sub-regiões, dentro das quais a interação não se mostre significativa (BRASIL, 1990; DUARTE; ZIMMERMANN, 1991).

A estratificação de ambientes pode ser identificada com base na similaridade de desempenho das cultivares (BERNARDO, 2002; CRUZ et al., 2012). O agrupamento hierárquico de ambientes em sub-conjuntos homogêneos através de análises de agrupamentos seria a abordagem mais usual na manipulação da interação (BERNARDO, 2002). Chaves (2001) propõe para a estratificação de ambientes por meio da análise da interação a obtenção da matriz de distância entre os locais, a análise de agrupamento dos ambientes mais próximos, o estabelecimento de sub-regiões homogêneas e o confronto destes resultados com fatores previsíveis de ambiente como região geográfica, altitude entre outros.

Estudos a respeito da interação apesar de serem de grande importância para o melhoramento, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Para este objetivo, realizam-se análises de adaptabilidade e estabilidade, pelas quais se torna possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ et al., 2012).

2.4 Metodologias para estratificação ambiental e estabilidade fenotípica

A adaptação e a estabilidade embora sejam fenômenos relacionados, não devem ser interpretados de forma similar (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A adaptabilidade é a capacidade potencial dos genótipos de responderem vantajosamente ao estímulo ambiental e a estabilidade é a capacidade de um genótipo exibir desempenho mais constante possível (MARIOTTI et al., 1976). Segundo Cruz et al. (2012), essas definições são consideradas apropriadas por vários autores (BONATO, 1978; SANTOS, 1980; LEITE, 1988).

Estudos dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade contribuem amplamente por fornecerem informações sobre como cada genótipo se comporta em relação às condições diferenciadas de cada ambiente, se apresentam comportamentos previsíveis e

se são responsivos às variações ambientais. Atualmente, existe mais de uma dezena de métodos frequentemente utilizados no melhoramento de plantas para se avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica (CRUZ; CARNEIRO, 2006; CRUZ et al., 2012). A diferença entre eles está nos parâmetros adotados para sua avaliação, nos procedimentos biométricos empregados para avaliá-los, na informação ou detalhamento da sua análise (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992, CRUZ; CARNEIRO, 2006). Alguns procedimentos conduzem a resultados similares, outros possuem propriedades estatísticas superiores e alguns permitem interpretações mais simples dos resultados. Assim, a escolha *a priori* do método é tarefa difícil (RESENDE, 2007).

Os procedimentos de análise da interação evoluíram da tradicional ANOVA conjunta de experimentos (PLAISTED; PETERSON, 1959), passando pelos métodos de estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípica baseados em análises de regressão linear simples (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSEL, 1966; TAI, 1971), pelos métodos de regressão linear bi-segmentada (VERMA et al., 1978; SILVA; BARRETO, 1986; CRUZ et al., 1989; STORCK; VENCOVSKY, 1994), pelas análises não paramétricas, como a ordem de classificação genotípica (LIN; BINNS, 1988; HUEHN, 1990; ANNICCHIARICO, 1992), pelos modelos multiplicativos que integram a análise comum de variância (método univariado) com a análise de componentes principais ou análise de fatores (método multivariado) (ZOBEL et al., 1988; YAN et al., 2000; MURAKAMI; CRUZ, 2004) até os modelos lineares mistos REML/BLUP (RESENDE, 2002).

A regressão é um dos procedimentos mais utilizados no estudo da estabilidade. Proposta inicialmente por Yates e Cochran (1938), recebeu mais notoriedade por meio dos trabalhos de Finlay e Wilkinson (1963) e Eberhart e Russel (1966). Os modelos de regressão linear receberam críticas da comunidade científica (BECKER; LEON, 1998; TOLER; BURROWS, 1998), no entanto, são utilizadas frequentemente. A principal crítica é baseada no fato de que o índice ambiental não é independente da variável resposta, por ser estimado a partir da resposta média ambiental. O efeito dessa dependência diminui com o aumento do número de genótipos. Uma segunda crítica está relacionada ao uso de estimadores viesados dos coeficientes de regressão devido à variável independente ser mensurada com erros (STORCK; VENCOVSKY, 1994). Entretanto, o viés reduz à medida que os efeitos ambientais aumentam. Outro problema que pode afetar a inferência é a violação de suposições da homogeneidade das variâncias do resíduo ambiental (FERREIRA et al., 2006).

As metodologias tradicionais são incapazes de reconhecer o genótipo ideal, uma vez que se avalia um único coeficiente de regressão, o qual é estimado em uma única análise em que se consideram todos os ambientes testados (CRUZ, REGAZZI, 1994; CRUZ; CARNEIRO, 2006). Nessas metodologias, o genótipo ideal corre risco de ser descartado, pois tendo dupla inclinação, seus desvios, que deveriam ser examinados nos diferentes ambientes, poderiam ser relativamente altos em relação à reta estimada. Os métodos embasados em modelos de regressão tendem a simplificar os modelos de resposta, explicando a variação devido a interação em apenas uma dimensão, quando na verdade ela pode ser bastante complexa (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Outra desvantagem desses métodos é não informar sobre interações específicas (positivas ou negativas) de genótipos com ambientes, podendo não ser explorados os efeitos benéficos dos efeitos de interação.

Os procedimentos univariados, como a análise de variância, têm limitações de detectar interação de fatores, mesmo em situações de elevada magnitude em termos de soma de quadrados (ZOBEL et al., 1988). Em função disso, Crossa (1990) sugere que o uso de técnicas multivariadas permite melhor uso da informação do que os tradicionais métodos de regressão, recomendando principalmente o método AMMI (efeito aditivo principal e interação multiplicativa). Vargas et al. (1999) citam que a análise AMMI é mais eficiente que o modelo de análise de variância convencional em descrever a interação por apresentar melhor acurácia para modelar e interpretar a interação que a regressão linear simples com base nas médias ambientais, pois a interação pode ser modelada em mais de uma dimensão. Os modelos multiplicativos têm o objetivo de identificar as melhores cultivares para ambientes específicos ou identificar subgrupos de ambientes que não apresentam interação (BERNARDES, 2002).

A análise AMMI combina, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Segundo Zobel et al. (1988), este método requer primeiramente o emprego da análise de variância comum à matriz de médias para estimar os efeitos principais, parte aditiva (média geral, efeitos genotípicos e ambientais) e desdobramento da interação, constituindo a parte multiplicativa do modelo que pode ser analisada por decomposição dos valores singulares (DVS) ou análise de componentes principais (ACP). Os autores também salientam que, o método AMMI permite análise mais detalhada da interação, garante a seleção de genótipos mais

produtivos, propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita fácil interpretação gráfica dos resultados da análise.

Pelo AMMI, os gráficos denominados de *biplot* AMMI₁ apresentam apenas o primeiro eixo de interação (IPCA eixo 1). No entanto, são construídos em duas dimensões, utilizando-se o eixo das abscissas para representar os efeitos principais (médias de genótipos e de ambientes) e as ordenadas para expressar os escores de genótipos e ambientes para o referido eixo da interação. A interpretação de um *biplot* quanto a interação é feita observando-se a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes para o(s) eixo(s) de interação. Assim, escores baixos, próximos de zero, são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a interação, caracterizando-os como estáveis (DUARTE; VENCOSKY, 1999).

Outro método que tem sido muito utilizado para estratificação ambiental e estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos, com base nos vencedores é uma modificação da análise AMMI proposta por Yan et al. (2000). A metodologia denominada GGE biplot (genótipo + interação genótipo \times ambiente), busca agrupar o efeito de genótipo, efeito aditivo da análise AMMI, com a interação, efeito multiplicativo, e submeter estes efeitos as análises de componentes principais, chamada de “sites regression” ou SREG como sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997). Conforme descrito por Yan et al. (2000), seu SREG é um modelo multiplicativo de regressão para locais ou sítios e seu biplot é chamado de GGEbiplot. Esta técnica integra a análise de variância com componentes principais e demonstra eficiência superior na explicação da maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada com a análise de variância e regressão conjunta (YAN et al., 2000).

A principal vantagem dessa técnica em relação à análise AMMI está no fato de que o método GGE biplot explica sempre uma porção intermediária da soma de quadrados de genótipos mais a interação, em relação aos modelos AMMI₁ e AMMI₂. Outra vantagem do GGE biplot em relação ao AMMI₁ é que no AMMI₁ os eixos estão em unidades diferentes (abscissa – produtividade média e ordenada IPCA₁). A performance média do genótipo em dado ambiente não pode ser visualizada com precisão. No gráfico GGE biplot, ambos os eixos estão na mesma escala. Portanto, o gráfico GGE biplot mostra não só a performance média e a estabilidade de cada genótipo, mas também a performance relativa de cada genótipo em cada ambiente (YAN et al., 2007).

No gráfico GGE biplot, o genótipo ideal deve ter alto valor de CP_1 (alta média de produtividade) e próximo de zero para o CP_2 (mais estável). O ambiente de teste ideal é aquele com alto valor para CP_1 (maior poder de discriminação de genótipos) e próximo de zero para o CP_2 (mais representativo da média ambiental geral). Assim, pode-se afirmar que o primeiro componente principal representa a produtividade e, o segundo componente principal, a estabilidade.

Dentre as técnicas multivariadas, a análise de fatores vem sendo empregada nos estudos agronômicos há relativamente pouco tempo (MURAKAMI; CRUZ, 2004, GARBUGLIO et al., 2007; MENDONÇA et al., 2007; FRITSCH NETO et al., 2010; RIBEIRO; ALMEIDA, 2011). Murakami e Cruz (2004) propuseram o estudo de adaptabilidade e estratificação ambiental por meio do princípio da similaridade do desempenho genotípico pela análise de fatores (AF). Esta técnica permite transformar um elevado número de variáveis originais (ambientes), em um número reduzido de variáveis abstratas, ou fatores, podendo estes ser independentes ou correlacionados e cada fator reúne variáveis originais fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente correlacionadas com as dos outros fatores (JOHNSON; WICHERN, 1992). Quando uma variável for avaliada em diferentes ambientes, os valores obtidos em cada ambiente podem ser tratados como uma variável diferente, sendo possível, por meio de análise multivariada, estabelecer subgrupos de ambientes. Isso significa que é possível estratificá-los de modo que haja altas correlações dentro de subgrupos e baixa ou nenhuma entre subgrupos (MURAKAMI; CRUZ, 2004). Então, a AF pode segregar subgrupos de ambientes com alta correlação da variável produtividade dentro do subgrupo e baixa ou nenhuma entre os subgrupos.

Antes de serem obtidas as cargas fatoriais que permitirão identificar o melhor agrupamento de ambientes, deve-se estabelecer o número de fatores a serem considerados. O número de fatores finais pode ser igual ao número de autovalores maiores ou iguais a 1,0. No entanto, nos casos em que a proporção da variabilidade explicada pelos autovalores maiores que 1,0 for baixa, mais fatores podem ser considerados até que seja atinjada a proporção esperada da explicação da variabilidade, geralmente próximo de 80% da variação total, como sugerem Murakami e Cruz (2004).

A análise de adaptabilidade baseada na AF é realizada graficamente por meio dos escores obtidos em relação aos fatores. De acordo com Murakami e Cruz (2004), nos quadrantes II e IV estão os genótipos com adaptabilidade específica aos ambientes, agrupados em cada um dos dois fatores utilizados na plotagem gráfica. No quadrante I,

estão os genótipos de adaptabilidade ampla, ou seja, aqueles que apresentam escores altos para os ambientes agrupados nos dois fatores, simultaneamente. No quadrante III estão os genótipos de baixa performance, passíveis de não indicação de cultivo para os ambientes em estudo.

Os métodos tradicionais, análise de regressão, não paramétricos e modelos multiplicativos apresentam limitações para dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais (blocos incompletos) e com a heterogeneidade de variâncias entre os vários locais de experimentação, situações estas comuns na experimentação de campo. Além do mais, tais metodologias assumem, em geral, que os efeitos de tratamentos genéticos são fixos, o que é desvantajoso e incoerente com a prática simultânea da estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos (tais quais a herdabilidade) realizada com base nestes experimentos (RESENDE, 2007). Sendo assim, a metodologia por modelos mistos vem ganhando cada vez mais espaço nos programas de melhoramento de plantas.

O BLUP (Melhor predição linear não viesada) é um procedimento por modelos mistos que permite comparações entre genótipos provenientes de diferentes populações em diferentes ensaios. O procedimento ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis (tais quais os efeitos de bloco, ano de medição, local de plantio, dentre outros) e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos (RESENDE, 2002). Apresenta ainda a vantagem de ser pouco limitante para análises de experimentos desbalanceados com delineamento experimental não ortogonal e com heterogeneidade de variância (RESENDE, 2007a).

O método BLUP tem sido bem empregado na análise de dados em programas de melhoramento animal, mas sua aplicação em programas de melhoramento de plantas é escassa, principalmente no contexto da interação genótipo \times ambiente ainda é escassa (PIEPHO et al. 2008; BALESTRE et al., 2009; BORGES et al., 2010; SILVA et al., 2011; SOUZA JÚNIOR, 2011; MENDES et al., 2012).

No BLUP, a predição de valores genéticos e os métodos de seleção dependem, essencialmente, de estimativas fidedignas de componentes de variância, aos quais são assumidos como conhecidos nos procedimentos BLUP, mas na prática devem ser estimados com a maior precisão e acurácia possível (RESENDE, 2002). O método da máxima verossimilhança restrita (REML) foi desenvolvido por Petterson e Thompson (1971) corrigindo o vício da perda de graus de liberdade do método da máxima verossimilhança. O método da máxima verossimilhança foi desenvolvido por Fisher

(1922) e baseia-se na obtenção do ponto de máximo de uma função de verossimilhança (função densidade de probabilidade conjunta dos pontos amostrais). Em situações de dados desbalanceados, os estimadores de máxima verossimilhança apresentam as seguintes propriedades desejáveis: suficiência, consistência, eficiência e invariância a translação e estimativas não negativas dos componentes de variância. Desta forma, o REML é o procedimento ideal de estimação de componentes de variância com dados desbalanceados (RESENDE, 2002).

A análise REML/BLUP baseia-se nas estimativas de quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico nos ambientes, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos. Assim, a seleção pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) implica simultaneamente em seleção para produtividade e estabilidade. A estimativa de adaptabilidade, refere-se ao desempenho relativo dos valores genotípicos (PRVG) nos ambientes, os valores genotípicos preditos (ou os dados originais) são expressos como proporção da média geral de cada ambiente (RESENDE, 2002).

A seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser realizada pelo método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos (MHPRVG) preditos. Esse método permite selecionar simultaneamente pelos três atributos mencionados e apresenta as vantagens de (a) considerar os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; (b) permitir desbalanceamento, delineamentos não ortogonais, heterogeneidade de variâncias e erros correlacionados dentro de locais; (c) fornecer valores genéticos descontados (penalizados) da instabilidade; (d) poder ser aplicado com qualquer número de ambientes; (e) permitir considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; (f) não depender da estimação de outros parâmetros tais quais coeficientes de regressão; (g) gerar resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado e (h) computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente (RESENDE, 2002).

A utilização do BLUP no melhoramento de plantas está aumentando e merece considerável atenção por serem de grande abrangência, permitindo análises confiáveis em casos de desbalanceamentos, aproveitamento de informações entre parentescos e permitindo conexões de ensaios repetidos no tempo, ou no espaço, dispondo de tratamentos regulares e não-regulares (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

REFERÊNCIAS

- ACCIARESI, H. A.; CHIDICHIMO, H. O. Genotype environment interaction in *Avena sativa* L.: employing AMMI and factorial correspondence models. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n.10, p. 1823-1830, 1999.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **Journal Genetics Breeding**, Italy, v.46, n.1, p. 269-278, 1992.
- BAKER, R.J. Tests for crossover genotype-environmental interactions. **Canadian Journal Plant Science**, Ottawa, v.48, p.405-410, 1988.
- BALESTRE, R.G.; VON PINHO, R.G.; SOUZA, J.C.; OLIVEIRA, R.L. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n.4, p. 1311-1322, 2009.
- BECKER, H. C.; LEON, J. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, Berlin, v.101, p. 1-23, 1988.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press. 2002. 369p.
- BONATO, E.R. Estabilidade fenotípica da produção de grãos de dez cultivares de soja (*Glycine max* L. Merrill) nas condições do Rio Grande do Sul. 1978. 75f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.
- BORGES, V., FERREIRA, P.V., SOARES, L., SANTOS, G.M., SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.
- BRASIL, E. M. Comparação de métodos de controle da interação genótipo ambiente em milho (*Zea mays* L.). 1990. 214 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Goiânia, Goiânia.
- CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001. 1183p.
- CORNELIUS, P.L.; CROSSA, J.; SEYEDSADER, M.S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 199-234.
- CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 405-415, 1997.
- CROSSA, J.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R.W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 30, p. 493-500, 1990.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: Ed. UFV, 2006. v.2. 585 p.
- CRUZ, C.D., CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v. 38, p. 422-430, 1991.

- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.
- CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.de; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 567-580, 1989.
- DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. Interação genótipo x ambientes: uma introdução a análise AMMI. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 1999. (Série Monografias, 9).
- DUARTE, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. Selection of location for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germoplasm evaluation. **Revista Brasileira Genética**, v.14, n.3, p. 765-770, 1991.
- EBERHART, S. A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6, n.1, p. 36-40, 1966.
- FERREIRA, D.F.; DEMETRIO, C.G.B.; MANLY, B.F.J.; VENCOSKY, R. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding, **Cerne**, Lavras, v.12, n.4, p. 373-388, 2006.
- FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australina Journal Agricultural Research**, Collingwood, v.14, n.6, p. 742-754, 1963.
- FISHER, R. A. On the mathematical foundations of theoretical statistics. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**, Series A, n.222, p. 309-368, 1922.
- FOX, P.N., CROSSA, J. ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype x environment interaction. In: Kempton, R.A.; Fox, P.N. (ed). **Statistical methods for plant variety evaluation**. Chapman and Hall: London, UK, 1997. p. 162-174.
- FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, H. N. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype x environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.5, p.1043-1048, 2010.
- GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Identifying mega-environments a targeting genotypes. **Crop Science**, Madison, v.37, p. 311-326, 1997.
- GARBUGLIO, D.D.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M.; FONSECA, N.S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.2, p.183-191, 2007.
- HORNER, T.W.; FREY, K.J. Methods of determining natural areas for oat varietal recommendations. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 49, p. 313-315, 1957.
- HUENH, M. Nonparametric measures of phenotypic stability: Part1: Theory. **Euphytica**, v.47, p.189-194, 1990.
- JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey-USA: Englewood Cliffs, 1992. 642p.
- LEITE, A.C.S. Adaptabilidade, estabilidade, heterose e avaliação de metodologias alternativas na seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays*). 1988. 118f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v.68, n. 3, p. 193-198, 1988.

MENDES, F.F.; GUIMARÃES, L.J.M.; SOUZA, J.C.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; MACHADO, J.R.A.; MEIRELLES, W.F.; SILVA, A.R.; PARENTONI, S.N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, n. 12, p. 111-117, 2012.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PIPOLO, V., GARBUGLIO, D.D.; FONSECA, N.S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.11, p.1567-1575, nov. 2007.

MARIOTTI, J. A. et al. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, Tucuman, v. 13. n. 1, p.405-412, jan. 1976.

MURAKAMI, D.M.; CRUZ, C.D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v.4, n.1, p. 7-11, 2004.

PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209-228, 2008.

PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selection to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, Washington, v. 36, n. 6, p. 381-385, 1959.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RESENDE, M.D.V.; **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 971p.

RESENDE, M.D.V. **Selegen-Reml/Blup**: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 360p.

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, ago. 2011.

SANTOS, J.B. Estabilidade fenotípica e cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) nas condições do Sul de Minas. 1980. 110f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA, 1., 1985, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: ESALQ, 1985. p. 49-50.

SILVA, G.O.; CARVALHO, A.D.F.L.; VIEIRA, J.V.; BENIN, G. 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, 2011.

SILVA, H.D.; PINTO, R.M.C.; BIASE, N.G.; Metodologia para agrupamento de ambientes de modo a minimizar a interação genótipos x ambientes na avaliação de híbridos de milho. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 20, n. 3, p. 61-67, 2004.

SOUZA JR, C.L. Cultivar development of allogamous crops. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, S1, p. 8-15, 2011.

STORCK, L.; VENCovsky, R. Stability analysis based on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.17, n.1, p. 75-81, 1994.

TAI, G.C.C Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, Madison, v.11, n.2, p.184-190, 1971.

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

TOLER, J.E.; BURROWS, P.M. Genotype performance over environmental arrays: a non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, Abingdon, v.25, n.1, p. 131-143, 1998.

TALBOT, M. Yield variability of crop varieties in the U.K. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 102, p. 315-321, 1984.

TALBOT, M. Resource allocation for selection systems. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. (ed). **Statistical methods for plant variety evaluation**. Chapman and Hall, London, UK. p. 162-174, 1997.

VARGAS, W.; CROSSA, J.; EEUWIJK, F.A. van.; RAMIREZ, M.E.; SAYRE, K. Using partial least squares regression, factorial regression, and AMMI models for interpreting genotype-by-environment interaction. **Crop Science**, Madison, v. 39, n.4, p. 955-967, 1999.

VENCovsky, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theory Applied Genetics**, Berlin, v.53, n.2, p. 89-91, 1978.

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

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

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-65, 2007.

YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of group of experiments. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v.28, n.4, p. 556-580, 1938.

CAPÍTULO 2

**Estabilidade de híbridos de milho em ambientes de safrinha pelos
métodos AMMI, GGEbiplot e REML/BLUP**

O capítulo 2 será transcrito em formato de artigo e encaminhado para submissão de Periódico científico Acta Scientiarum Agronomy com o seguinte título:

Estabilidade de híbridos de milho em ambientes de safrinha pelos métodos AMMI, GGEbiplot e REML/BLUP

André Paulo Martinelli ^(1,3), Denise Garcia de Santana ⁽²⁾

¹Pós-graduação em Agronomia, ²ICIAG – Instituto de Ciências Agrárias – Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia – MG, ³Dow AgroSciences Sementes e Biotecnologia Brasil Ltda, Indianópolis – MG <apmartinelli@dow.com>, <dgsantana@umarama.ufu.br>

RESUMO

Os objetivos deste estudo foram avaliar a performance e estabilidade produtiva de híbridos de milho em condições de safrinha por meio dos métodos AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), GGEbiplot (Genotype and Genotypes by Environment Interaction) e REML/BLUP na seleção dos melhores híbridos e comparar a eficiência destes métodos. Vinte e cinco híbridos foram avaliados quanto a produtividade de grãos em treze ambientes nas safrinhas 2011 e 2012. Foram realizadas as análises de variância, adaptabilidade e estabilidade. O método GGE biplot foi superior aos modelos AMMI₁ e AMMI₂, por explicar maior proporção da interação genótipo \times ambiente. O método REML/BLUP fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos e apresentaram alta coincidência com os dados médios de produtividade de grãos, no entanto, não permite identificar interações específicas entre genótipos \times ambientes como nos métodos AMMI e GGE biplot. As análises AMMI e GGE biplot associadas aos valores genéticos preditos estimados pela metodologia REML/BLUP permitiram indicação dos melhores híbridos para cultivo em ambientes de safrinha do Brasil Central. Os melhores híbridos para plantio na safrinha no Brasil Central quanto a adaptabilidade e estabilidade são: H10, H17, H07, H09 e H05.

Termos para indexação: *Zea mays*, Interação Genótipo \times Ambiente, Análise Multivariada, BLUP/REML.

Stability of maize hybrids in second harvest season by the methods AMMI, GGEbiplot and REML/BLUP

ABSTRACT

This study evaluated yield performance and stability of 25 maize hybrids in second harvest conditions by the methods AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), GGEbiplot (Genotype and Genotypes by Environment Interaction) and REML/BLUP and compare the efficiency of these methods. Twenty-five hybrids were evaluated for yield in thirteen environments in two growing seasons, second harvests 2011 and 2012. Analyses of variance, adaptability and stability were performed. The GGE biplot method was superior to the models AMMI₁ and AMMI₂, explaining greater proportion of interaction genotype x environment. The REML/BLUP method provides results that are interpreted directly as genotypic values and presented high coincidence with yield. However, it does not allow the identification of specific interactions between genotypes x environments as in AMMI and GGE biplot. GGE biplot and AMMI analyses associated with the predicted genetic values estimated by REML/BLUP methodology allowed indication of the best hybrids for growing for second harvest season in Central Brazil. The best hybrids for growing for second harvest season in Central Brazil considering adaptability and stability are: H10, H17, H07, H05 and H09.

Index terms: *Zea mays*, Genotype x Environment Interaction, Multivariate Analysis, REML/BLUP.

1 INTRODUÇÃO

A identificação de genótipos com alto potencial produtivo, associado a ampla adaptabilidade e estabilidade é o principal objetivo dos programas de melhoramento de híbridos de milho. A interação genótipo \times ambiente é muito importante para os melhoristas de plantas, representando um dos maiores desafios durante o processo de seleção de genótipos superiores, especialmente quando a classificação muda de uma ambiente para outro. Quando a interação genótipo \times ambiente não é bem quantificada o desvio padrão fenotípico pode aumentar influenciando negativamente a estimativa de herdabilidade, consequentemente há redução nos ganhos genéticos. A mensuração da interação é extremamente importante, porque pode ser usada para estabelecer os objetivos de um programa de melhoramento, como a escolha dos genitores, identificação das condições ideais de teste e recomendação por região de adaptação das cultivares (YAN et al., 2000). Nesse contexto, há metodologias recentes que explicam os efeitos principais (genótipos e ambientes) e sua interação, podendo-se destacar as análises multivariadas AMMI e GGE biplot e, dentro do conceito de modelos mistos, o REML/BLUP.

A análise AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction) combina, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). Segundo Zobel et al. (1988), este método requer primeiramente o emprego da análise de variância à matriz de médias para estimar os efeitos principais, parte aditiva (média geral, efeitos genotípicos e ambientais) e desdobramento da interação, constituindo a parte multiplicativa do modelo que pode ser analisada por decomposição dos valores singulares (DVS) ou análise de componentes principais (ACP). Os autores também salientam que o método AMMI permite análise mais detalhada da interação, garante a seleção de genótipos mais produtivos, propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e possibilita fácil interpretação gráfica dos resultados da análise.

Outro método que tem sido muito utilizado para o estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos é uma modificação da análise AMMI que foi proposta por Yan et al. (2000). A metodologia denominada GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction), busca agrupar o efeito de genótipo, efeito aditivo da análise AMMI, com a interação, efeito multiplicativo e submeter estes efeitos as análises de

componentes principais, chamada de “sites regression” ou SREG como sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997). Conforme descrito por Yan et al. (2000), seu SREG é um modelo multiplicativo de regressão para locais ou sítios e seu biplot é chamado de GGEbiplot. Esta técnica integra a análise de variância com componentes principais e demonstra eficiência superior por explicar maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada a análise de variância conjunta (YAN et al., 2000).

Contudo, os métodos tradicionais, análise de regressão, não paramétricos e modelos multiplicativos apresentam limitações para lidar com dados desbalanceados, delineamentos experimentais não ortogonais e com a heterogeneidade de variâncias, situações estas, comuns na experimentação de campo (RESENDE, 2007). Sendo assim, a metodologia por modelos mistos vem ganhando cada vez mais espaço nos programas de melhoramento de plantas.

O método BLUP (Best Linear Unbiased Prediction/ Melhor Preditor Linear não Viesado) tem sido bem empregado na análise de dados em programas de melhoramento animal, mas sua aplicação em programas de melhoramento de plantas é recente, principalmente no contexto da interação genótipo \times ambiente ainda é escassa (PIEPHO et al. 2008; BALESTRE et al., 2009; BORGES et al., 2010; SILVA et al., 2011; SOUZA JÚNIOR, 2011; MENDES et al., 2012). O BLUP é um procedimento que permite comparações entre genótipos provenientes de diferentes populações em diferentes ensaios, ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis (tais quais os efeitos de bloco, ano de avaliação, local de cultivo, dentre outros) e simultaneamente prediz os valores genéticos dos indivíduos (RESENDE, 2002). Para o estudo da interação por modelos lineares mistos, Resende (2007) propôs a análise REML/BLUP com seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, através do método da média harmônica do desempenho relativo dos valores genéticos preditos (MHPRVG). Além das vantagens acima, o método MHPRVG pode ser usado em dados desbalanceados, delineamentos não-ortogonais e com heterogeneidade de variâncias.

Diante disso, os objetivos deste estudo foram avaliar a performance e estabilidade produtiva de 25 híbridos de milho em condições de safrinha e comparar a eficiência dos métodos AMMI, GGEbiplot e REML/BLUP na seleção dos melhores híbridos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Os ensaios foram conduzidos em ambientes de produção de safrinha nos anos de 2011 e 2012. As produtividades de grãos de 25 híbridos de milho (Tabela 1) foram obtidas da rede ensaios da empresa Dow AgroSciences em 13 locais, duas safras, totalizando 26 ambientes, distribuídos na região Central do Brasil, estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás e Distrito Federal (Tabela 2).

Tabela 1. Relação dos 25 híbridos avaliados em 13 ambientes da região Brasil Central nas safrinhas de 2011 e 2012.

Código.	Tipo de híbrido	Empresa
H01	Híbrido Triplo	Dow AgroSciences
H02	Híbrido Triplo	Morgan
H03	Híbrido Triplo	Morgan
H04	Híbrido Triplo	Dow AgroSciences
H05	Híbrido Triplo	Dow AgroSciences
H06	Híbrido Simples	Dow AgroSciences
H07	Híbrido Simples Modificado	Dow AgroSciences
H08	Híbrido Triplo	Dow AgroSciences
H09	Híbrido Simples	Dow AgroSciences
H10	Híbrido Simples	Morgan
H11	Híbrido Simples	Morgan
H12	Híbrido Simples Modificado	Morgan
H13	Híbrido Simples Modificado	Morgan
H14	Híbrido Triplo	Morgan
H15	Híbrido Simples Modificado	Dow AgroSciences
H16	Híbrido Triplo	Dow AgroSciences
H17	Híbrido Simples Modificado	Dow AgroSciences
H18	Híbrido Triplo	Dow AgroSciences
H19	Híbrido Simples Modificado	Dow AgroSciences
H20	Híbrido Simples Modificado	Dow AgroSciences
H21	Híbrido Simples	Agrocere - Monsanto
H22	Híbrido Simples	Dekalb - Monsanto
H23	Híbrido Simples	Syngenta
H24	Híbrido Triplo	Pioneer
H25	Híbrido Simples	Pioneer

Os híbridos foram dispostos em delineamento de blocos completos casualizados com duas repetições. As parcelas foram constituídas de quatro fileiras de plantas com 4 m, sendo as duas linhas centrais consideradas parcelas úteis. Foram realizados os tratos culturais de acordo com as recomendações para cultura do milho na região. O espaçamento utilizado foi de 0,5 m e estande médio corrigido para 60,000 plantas ha⁻¹

após desbaste. O peso de grãos foi corrigido para umidade de 13,5% e transformados para Kg ha⁻¹.

Tabela 2. Ambientes de instalação dos ensaios de produtividade de grãos pela rede de avaliação de híbridos de milho da empresa Dow AgroSciences. Safrinhas 2011 e 2012.

Código Local		Altitude (m)	Semeadura		Colheita	
			2011	2012	2011	2012
BRA	Brasília-DF	960	14/02	04/02	15/07	13/07
CNP	Campo Novo do Parecis-MT	570	18/02	11/02	12/07	09/07
CVE	Campo Verde-MT	700	08/02	11/02	06/07	28/06
CRI	Cristalina-GO	1000	02/02	03/02	05/07	04/07
DIA	Diamantino-MT	550	21/02	12/02	07/07	02/07
JAT	Jataí-GO	912	22/02	05/02	25/07	06/07
LRV	Lucas do Rio Verde-MT	390	19/02	02/02	04/07	02/07
MON	Montividiu-GO	920	01/02	28/01	18/06	04/07
NMU	Nova Mutum-MT	460	10/02	05/02	23/06	04/07
PRI	Primavera do Leste-MT	630	12/02	19/02	08/07	13/07
SGO	São Gabriel do Oeste-MS	680	02/02	20/02	07/07	03/08
SRS	Sorriso-MT	385	16/02	21/02	13/07	27/06
TAP	Tapurah-MT	390	05/02	28/02	24/06	07/07

Inicialmente, com objetivo de avaliar a variabilidade entre os híbridos e a precisão experimental, foram realizadas as análises de variância individuais. Antes de realizar a análise conjunta de variância foram realizadas comparações entre as magnitudes dos quadrados médios dos erros máximos e mínimos, como sugerido por Pimentel-Gomes (2000) e Cruz et al. (2012) a fim de verificar a homogeneidade das variâncias. A análise conjunta foi realizada considerando os genótipos fixos e os ambientes aleatórios. As análises de variâncias foram realizadas por meio do software Genes (CRUZ, 2006).

A significância das interações genótipo \times ambiente (GL), genótipo \times ano (GA) e genótipo \times ambiente \times ano (GLA) para produtividade de grãos (Kg ha⁻¹) nas safrinhas 2011 e 2012 foram estimadas através do seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + l_j + y_k + gl_{ij} + gy_{ik} + ly_{jk} + gly_{ijk} + \varepsilon_{ij}$$

em que: μ é a média geral; $g_i + l_j + y_k$ é o efeito médio do i -ésimo genótipo, j -ésimo local, e k -ésimo ano, respectivamente; $gl_{ij} + gy_{ik} + ly_{jk} + gly_{ijk}$ são as interações dos efeitos de genótipo \times ambiente, genótipo \times ano, ambiente \times ano e genótipo \times ambiente \times ano, respectivamente; e ε_{ij} é o erro associado ao i -ésimo genótipo, j -ésimo ambiente.

Uma vez constatada a significância da interação genótipo \times ambiente (Teste F significativo), procedeu-se os estudos de adaptabilidade e estabilidade utilizando as metodologias AMMI (ZOBEL et al., 1988), GGE Biplot (YAN et al., 2000) e REML/BLUP (RESENDE, 2002). Para utilização do método AMMI, o modelo empregado foi:

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

em que: \bar{Y}_{ij} é a produtividade média do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, G$ híbridos) no ambiente j ($j = 1, 2, \dots, A$ ambientes); μ é a média geral dos ensaios; g_i é o efeito fixo do genótipo i ; a_j é o efeito do ambiente j ; λ_k é o k -ésimo valor singular (escalar) da matriz de interações original (denotada por GA); γ_{ik} é o elemento correspondente ao i -ésimo genótipo, no k -ésimo vetor singular coluna da matriz GA; α_{jk} é o elemento correspondente ao j -ésimo ambiente, no k -ésimo vetor singular linha da matriz GA; ρ_{jk} é o resíduo associado ao termo $(ga)_{ij}$ da interação clássica do genótipo i com o ambiente j ; ε_{ij} é o erro experimental médio associado à observação, assumindo como independente $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$; n o número de eixos ou de componentes principais retidos para descrever o padrão da interação genótipo \times ambiente.

O método GGE biplot foi embasado no seguinte modelo:

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

em que: \bar{Y}_{ij} representa o produtividade média do genótipo i no ambiente j ; μ_j é a produtividade média geral no ambiente j ; $\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$ é o primeiro componente principal IPCA₁, do efeito de genótipos + interação genótipos \times ambiente; $\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$ é o segundo componente principal IPCA₂, do efeito de genótipos + interação genótipos \times ambiente; λ_1 e λ_2 são os autovalores associados ao IPCA₁ e ao IPCA₂ respectivamente; γ_{i1} e γ_{i2} são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, para o i -ésimo genótipo; α_{j1} e α_{j2} são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente para o j -ésimo ambiente; $\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o erro do modelo associado com o i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente (YAN; KANG, 2003).

Para a análise REML/BLUP foi utilizado o seguinte modelo estatístico para avaliação genética, pelos maiores valores da média harmônica, dos valores genotípicos MHPRVG proposto por (RESENDE, 2007), assumindo que:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

Em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo \times ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas X , Z e W representam as matrizes de incidência para efeitos r , g e i , respectivamente.

As equações do modelo misto forneceram os valores genéticos:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_{ga}^2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \\ \hat{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

A partir dos valores genéticos preditos (\hat{g}), as percentagens relativas dos valores genéticos (PRVG) foram estimadas para cada híbrido, nos diferentes ambientes, pela expressão: $PRVG_{ij} = VG_{ij}/VG_j$, onde VG_{ij} é o valor genético do genótipo i no ambiente j e VG_j corresponde a média genotípica no ambiente j . Subsequentemente, a média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos foram estimadas para cada genótipo por: $MHPRVG_{i.} = n / \sum_{j=1}^k \frac{1}{PRVG_{ij}}$, em que n é o número de ambientes. Para facilitar a interpretação dos resultados, os valores MHPRVG foram multiplicados pela média geral de todos os ambientes (GM), proporcionando resultados na mesma magnitude da característica estudada.

A análise “AMMI” foi realizada por meio do software Estabilidade, desenvolvido por Ferreira (2002), a análise “GGE biplot” por meio do software GGEbiplot, desenvolvido por Weikai Yan (2001) e “REML/BLUP” por meio do software Selegen – REML/BLUP desenvolvido por Resende (2002).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As magnitudes dos quadrados médios dos resíduos individuais máximos e mínimos foram de 2,33 para 2011 e de 2,39 para 2012 e, portanto, menores que sete. Este valor de referência foi sugerido por Pimentel-Gomes (2000) e Cruz et al. (2012). Sendo assim, as variâncias residuais foram homogêneas e a análise de variância conjunta dentro e entre os dois anos safras foi aplicada. Na análise conjunta, a fonte de variação interação genótipos \times ambientes \times safras foi altamente significativa, podendo-se inferir que o efeito safra interferiu na resposta dos genótipos. Contudo, optou-se por análises conjuntas separadas por anos safras.

A partir da análise conjunta (Tabela 3), foi constatada diferença significativa ($P < 0,01$) para a fonte de variação genótipos perante aos 13 ambientes nos dois anos safras. Alta significância também foi observada para fonte de variação ambientes, de onde se infere que o conjunto de ambientes foi distinto nas duas safras. Para a interação foi verificada alta significância ($P < 0,01$) nas duas safras, o que indica que os genótipos apresentaram respostas diferenciadas em cada ambiente. Os coeficientes de variação da análise conjunta foram baixos, 9,12 e 8,05% para 2011 e 2012 respectivamente, demonstrando alta precisão experimental do conjunto de ensaios.

O desdobramento da interação genótipo \times ambiente pelo método AMMI (Tabela 3) foi altamente significativo para os modelos AMMI₁, AMMI₂, AMMI₃ em ambas as safras. Os desvios foram significativos apenas para safra 2011, isso indica que para essa safra há necessidade de acrescentar componentes principais ao modelo para tentar capturar toda variação ambiental. No entanto, a representação gráfica com mais de dois componentes principais se tornou de difícil interpretação.

Os dois primeiros componentes principais do modelo AMMI₂ explicaram 43,8 e 54,4% da SQ_{GXA} para safras 2011 e 2012 respectivamente (Tabela 3). Balestre et al. (2009) e Oliveira et al. (2010), trabalhando com análise da estabilidade de genótipos de milho cultivados no verão no território brasileiro, observaram que o modelo AMMI₂ explicou 42,77% e 34,02% da SQ_{GXA} respectivamente. Desta forma, o percentual de explicação obtido pelo AMMI₂, corrobora com o observado por estes autores. Segundo Duarte e Vencovsky (1999), para que os *biplots* sejam apresentados é necessário que o primeiro componente principal acumule proporções entre 27,2% a 72%. Carbonell et al. (2004) mencionaram que é conveniente uma análise visual prévia. No entanto, não há

um consenso sobre qual seria o percentual mínimo sobre a proporção da $SQ_{G \times A}$ que deve ser acumulada no primeiro componente.

A presença de efeitos significativos para os desvios na $SQ_{G \times A}$ na safra 2011, pode ser decorrente da alta variabilidade dos ambientes de safrinha, que podem ter contribuído para diluição da explicação em mais de dois componentes principais. A fonte de variação ambientes foi responsável por 66,3 e 70,1% da variação total para safras 2011 e 2012. Segundo Annicchiarico (1997), ambientes localizados em regiões tropicais são mais propensos à ocorrência de estresses ambientais. Além das diferenças climáticas proporcionadas pela altitude e tratos culturais, a semeadura em época de safrinha está sujeita a diferentes tipos de estresses regionais como secas e elevadas temperaturas. Possivelmente seja esse um dos fatores para a menor explicação dos dois primeiros componentes principais, menor média geral e maior coeficiente de variação em 2011.

Tabela 3. Componentes de variância, percentual do total da variância e percentual de explicação acumulada pelos métodos AMMI e GGEbiplot para produtividade de grãos ($Kg\ ha^{-1}$) na região central do Brasil, Safrinha 2011 e 2012.

FV		Safrinhas	
		2011	2012
	GL	Componentes de variância	
Genótipo (G)	24	0,3197 **	0,4136 **
Ambiente (A)	12	2,5237 **	3,3159 **
Genótipo \times Ambiente (G \times A)	288	0,2914 **	0,3692 **
		% do total da variância	
Genótipo (G)		8,39	8,75
Ambiente (A)		66,3	70,1
Genótipo \times Ambiente (G \times A)		7,65	7,81
	Eixos	% de explicação acumulada	
AMMI ⁽¹⁾	1º	24,2 **	40,6 **
	2º	43,8 **	54,4 **
	3º	56,0 **	65,9 **
GGE biplot ⁽²⁾	1º	47,5	59,2
	2º	59,3	69,8
	3º	66,2	76,2
Média ($Kg\ ha^{-1}$)		8567	9548
CV (%)		9,12	8,05

⁽¹⁾ Proporção da soma de quadrados da interação G \times A acumulada em cada componente principal da análise AMMI;

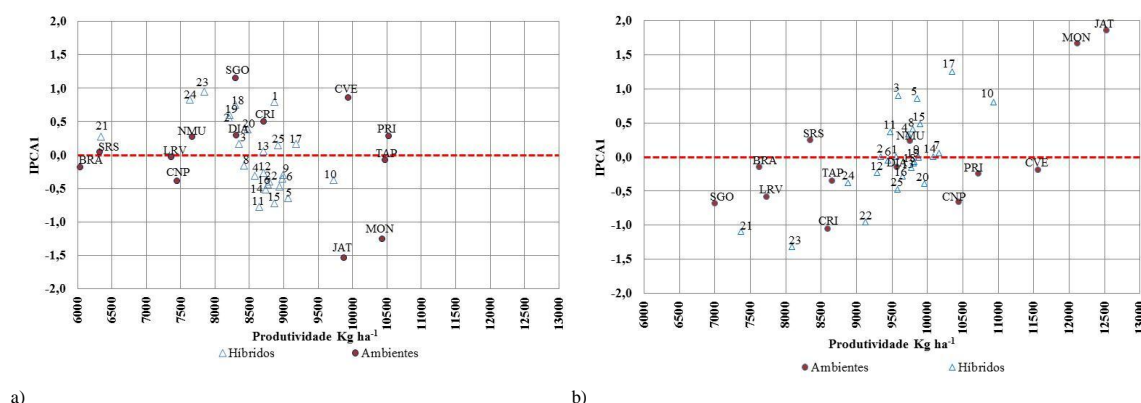
⁽²⁾ Proporção da soma de quadrados da interação G+G \times A acumulada em cada componente principal da análise GGEbiplot.

* e ** Significativo a $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F.

No presente trabalho, optou-se por construir um biplot AMMI₁ (médias e escores obtidos no primeiro componente principal) que absorveu 24,2 e 40,6% da

variação (Figura 1) e um segundo biplot AMMI₂ (escores dos dois primeiros componentes) que absorveu 43,8 e 54,4% da variação (Figura 2).

Pelo método AMMI₁, dos 25 genótipos avaliados, 17 obtiveram médias superiores a média geral (8567 Kg ha⁻¹) em 2011 e 16 em 2012 (9585 Kg ha⁻¹). Destes, os híbridos (H01, H04, H05, H07, H09, H10, H13, H14, H15, H16, H17 e H25) apresentaram produtividade de grãos superior a média geral nas duas safras (Tabela 4). Os genótipos mais próximos da origem indicam que contribuíram menos para interação, ou seja, foram mais estáveis. Apenas o híbrido H13 apresentou escores próximos de zero nas duas safras, podendo ser considerado o híbrido mais estável. Contudo, apresentou performance média com a 13^a melhor média em 2011 (8700 Kg ha⁻¹) e a 12^a média em 2012 (9780 Kg ha⁻¹) (Tabela 4). No entanto, a determinação do genótipo ideal está relacionado às maiores médias e os menores IPCA (Figura 1). Desta forma, considerando a adaptabilidade e estabilidade em 2011, os melhores híbridos foram H10 e H17 e em 2012 os híbridos H07, H09 e H14.



a) b)
 Figura 1 Biplot AMMI₁ para os dados de produtividade de grãos (Kg ha⁻¹) de 25 genótipos de milho e 13 ambientes (BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT) Safrinha 2011(a) e Safrinha 2012 (b). Safrinha 2011(a) e 2012(b).

As relações adaptativas podem ser constatadas com facilidade em um biplot AMMI₂ (Figura 2). A partir do método AMMI₂, os híbridos mais estáveis em 2011 foram H13, H03 e H08 sendo a 13^a, 19^a e 18^a médias e em 2012 os mais estáveis foram H09 e H14 com 7^a e 4^a médias (Tabela 4). Considerando as maiores médias com os menores escores de IPCA₁ e IPCA₂, os melhores híbridos em 2011 foram H09 e H17 com médias de 8990 e 9180 Kg ha⁻¹ e em 2012 foram H09 e H14 com médias de 9890 e 10090 Kg ha⁻¹. Assim, foi possível inferir que por adaptabilidade e estabilidade o

híbrido H09 foi o que apresentou os menores escores e as maiores produtividades nos dois anos de cultivo.

A adaptabilidade dos híbridos em cada local de cultivo é interpretada observando-se os sinais dos escores para híbridos e ambientes, visto que híbridos e locais com escores de mesmo sinal (-,- ou +,+) interagem positivamente, ao passo que sinais opostos (-,+ ou +,-) apresentam interação negativa (DUARTE; VENCOVSKY, 1999), indicando em qual ambiente o híbrido deve ser preferencialmente cultivado. Os híbridos H05, H07 e H11 apresentaram o mesmo sinal de escores para os $IPCA_1$ e $IPCA_2$ no ambiente JAT nas duas safras, podendo-se inferir que esses híbridos são recomendados para plantio nesta região (Figura 2).

Tabela 4. Média de produtividade de grãos ($Kg\ ha^{-1}$) de 25 híbridos em 13 ambientes. Safrinha 2011 e 2012.

Ordem	2011		2012	
	Híbridos	$Kg\ ha^{-1}$	Híbridos	$Kg\ ha^{-1}$
1	H10	9723 a	H10	10946 a
2	H17	9182 b	H17	10354 b
3	H05	9060 b	H07	10172 c
4	H09	8991 b	H14	10091 c
5	H06	8974 b	H20	9966 c
6	H07	8941 b	H15	9908 c
7	H25	8913 b	H09	9886 c
8	H15	8863 b	H05	9862 c
9	H01	8859 b	H19	9824 c
10	H22	8786 b	H18	9813 c
11	H16	8763 b	H08	9797 c
12	H14	8733 b	H13	9782 c
13	H13	8703 b	H04	9738 c
14	H12	8702 b	H16	9661 d
15	H11	8638 c	H03	9596 d
16	H04	8584 c	H25	9588 d
17	H20	8473 c	H01	9566 d
18	H08	8424 c	H11	9479 d
19	H03	8346 c	H06	9456 d
20	H18	8296 c	H02	9350 d
21	H19	8214 c	H12	9296 d
22	H02	8199 c	H22	9136 e
23	H23	7840 d	H24	8884 e
24	H24	7634 d	H23	8099 f
25	H21	6342 e	H21	7375 g
Média		8567	9585	
CV (%)		9,12	8,05	
QMR		0,611	0,596	

Nota: (*) Médias seguidas de mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-knott.

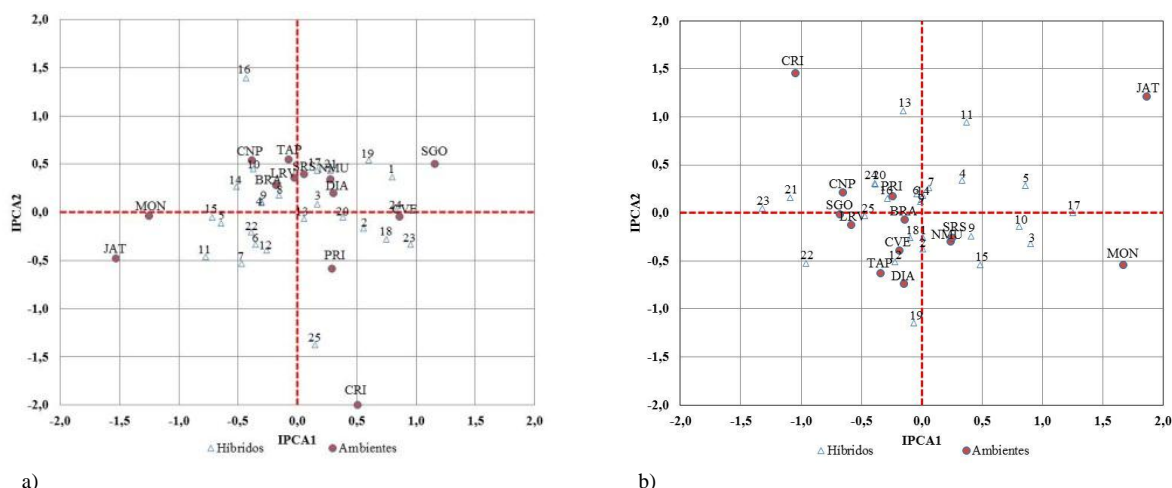


Figura 2 Biplot AMMI2 com os dois primeiros componentes principais de interação (IPCA₁ e IPCA₂), para dados de produtividade de grãos (Kg ha⁻¹) de 25 híbridos de milho e 13 ambientes (BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT). Safrinha 2011(a) e 2012 (b).

Para o método GGE biplot foram apresentados os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2), derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipos (G) + interação (GxA). Os primeiros componentes representaram 59,3% e 69,8% da $SQ_G + SQ_{G \times A}$ (Tabela 3). Esses percentuais são condizentes com as metodologias multivariadas e estão acima dos obtidos por Balestre et al. (2009), Oliveira et al. (2010) e Fritsche-Neto et al. (2010) que também trabalharam com genótipos de milho, no território brasileiro, e observaram percentuais de 53,82%, 27,17% e 52,23% respectivamente.

O primeiro componente principal (PC1) indica a adaptabilidade dos genótipos, ou seja, é altamente correlacionada com a produtividade (YAN et al., 2000). Nesse sentido, os híbridos H10 e H17 foram o mais adaptados aos ambientes de avaliação nas duas safras, seguidos dos híbridos H05, H09, H06, H07 e H25 em 2011 e H14, H07, H20, H19 e H05 em 2012 (Figura 3). O segundo componente principal (PC2) indica a estabilidade fenotípica, ou seja, os genótipos mais próximos de zero seriam os mais estáveis (YAN et al., 2000). Assim, em ordem decrescente de estabilidade os híbridos H06, H01, H02, H16, H12 e H04 apresentaram as maiores estabilidades para safrinha 2011 e os híbridos H01, H03, H11, H13, H04 e H20 os mais estáveis para safrinha 2012. Os híbridos H01 e H04 apresentaram alta estabilidade nos dois anos de cultivo,

porém com performance produtiva média (Tabela 4). Assim, os genótipos produtivos e estáveis deverão possuir escores elevados para o PC1, porém, próximos de zero para o PC2. Esses genótipos são facilmente identificados em ambientes com elevados escores de PC1 e próximos de zero em PC2. Os genótipos mais estáveis e produtivos através o modelo GGE biplot foram os híbridos H17, H05, H09, H06 e H07 apresentaram boa estabilidade e 2^a, 3^a, 4^a, 5^a e 6^a melhores médias em 2011. Na safra 2012, os mais estáveis e produtivos foram H07 e H14 com as 3^a e 4^a melhores médias (Tabela 4). Considerando os dois anos de cultivo, o híbrido H07 apresentou boa adaptabilidade e estabilidade com rendimento produtivo nas duas safrinhas de 8940 e 10170 Kg ha⁻¹ (Tabela 4).

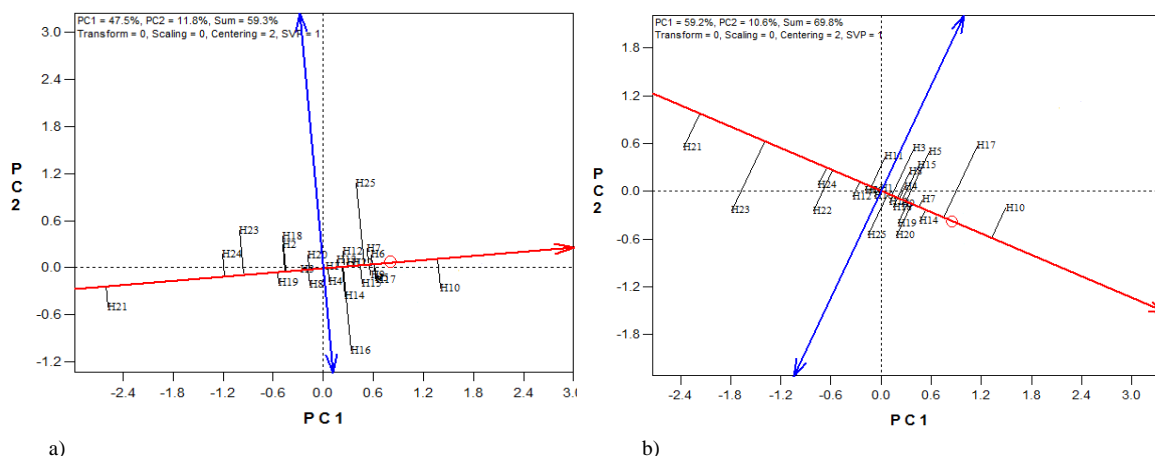


Figura 3 Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais de G + GxA (PC1 e PC2) para produtividade de grãos (Kg ha⁻¹), correspondente a 25 híbridos de milho e 13 ambientes. Safrinha 2011(a) e 2012(b).

Através do método REML/BLUP foram estimadas, considerando os efeitos aleatórios, as herdabilidades genotípica e fenotípica para produção de grãos (Tabela 05). A herdabilidade para produtividade de grãos pode ser considerada alta 0,876 e 0,891 para os dois anos respectivamente, com esta informação, podemos inferir que a seleção para essa característica é eficiente. A estimativa de herdabilidade genotípica foi de $0,251 \pm 0,056$ em 2011 e $0,289 \pm 0,059$ em 2012. Conforme Resende (2002), desvios padrão de até 20% para a herdabilidade seriam os mais desejados para uso de predição de valores genéticos. As estimativas de acurácia, que mensuram a correlação entre os valores preditos e os valores reais, também foram altas 93,6% (2011) e 94,4% (2012). De acordo com Resende (2007), a precisão experimental pode ser considerada excelente em experimentos com valores de acurácia superiores a 90%.

Quando se analisam os tratamentos como efeitos aleatórios, os testes de comparações múltiplas entre médias de tratamentos não devem ser utilizados, uma vez que estes são derivados em suposição de efeitos tratamentos como fixos (RESENDE, 2004) e também porque são aplicados e produzem inferências sobre médias fenotípicas e não médias genotípicas (RESENDE, 2002). O que se obtém é um ordenamento decrescente dos genótipos em função de seus valores genéticos (DUARTE; VENCOSKY, 2001).

Tabela 5. Estimativas de parâmetros genéticos para produtividade de grãos (Kg ha⁻¹) para os híbridos de milho obtidos com o uso da metodologia REML/BLUP. Safrinha 2011 e 2012.

Parâmetros	2011	2012
σ^2_g	0,348	0,432
$\sigma^2_{g \times a}$	0,239	0,316
Herdabilidade genotípica	0,251 ± 0,056	0,289 ± 0,059
Herdabilidade (h ²)	0,876	0,891
Acurácia	0,936	0,944

Para o método REML/BLUP foram apresentados os valores de estabilidade e adaptabilidade por valores genéticos (MHPRVG) para as safrinhas 2011 e 2012 (Tabelas 6). As médias genotípicas calculadas pelo REML/BLUP apresentaram alta coincidência com os valores de médias fenotípicas (Tabela 4), fato que nem sempre ocorre. Carbonell et al. (2007) constataram variação na coincidência, de modo que estimativas de adaptabilidade e estabilidade propiciam um refinamento na recomendação das melhores cultivares. Dentre os 10 híbridos com maiores valores estimados para adaptabilidade e estabilidade, cinco se repetiram nas duas safras (H10, H17, H07, H09 e H05). Sendo assim, estes podem ser considerados os genótipos ideais para cultivo na região de safrinha do Brasil Central.

Diferentemente dos métodos AMMI e GGEbiplot que em todas as safras consideraram o híbrido H10 como de baixa adaptabilidade, o procedimento REML/BLUP considerou-o como sendo o híbrido com maior adaptabilidade e estabilidade e não os híbridos H07, H09, como nos métodos AMMI e GGEbiplot. Este resultado parece também é aceitável, pois esse híbrido apresentou a maior média conjunta nas duas safrinhas.

A identificação dos melhores híbridos apresentaram coincidências entre os métodos. Quanto a eficiência das análises, o método GGE biplot conseguiu explicar

59,3% e 69,8% da soma de quadrados de (G) + (GxA). O método AMMI₂ explicou 43,8 e 54,4% da soma de quadrados da interação. Vários autores haviam relatado a superioridade do GGE biplot em relação ao AMMI₂ (YAN et al., 2000; MA et al., 2004; SAMONTE et al., 2005; OLIVEIRA et al., 2010).

Tabela 6. Valores de estabilidade e adaptabilidade por valores genéticos (MHPRVG) em (Kg ha⁻¹) para 25 híbridos de milho em 13 ambientes. Safrinha 2011 e 2012.

Ordem	2011		2012	
	Híbrido	MHPRVG	Híbrido	MHPRVG
1	H10	9579	H10	10854
2	H17	9142	H17	10271
3	H05	9045	H07	10138
4	H06	8950	H14	10068
5	H09	8947	H20	9931
6	H07	8903	H09	9877
7	H01	8849	H15	9876
8	H15	8841	H05	9822
9	H16	8746	H19	9799
10	H25	8744	H18	9798
11	H22	8737	H08	9779
12	H14	8717	H13	9772
13	H12	8689	H16	9681
14	H13	8677	H04	9676
15	H11	8631	H25	9582
16	H04	8594	H01	9562
17	H20	8483	H03	9546
18	H08	8441	H06	9450
19	H03	8350	H11	9449
20	H18	8306	H02	9369
21	H19	8226	H12	9305
22	H02	8201	H22	9188
23	H23	7864	H24	8895
24	H24	7639	H23	8173
25	H21	6449	H21	7494

As análises gráficas dos métodos AMMI e GGE biplot permitiram a apresentação e a interpretação dos dados de forma simples e de fácil entendimento. Contudo, é preciso considerar que as análises AMMI e GGE biplot captaram apenas uma parte da variância total. O método REML/BLUP, sendo um modelo misto, fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos, penalizados ou capitalizados pelas estimativas de estabilidade e adaptabilidade (CARBONEL et al., 2007; VERARDI et al., 2009), no entanto, não permite identificar interações específicas entre genótipos x ambientes como nos métodos AMMI e GGE biplot.

4 CONCLUSÕES

1. O método GGE biplot é superior aos modelos AMMI₁ e AMMI₂, por explicar maior proporção da soma de quadrados da interação genótipo \times ambiente e por possuir análises gráficas mais simples e de maior praticidade;
2. As análises AMMI e GGE biplot associadas aos valores genéticos preditos estimados pela metodologia REML/BLUP permitiram indicação dos melhores híbridos para cultivo na época de safrinha do Brasil Central;
3. O método REML/BLUP fornece resultados que são interpretados diretamente como valores genotípicos e apresentaram alta coincidência com os dados médios de produtividade de grãos, no entanto, não permite identificar interações específicas entre genótipos \times ambientes como nos métodos AMMI e GGE biplot;
4. Os melhores híbridos para plantio na safrinha no Brasil Central quanto a adaptabilidade e estabilidade são: H10, H17, H07, H09 e H05.

REFERÊNCIAS

- ANNICCHIARICO, P. Joint regression vs AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. **Euphytica**, Wageningen, v.94, n.1, p. 53-62, 1997.
- BALESTRE, R.G.; VON PINHO, R.G.; SOUZA, J.C.; OLIVEIRA, R.L. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n.4, p. 1311-1322, 2009.
- BORGES, V., FERREIRA, P.V., SOARES, L., SANTOS, G.M., SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.
- CARBONELL, S.A.M.; AZEVEDO FILHO, J.A.; DIAS, L.A.S.; GARCIA, A.A.F.; MORAES, L.K. Common Bean Cultivars and lines interactions with environments. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.61, n.2, p. 169-177, 2004.
- CARBONELL, S.A.M.; CHIORATO, A.F.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.S.; BERALDO, A.L.A.; PERINA, E.F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.2, p. 193-201, 2007.
- CORNELIUS, P.L.; CROSSA, J.; SEYEDSADER, M.S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 199-234.
- CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, Madison, v.37, p. 405-415, 1997.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: biometria**. V2009.7.0. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.
- DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Interação genótipo x ambientes: uma introdução a análise AMMI. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 1999. (Série Monografias, 9).
- DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R. Estimção e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n.1, p. 109-117, 2001.
- FERREIRA, D.F. **Estabilidade**. Versão 3.0 (Build 13), Lavras, MG 2002. Disponível em: <www.dex.ufla.br>. Acesso em 29 nov. 2011.
- FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, H. N. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype x environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.5, p.1043-1048, mai. 2010.
- MA, B.L., YAN, W.; DWYER, L.M.; FRÉGEAU-REID, J.; VOLDENG, H. D.; DION, Y.; NASS, H. Graphic Analysis of Genotype, Environment, Nitrogen Fertilizer, and Their Interactions on Spring Wheat Yield. **Agronomy Journal**, Stanford, v. 96, p. 169-180, Jan. 2004.

- MENDES, F.F.; GUIMARÃES, L.J.M.; SOUZA, J.C.; GUIMARÃES, P.E.O.; PACHECO, C.A.P.; MACHADO, J.R.A.; MEIRELLES, W.F.; SILVA, A.R.; PARENTONI, S.N. Adaptability and stability of maize varieties using mixed model methodology. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, n. 12, p. 111-117, 2012.
- OLIVEIRA, R.L.; VON PINHO, R.G.; BALESTRE, M.; FERREIRA, D.V. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, p. 247-253, 2010.
- PIEPHO, H.P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, p. 209-228, 2008.
- PIMENTEL-GOMES, F. Análise de grupos de experimentos. In: PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14 ed. Piracicaba: “Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, 2000. p.135-159.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 971p.
- RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Floresta, 2004. (Domumentos, 100).
- RESENDE, M.D.V. **Selegen-Reml/Blup**: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 360p.
- SAMONTE, S.O.P.B.; WILSON, L.T.; MCCLUNG, A.M.; MEDLEY, J.C. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analysis. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 6, p. 2414-2424, 2005.
- SILVA, G.O., CARVALHO, A.D.FL, VIEIRA, J.V., BENIN, G. 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, 2011.
- SOUZA JR, C.L. Cultivar development of allogamous crops. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, S1, p. 8-15, 2011.
- VERARDI, C.K.; RESENDE, M.D.Z.V.; COSTA, R.B.; GONÇALVES, P.S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, p.1277-1282, 2009.
- ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, p. 388-393, 1988.
- YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 3, p. 597-605, 2000.
- YAN, Weikai. **GGEbiplot**: Data management and biplot analyse sistem: Pattern Explorer. Version 7.0. Copyright Weikai Yan (2001-2009).

CAPÍTULO 3

Estratificação de ambientes para seleção de híbridos de milho
adaptados a condição de safrinha do Brasil Central

O capítulo 3 será transcrito em formato de artigo e encaminhado para submissão de Periódico científico Scientia Agricola com o seguinte título:

Estratificação de ambientes para seleção de híbridos de milho adaptados a condição de safrinha do Brasil Central

André Paulo Martinelli ^(1,4), Denise Garcia de Santana ⁽²⁾, Carlos Juliano Albuquerque ⁽²⁾
Ana Paula Oliveira Nogueira ⁽³⁾, André Humberto de Brito ⁽⁴⁾

¹Pós-graduação em Agronomia, ²ICIAG – Instituto de Ciências Agrárias, ³INGEB – Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia – UFU – Uberlândia – MG, ⁴Dow AgroSciences Sementes e Biotecnologia Brasil Ltda, Indianópolis – MG E-mail: <apmartinelli@dow.com>

RESUMO

O objetivo desse trabalho foi estratificar os ambientes para seleção de híbridos de milho superiores em condições de safrinha por meio dos métodos AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis), GGEbiplot (Genotype and Genotypes by Environment Interaction), AF (Análise de Fatores) e comparar a eficiência destes métodos. Utilizaram-se dados da avaliação de produtividade de grãos de vinte e cinco híbridos de milho, em treze locais e duas safrinhas, 2011 e 2012. Foram realizadas as análises de variância, adaptabilidade, estabilidade e estratificação ambiental. Os métodos permitiram a estratificação dos ambientes com base na altitude. Os locais que apresentaram o melhor potencial de seleção de genótipos superiores para safrinha foram Jataí-GO, Montividiu-GO, Campo Novo do Parecis - MT e Campo Verde - MT. O método GGE biplot foi superior aos modelos AMMI₁, AMMI₂ e AF, por explicar maior proporção da interação genótipo \times ambiente e estes associados ao percentual de diferença crítica (*PDC*) permitiram a redução de 23% no número de ambientes para ensaios futuros.

Termos para indexação: *Zea mays*, GGE biplot, Métodos multivariados.

Environment stratification for selecting maize hybrids adapted to second harvest season in Central Brazil

ABSTRACT

This study evaluated the environment stratification for selecting superior maize hybrids under second harvest season conditions by methods AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*), GGEbiplot (*Genotypes and Genotype by Environment Interaction*), AF (factor analysis) and compared the efficiency of these methods. Data from the evaluation of grain yield of twenty-five maize hybrids and thirteen locations in two seasons, 2011 and 2012 were used. Analysis of variance and environment stratification were performed. These methods allowed the stratification of environments based on altitude. The places that had the best potential for selecting superior genotypes were Jataí - GO, Montividiu - GO, Campo Novo do Parecis - MT and Campo Verde - MT. The GGE biplot method was superior to models AMMI₁, AMMI₂ and AF, explaining greater proportion of genotype by environment interactions. These methods associated with Critical Difference Percentage (*CDP*) allowed to reduce the number of locations for future trials in 23%.

Index terms: *Zea mays*, GGE biplot, multivariate methods.

1 INTRODUÇÃO

A interação genótipo \times ambiente é a resposta diferenciada dos genótipos perante os ambientes, sendo um complicador no processo de seleção e melhoramento de plantas, particularmente quando a interação é complexa (a classificação muda de um ambiente para o outro). Genótipos com este tipo de resposta não possuem ampla adaptação ou estabilidade. A identificação da interação é importante para determinar os objetivos do programas de melhoramento, podendo este ser voltado para seleção de genótipos com ampla adaptação ou adaptação específica.

Durante o desenvolvimento de uma nova cultivar, os genótipos tem que ser avaliados em vários locais e anos, contudo, se não houvesse interação, uma dada cultivar poderia se adaptar a maioria dos ambientes de cultivo (locais, safras, condições de clima e solo), de maneira que um único ensaio poderia ser suficiente para uma recomendação generalizada (DUARTE; VENCOVSKY, 1999).

As regiões de avaliação podem ser sub-dividida em sub-regiões ou mega-ambientes com condições homogêneas que irão reduzir a interação, desta forma podem ser exploradas adaptações específicas dos genótipos com os ambientes e excluir os locais com potencial para seleção semelhantes. Para Silva et al. (2004), a escolha dos locais deve ser realizada de modo a permitir o uso eficiente de recursos e maximizar as diferenças entre os genótipos.

O processo de estratificação ambiental consiste na subdivisão de regiões heterogêneas em sub-regiões mais uniformes, onde se exclui qualquer interação G \times A significativa ou, em outras situações, uma interação significativa com predominância de porção simples, ou seja, que não venha a comprometer a recomendação das cultivares. Cruz et al. (2012) recomendam a estratificação da região de adaptação das culturas em sub-regiões mais homogêneas, com o objetivo de contornar os inconvenientes proporcionados pela interação. Para Gauch e Zobel (1997), sem subdivisão das regiões, somente uma adaptação ampla pode ser explorada, mas com a subdivisão, adaptações específicas podem ser exploradas.

Os primeiros estudos de dissimilaridade entre ambientes, por meio da interação genótipo \times ambiente foram propostos por Horner e Frey (1957). Segundo Bernardo (2002) e Cruz et al. (2012) a estratificação de ambientes pode ser identificada com base na similaridade de desempenho das cultivares. Para Bernardo (2002), o agrupamento hierárquico de ambientes em sub-conjuntos homogêneos seria a abordagem mais usual

na manipulação da interação. Chaves (2001) propõe as seguintes ações para estratificação de ambientes por meio da análise da interação genótipo \times ambiente: obtenção da matriz de distância entre os locais; análise de agrupamento dos ambientes mais próximos; estabelecer sub-regiões homogêneas e o confrontar estes resultados com fatores previsíveis de ambiente como: região geográfica, altitude entre outros.

A maioria das análises e interpretações da interação genótipo \times ambientes utiliza a análise de variância e a média para comparação entre os anos e ambientes (ZOBEL et al., 1988). A análise de variância permite fracionar a variabilidade total nos diferentes componentes (anos, locais, genótipos e suas interações) mas deixa de fora valiosas informações sobre os padrões de genótipos, ambientes e genótipos \times ambientes. Adicionalmente, a análise de variância apresenta limitações de detectar interação de fatores, mesmo em situações de elevada magnitude em termos de soma de quadrados (ZOBEL et al., 1988). Em função disso, Crossa et al. (1990) sugerem que o uso de técnicas multivariadas permite melhor uso da informação do que os tradicionais métodos de regressão, recomendando principalmente o método *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*, ou AMMI. Os modelos multiplicativos têm o objetivo de identificar as melhores cultivares para os ambientes específicos e a formação de subgrupos de ambientes que não apresentam interação (BERNARDO, 2002).

A análise AMMI integra, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação (DUARTE; VENCOSKY, 1999). Segundo Zobel et al. (1988), este método requer primeiramente o emprego da análise de variância comum à matriz de médias para estimar os efeitos principais, parte aditiva (média geral, efeitos genotípicos e ambientais). A segunda parte é resultando em um resíduo de não aditividade, isto é a interação entre genótipos \times ambientes, constituindo a parte multiplicativa do modelo que pode ser analisada por decomposição dos valores singulares (DVS) ou análise de componentes principais (ACP).

Outro método que tem sido muito utilizado para estratificação ambiental, com base nos genótipos vencedores é uma modificação da análise AMMI proposta por Yan et al. (2000). A metodologia denominada GGE biplot (*Genotype and Genotypes by Environments Interaction*) visa agrupar o efeito de genótipo, que é um efeito aditivo da análise AMMI, com a interação, que é um efeito multiplicativo, e submeter estes efeitos as análises de componentes principais, chamada de *Sites regression* ou SREG como sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997). Conforme descrito por

Yan et al. (2000), seu SREG é um modelo multiplicativo de regressão para locais ou sítios e seu biplot é chamado de GGEbiplot. Esta técnica integra a análise de variância com componentes principais e demonstra eficiência superior na explicação de uma maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada com a análise de variância e regressão conjunta (YAN et al., 2000).

Dentre as técnicas multivariadas, a análise de fatores vem sendo empregada nos estudos de interação há relativamente pouco tempo (MURAKAMI; CRUZ, 2004, GARBUGLIO et al., 2007; MENDONÇA et al., 2007; FRITSCH NETO et al., 2010; RIBEIRO; ALMEIDA, 2011). Murakami e Cruz (2004) propuseram o estudo de adaptabilidade e estratificação ambiental por meio do princípio da similaridade do desempenho genotípico através da análise de fatores (AF). Esta técnica permite reduzir um número elevado de variáveis originais (ambientes) em um pequeno número de variáveis abstradas, ou fatores. Esses fatores podem ser independentes ou correlacionados, e cada fator reúne variáveis originais fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente correlacionadas com as dos outros fatores (JOHNSON; WICHERN, 1992). Quando uma variável for avaliada em diferentes ambientes, os valores obtidos em cada ambiente podem ser tratados como uma variável diferente, sendo possível, por meio de análise multivariada, estabelecer subgrupos de ambientes. Isso significa que é possível estratificá-los de modo que haja altas correlações dentro de subgrupos e baixa ou nenhuma entre subgrupos (MURAKAMI; CRUZ, 2004). Então, a AF pode segregar subgrupos de ambientes com alta correlação da variável produtividade dentro do subgrupo e baixa ou nenhuma entre os subgrupos.

Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi utilizar e comparar a eficiência dos métodos AMMI, GGE biplot e Análise de Fatores na estratificação de ambientes para seleção de híbridos de milho superiores em condições de safrinha

2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados de 25 híbridos da rede de ensaios da empresa Dow AgroSciences, sendo sete híbridos simples modificados (H07, H12, H13, H15, H17, H19, H20), oito híbridos simples (H06, H09, H10, H11, H21, H22, H23, H25) e dez híbridos triplos (H01, H02, H03, H04, H05, H08, H14, H16, H18, H24). Os dados utilizados nas análises são referentes a produtividade de grãos (corrigido para umidade de 13,5% e transformados para Kg ha^{-1}) obtidos a partir de ensaios conduzidos em delineamento em blocos completos casualizados com duas repetições. As parcelas foram constituídas de quatro fileiras de plantas com 4 m, espaçadas de 0,5 m e estande médio corrigido para 60,000 plantas ha^{-1} após desbaste, sendo as duas linhas centrais consideradas parcelas úteis. Foram realizados os manejos culturais de acordo com as recomendações para cultura do milho safrinha na região.

Considerou-se como ambientes, a combinação de 13 locais, em duas safras (Safrinha 2011 e 2012), totalizando 26 ambientes, distribuídos na região Central do Brasil, nos estados de Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás e Distrito Federal (Tabela 1).

Tabela 1. Relação de ambientes de instalação dos ensaios de produtividade de grãos da rede de avaliação de híbridos de milho da empresa Dow AgroSciences. Safrinhas 2011 e 2012.

Local	Altitude (m)	Data da Semeadura		Data da Colheita	
		2011	2012	2011	2012
Brasília-DF	960	14/02	04/02	15/07	13/07
Campo Novo do Parecis-MT	570	18/02	11/02	12/07	09/07
Campo Verde-MT	700	08/02	11/02	06/07	28/06
Cristalina-GO	1000	02/02	03/02	05/07	04/07
Diamantino-MT	550	21/02	12/02	07/07	02/07
Jataí-GO	912	22/02	05/02	25/07	06/07
Lucas do Rio Verde-MT	390	19/02	02/02	04/07	02/07
Montividiu-GO	920	01/02	28/01	18/06	04/07
Nova Mutum-MT	460	10/02	05/02	23/06	04/07
Primavera do Leste-MT	630	12/02	19/02	08/07	13/07
São Gabriel do Oeste-MS	680	02/02	20/02	07/07	03/08
Sorriso-MT	385	16/02	21/02	13/07	27/06
Tapurah-MT	390	05/02	28/02	24/06	07/07

Após as análises de variâncias individuais e verificação da homogeneidade de variâncias residuais pela magnitude dos quadrados médios dos erros máximos e

mínimos, como sugerem Pimentel-Gomes (2000) e Cruz et al. (2012) foi realizada a análise conjunta considerando-se os efeitos dos genótipos fixos, e locais e anos aleatórios. As análises de variâncias foram realizadas por meio do software Genes (CRUZ, 2006).

Componentes de variância e percentual de diferença crítica (PDC)

A significância das interações genótipo \times ambiente (GA), genótipo \times ano (GL) e genótipo \times ambiente \times ano (GAL) para produtividade de grãos (Kg ha⁻¹) nas safrinhas 2011 e 2012 foram estimadas através do seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} = \mu + g_i + l_j + y_k + gl_{ij} + gy_{ik} + ly_{jk} + gly_{ijk} + \varepsilon_{ij}$$

em que: μ é a média geral; $g_i + l_j + y_k$ é o efeito médio do i -ésimo genótipo, j -ésimo ambiente, e k -ésimo ano, respectivamente; $gl_{ij} + gy_{ik} + ly_{jk} + gly_{ijk}$ são as interações dos efeitos de genótipo \times ambiente, genótipo \times ano, ambiente \times ano e genótipo \times ambiente \times ano, respectivamente; e ε_{ij} é o erro associado ao i -ésimo genótipo, j -ésimo local.

A estimativa da melhor combinação local-anos, foi estimada por meio do Percentual de diferença crítica - PDC (CPD “Critical percentage difference”) descrita por Talbot (1984) e foi calculada seguindo o modelo:

$$CPD = \frac{z_{(\alpha)} \times 100 \times \sqrt{2V}}{\mu}$$

em que: V é a variância média do genótipo e igual a $\frac{\sigma_{gl}^2}{l} + \frac{\sigma_{gy}^2}{y} + \frac{\sigma_{gly}^2}{ly} + \frac{\sigma^2}{rly}$; $z_{(\alpha)}$ é o valor da distribuição normal que excede a probabilidade α ; μ é a média geral; l e y , são o número de locais e anos, respectivamente; σ^2 , σ_{gl}^2 , σ_{gy}^2 e σ_{gly}^2 são as variâncias para as interações genótipo \times ambiente, genótipo \times ano e genótipo \times ambiente \times ano, respectivamente.

Uma vez constatada interação (teste F significativo), procedeu-se os estudos de estratificação ambiental utilizando as metodologias AMMI (ZOBEL et al., 1988), GGE Biplot (YAN et al., 2000) e Análise de Fatores (MURAKAMI; CRUZ, 2004).

AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction)

Para utilização do método AMMI, o modelo empregado foi:

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

em que: \bar{Y}_{ij} é a produtividade média do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, G$ híbridos) no ambiente j ($j = 1, 2, \dots, A$ ambientes); μ é a média geral dos ensaios; g_i é o efeito fixo do genótipo i ; a_j é o efeito do ambiente j ; λ_k é o k -ésimo valor singular (escalar) da matriz de interações original (denotada por GA); γ_{ik} é o elemento correspondente ao i -ésimo genótipo, no k -ésimo vetor singular coluna da matriz GA; α_{jk} é o elemento correspondente ao j -ésimo ambiente, no k -ésimo vetor singular linha da matriz GA; ρ_{jk} é o resíduo associado ao termo $(ga)_{ij}$ da interação clássica do genótipo i com o ambiente j ; ε_{ij} é o erro experimental médio associado à observação, assumindo como independente $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$; n o número de eixos ou de componentes principais retidos para descrever o padrão da interação genótipo \times ambiente.

GGE biplot (Genotype and Genotypes by Environments Interaction)

O método GGE Biplot foi embasado no seguinte modelo:

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

em que: \bar{Y}_{ij} representa o rendimento médio do genótipo i no ambiente j ; μ_j é a produtividade média geral no ambiente j ; $\lambda_1 \gamma_{i1} \alpha_{j1}$ é o primeiro componente principal PC₁, do efeito de genótipos + interação genótipos \times ambiente; $\lambda_2 \gamma_{i2} \alpha_{j2}$ é o segundo componente principal PC₂, do efeito de genótipos + interação genótipos \times ambiente; λ_1 e λ_2 são os autovalores associados ao PC₁ e ao PC₂ respectivamente; γ_{i1} e γ_{i2} são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, para o i -ésimo genótipo; α_{j1} e α_{j2} são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente para o j -ésimo ambiente; ρ_{ij} = resíduo da interação genótipo \times ambiente, também conhecido como “ruído”, correspondente aos componentes principais não retidos no modelo; $\bar{\varepsilon}_{ij}$ é o erro do modelo associado com o i -ésimo genótipo e j -ésimo ambiente (YAN; KANG, 2003).

AF - Análise de Fatores

O modelo de análise fatorial é definido por:

$$x_1 = \ell_{11}F_1 + \ell_{12}F_2 + \cdots + \ell_{1m}F_m + \varepsilon_1$$

$$x_2 = \ell_{21}F_1 + \ell_{22}F_2 + \cdots + \ell_{2m}F_m + \varepsilon_2$$

...

$$x_h = \ell_{h1}F_1 + \ell_{h2}F_2 + \cdots + \ell_{hm}F_m + \varepsilon_h$$

$$\text{Ou: } x_j = \sum_{k=1}^m \ell_{jk} F_k + \varepsilon_j$$

sendo $m > h$; ℓ_{jk} a carga fatorial para a j -ésima variável associada ao k -ésimo vetor; F_k o k -ésimo fator comum e ε_j o fator específico associado à j -ésima variável; para $h=p$ para genótipos ou $h=q$ para ambientes.

A análise “AMMI” foi realizada por meio do software Estabilidade, desenvolvido por Ferreira (2002), a análise “GGE biplot” por meio do software GGE biplot, desenvolvido por Yan (2001) e AF Análise de Fatores por meio do software Genes desenvolvido Cruz (2006).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Alta significância foi observada para todas as fontes de variação, sendo que a fonte de variação Ambiente foi a que acumulou os maiores percentuais da variância 66,3% e 70,1% para as safrinhas 2011 e 2012 respectivamente (Tabela 2). De onde se infere que os conjuntos de ambientes foram distintos nas duas safrinhas. A interação genótipo \times ambiente também foi significativa ($P < 0,01$) para os dois anos, ou seja os genótipos apresentaram comportamentos diferenciados perante os 13 ambientes em estudo nas duas safrinhas.

Tabela 2. Componentes de variância e percentual do total da variância para produtividade de grãos (Kg ha^{-1}) na região central do Brasil, Safrinha 2011 e 2012.

Fonte de Variação	Safrinhas	
	2011	2012
	Componentes de variância	
Genótipo (G)	0,3197**	0,4136 **
Ambiente (A)	2,5237**	3,3159 **
Genótipo \times Ambiente (GxA)	0,2914**	0,3692 **
	% do total da variância	
Genótipo (G)	8,39	8,75
Ambiente (A)	66,3	70,1
Genótipo \times Ambiente (GxA)	7,65	7,81
Média (Kg ha^{-1})	8567	9548
CV (%)	9,12	8,05

** Significativo a $P \leq 0,01$ pelo teste F.

Os genótipos apresentaram comportamentos diferenciados perante os 13 ambientes em estudo, nas duas safrinhas (Tabela 2). Este fato pode dificultar a recomendação dos híbridos, podendo-se inferir que é necessário agrupar os ambientes com respostas similares. Os coeficientes de variação da análise conjunta foram baixos, 9,12% e 8,05% e as médias elevadas para ambientes de safrinha 8567 e 9584 Kg ha^{-1} para 2011 e 2012 respectivamente, demonstrando alta precisão experimental do conjunto de ensaios.

Métodos para estratificação ambiental - Habilidade de discriminação dos locais

Os dois primeiros componentes principais do modelo AMMI explicaram 43,8 e 54,4% da SQ_{GXA} para safras 2011 e 2012 respectivamente (Tabela 3). Estes dados

corroboram com os obtidos por Balestre et al. (2009) e Oliveira et al. (2010), que trabalhando com análise da estabilidade de genótipos de milho, cultivados no verão, observaram que o modelo AMMI2 explicou 42,77% e 34,02% da SQ_{GXA} . Segundo Duarte e Vencovsky (1999), para que os *biplots* sejam apresentados é necessário que o primeiro componente principal acumule proporções entre 27,2% a 72%. Carbonell et al. (2004) mencionam que é conveniente uma análise visual prévia. No entanto, não há um consenso sobre qual seria o percentual mínimo sobre a proporção da SQ_{GXA} que deve ser acumulada no primeiro componente.

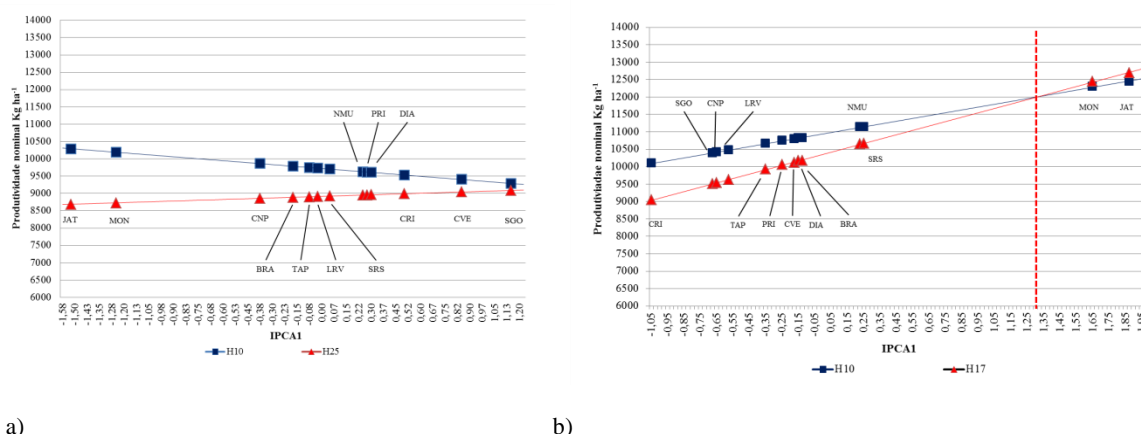
Para os modelos GGE, foi constatado que os dois primeiros componentes absorveram 59,3% e 69,8% da soma de quadrados de (G) + (GxA) para 2011 e 2012 respectivamente e, para o método AF com dois fatores, foi constatado 56,2% para safra 2011 e 60,4% para 2012 (Tabela 3). Quanto a eficiência dos métodos, o modelo GGE biplot foi superior ao AMMI₁, AMMI₂ e AF nas duas safrinhas por explicar maior proporção da soma de quadrados da interação G x A. Alguns autores relataram superioridade do GGE em relação ao AMMI₂ (YAN et al., 2000; MA et al., 2004; SAMONTE et al., 2005; OLIVEIRA et al., 2010).

Tabela 3. Percentual de explicação acumulada pelos métodos multivariados empregados para análise e estratificação ambiental para cultivo de híbridos de milho. Safrinha 2011 e 2012.

Safras	Eixos	% de Explicação acumulada		
		AMMI	GGE biplot	Análise de Fatores
2011	1º	24,2	47,5	44,4
	2º	43,8	59,3	56,2
	3º	56,0	66,2	65,6
2012	1º	40,6	59,2	48,9
	2º	54,4	69,8	60,4
	3º	65,9	76,2	70,6

Os percentuais de explicação maiores para o método GGE, associados ao menor número de eixos, podem ser devidos ao fato do efeito genotípico atuar como um coeficiente de ajustes da interação genótipo x ambiente ao longo dos ambientes. Porém, isso ocorre de forma não proporcional, uma vez que o efeito do genótipo é constante entre os ambientes e variável dentro dos ambientes o que pode ter refletido no aumento da eficiência da captação da variação para genótipos e ambientes estudados simultaneamente (GARBUGLIO, 2010).

Através do método AMMI₁ pode-se realizar a estratificação dos ambientes com base nos genótipos vencedores. Os genótipos com maior número de vitórias nos ambientes são considerados os mais responsivos. Desta forma, a diferença da produtividade nominal estimada por meio do primeiro componente principal, agrupa ambientes com comportamentos semelhantes (Figura 1). No presente estudo, optou-se por obter as estimativas de produtividade, para o primeiro componente, dos genótipos com maior número de vitórias (AMMI₁) (Figura 1), que absorveu 24,2% e 40,6% da variação para 2011 e 2012 respectivamente, e um biplot envolvendo os escores do primeiro e segundo componentes principais, que absorveram 43,8% e 54,4% da variação (AMMI₂) (Figura 2).



a) b)
 Figura 1 Estimativas de produtividade dos genótipos vencedores, expressas em função do escore AMMI₁ dos ambientes (IPCA1j). Os pontos identificados correspondem aos ambientes: BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT. Safrinha 2011(a) e 2012(b).

A estratificação ambiental com base nos genótipos vencedores, por meio do modelo AMMI₁, não foi capaz de segregar os ambientes em mais de um grupo na safrinha 2011 (Figura 1a). Neste caso, com a produtividade nominal foi possível constatar apenas a interação genótipo \times ambiente do tipo simples, em que o híbrido H10 foi vencedor em todos os ambientes quando comparado ao H25. Entretanto, analisando os escores dos ambientes, pode-se observar que JAT e MON apresentaram próximos, com os menores escores e foram posicionados distante do restante do grupo, podendo ser considerado diferente dos demais, no entanto apenas um deles pode ser utilizado em ensaios futuros. Seguindo esse critério, pode-se formar três novos subgrupos: CVE e SGO, embora distantes geograficamente, são ambientes com altitude superior a 600 m,

apresentaram os maiores escores e foram posicionados ao lado oposto do primeiro grupo; NMU, PRI e DIA são ambientes da região central do estado do Mato Grosso e obtiveram escores ambientais muito próximos, podendo ser utilizado apenas um destes ambientes em ensaios futuros e o quarto CNP, BRA, TAP, LRV e SRS, sendo que destes TAP e LRV, com escores muito próximos e geograficamente na mesma região podem ser representados por apenas um ambiente.

Para a safrinha 2012 (Figura 1b) devido a interação complexa, foi possível estratificar os ambientes em dois grupos. No grupo I, o genótipo vencedor foi o híbrido H17, sendo este grupo formado por JAT e MON caracterizados por ser ambientes de altitude da região sudoeste goiana, sendo assim podendo ser representados por apenas um. No grupo II, o genótipo vencedor foi o híbrido H10, sendo este grupo formado por 11 ambientes: BRA, CNP, CVE, CRI, DIA, LRV, NMU, PRI, SGO, SRS e TAP. Considerando os escores para IPCA1, o ambiente CRI (ambiente de altitude no leste goiano) foi o que apresentou o menor escore e foi posicionado totalmente à esquerda no grupo II, do lado oposto ao grupo I, caracterizando um ambiente diferente. Os ambientes SRS e NMU, geograficamente localizados na região norte do estado do Mato Grosso, apresentaram escores muito próximos, podendo ser considerados um sub-grupo e um pode ser excluídos dos próximos ensaios. Os ambientes TAP, PRI, CVE, DIA e BRA também apresentaram escores muito próximos, formando um segundo sub-grupo no grupo II. Isso indica que estes locais interferem de forma similar sobre o comportamento dos genótipos em geral, podendo-se excluir o ambiente BRA por ter escore muito próximo ao de DIA. SGO, CNP e LRV formaram o terceiro subgrupo, destes SGO pode ser excluído por apresentar muito próximo do ambiente CNP.

A partir do método AMMI₂ (Figura 2), os ambientes com menor variação entre os genótipos e, conseqüentemente, que menos contribuíram menos para variância ambiental em 2011 foram BRA, LRV e SRS, no entanto, foram os ambientes com médias inferiores, classificados em 13^a, 11^a e 12^a respectivamente (Tabela 4). Em 2012, os ambientes mais estáveis foram BRA, PRI, SRS, NMU e CVE com 12^a, 4^a, 10^a, 6^a e 3^a médias respectivamente. Desta forma, pode-se considerar os ambientes SRS (ambiente de baixa altitude ao norte do Mato Grosso) e BRA (ambiente de altitude a leste do estado de Goiás), foram os mais estáveis nas duas safrinhas, com menor interferência na seleção dos melhores genótipos, podendo estes serem descartados da rede de ensaios. Os ambientes JAT, MON (ambiente de altitude alta no sudoeste goiano) e CRI (ambiente de altitude no leste goiano) foram os mais distantes do ponto zero nos dois

anos avaliados, podendo ser considerados os ambientes que mais contribuíram para variância entre os genótipos. O ambiente CRI foi posicionado distante dos demais nas duas safras.

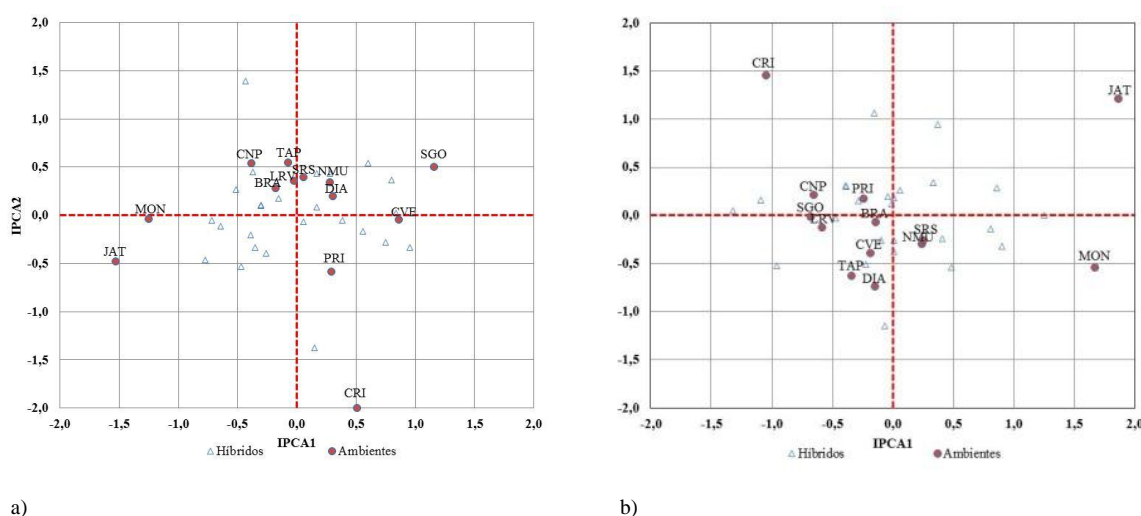


Figura 2 Biplot AMMI2 com os dois primeiros componentes principais de interação ($IPCA_1$ e $IPCA_2$), para dados de produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$) de 25 genótipos de milho e 13 ambientes. Os pontos identificados correspondem aos ambientes: BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT. Safrinha 2011(a) e 2012(b).

Tabela 4. Média de produtividade de grãos ($Kg\ ha^{-1}$) de 13 ambientes. Safrinha 2011 e 2012.

Ordem	2011				2012			
	Ambiente ^(a)	$Kg\ ha^{-1}$	CV%	QMR	Ambiente ^(a)	$Kg\ ha^{-1}$	CV%	QMR
1	PRI	10528	6,3	0,445	JAT	12520	5,8	0,526
2	TAP	10472	8,3	0,748	MON	12115	8,1	0,963
3	MON	10430	7,5	0,613	CVE	11559	7,1	0,669
4	CVE	9930	8,3	0,683	PRI	10718	7,0	0,568
5	JAT	9872	7,4	0,537	CNP	10435	8,6	0,807
6	CRI	8710	9,5	0,679	NMU	9753	6,6	0,412
7	DIA	8305	11,8	0,963	DIA	9562	7,8	0,551
8	SGO	8300	10,7	0,786	TAP	8650	7,6	0,437
9	NMU	7662	8,7	0,444	CRI	8594	8,9	0,592
10	CNP	7448	9,1	0,459	SRS	8348	7,6	0,403
11	LRV	7363	11,7	0,745	LRV	7724	9,3	0,518
12	SRS	6320	10,2	0,412	BRA	7629	9,7	0,552
13	BRA	6037	10,9	0,431	SGO	7001	12,4	0,749

^(a) BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT. CV %: coeficiente de variação em porcentagem; QMR: Quadrado médio do resíduo.

Os ambientes JAT, MON (ambientes de altitude acima de 900 m no sudoeste goiano), CVE e PRI (ambiente altitude entre 600 m e 700m no leste de Mato Grosso)

apresentaram médias elevadas, em 2011 (9870 Kg ha⁻¹, 10430 Kg ha⁻¹, 9930 Kg ha⁻¹ e 10528 Kg ha⁻¹) e em 2012 (12120 Kg ha⁻¹, 12520 Kg ha⁻¹, 11559 Kg ha⁻¹ e 10718 Kg ha⁻¹) respectivamente (Tabela 4). Dessa maneira, estes ambientes são indicados para seleção de híbridos de milho com alto potencial produtivo, no entanto, como são locais próximos geograficamente e proporcionam desempenho semelhante quanto à produtividade de grãos dos híbridos, apenas um ambiente por região é suficiente para os próximos anos de avaliação.

Para o método GGE biplot, foram apresentados os dois primeiros componentes principais (PC₁ e PC₂), derivados da decomposição dos valores singulares dos efeitos de genótipos (G) + interação (GxA). Os primeiros componentes representaram 59,3% e 69,8% da SQ_G + SQ_{GxA} para as safrinhas 2011 e 2012 (Figura 3). Esses percentuais são condizentes com metodologias multivariadas e estão acima dos obtidos por Balestre et al. (2009) e Oliveira et al. (2010), que também trabalharam com genótipos de milho no território brasileiro e observaram percentuais de 53,82% e 27,17%.

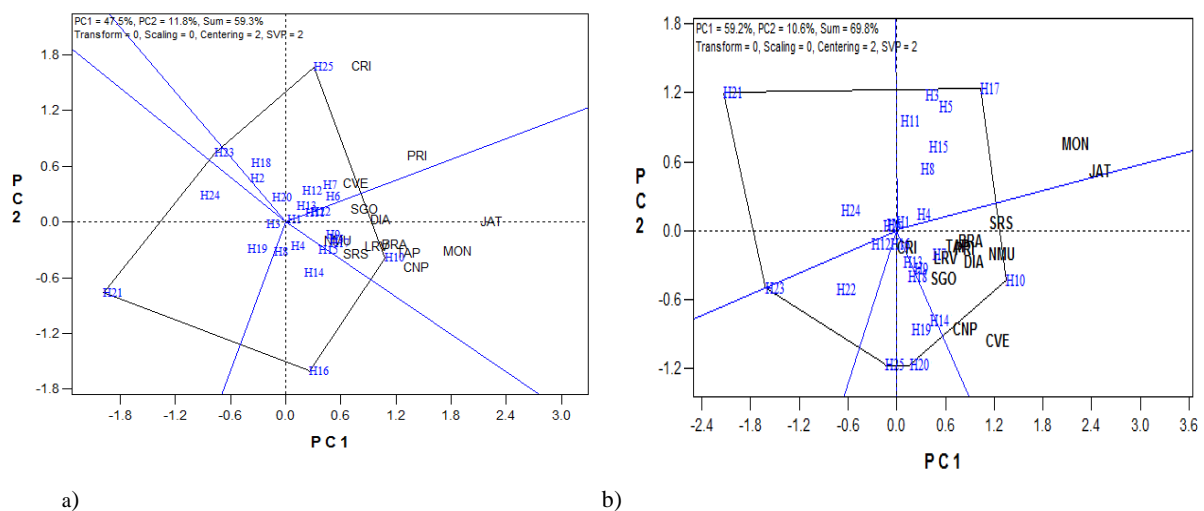


Figura 3 Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais de G + GxA (PC1 e PC2), correspondente a 25 genótipos de milho e 13 ambientes. Os pontos identificados correspondem aos ambientes: BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT. Safrinha 2011(a) e 2012(b).

Através do GGE biplot, pode-se realizar a estratificação dos ambientes com base nos genótipos vencedores. Na figura 3, os genótipos localizados nos vértices do

polígono, têm a maior distância da origem que todos os genótipos dentro do setor delimitado por ele, sendo classificados como os mais responsívos. Estes podem ser os melhores ou os piores genótipos, em alguns ou todos os ambientes e podem ser utilizados para identificar possíveis mega-ambientes. Os genótipos localizados no interior do polígono são os menos responsívos aos estímulos dos ambientes.

Para safrinha de 2011 (Figura 3a), os genótipos H21, H23, H25, H10 e H16 estão localizados nos vértices do polígono de linha preta, os mega-ambientes são separados por linhas em azul, perpendiculares aos lados do polígono. O mega-ambiente I agrupou 3 ambientes (CRI, PRI e CVE) todos com mais de 600 m de altitude. O ambiente CRI, embora pertencente ao mega-ambiente I, estava distante dos demais e muito próximo do híbrido vencedor H25. O mega-ambiente II agrupou 10 ambientes (MON, JAT, BRA, SGO, DIA, CNP, LRV, NMU, SRS, e TAP). Estes, podendo ser subdivididos por ambientes que ficaram graficamente próximos (CNP, LRV, NMU, SRS, e TAP) com altitude abaixo de 600 m da região norte e oeste do estado do Mato Grosso; MON e JAT diferenciando-se com maiores escores para o primeiro componente principal, são ambientes com mais de 900 m de altitude da região suldoeste do estado de Goiás.

Na safrinha 2012 (Figura 3b), os genótipos H10, H17, H20, H21, H23 e H25 estão localizados nos vértices do polígono de linha preta, os mega ambientes são separados por linhas em azul, perpendiculares aos lados do polígono. O mega-ambiente I agrupou dois ambientes de altitude da região suldoeste goiano (MON e JAT). O mega-ambiente II agrupou os onze ambientes restantes (BRA, CNP, LRV, SGO, SRS, DIA, TAP, NMU, CRI, PRI e CVE) com os ambientes de altitude abaixo de 600 m da região norte do Mato Grosso (LRV, SRS, DIA, TAP e NMU). CVE e CNP mais próximos do genótipo vencedor H20 e CRI próximo ao ponto de origem.

Os ambientes NMU, SGO e SRS apresentaram os menores escores o primeiro componente principal na safrinha 2011 (Figura 4a). Para safrinha 2012 os menores escores foram obtidos pelos ambientes CRI, LRV e SGO respectivamente (Figura 4b). Destes o ambiente SGO apresentou baixos escores para as duas safras, consequentemente com menor potencial discriminatório, podendo ser descartado da rede de avaliação de ensaios. Já os ambientes MON, JAT e CNP nas duas safras e PRI (2011) e CVE (2012) foram superiores no poder de discriminar os melhores genótipos (maiores vetores). Com isso é possível inferir que as três regiões acima de 600m

(sudoeste goiano, leste do Mato Grosso e oeste do Mato Grosso) são muito importantes para seleção de híbridos superiores para safrinha.

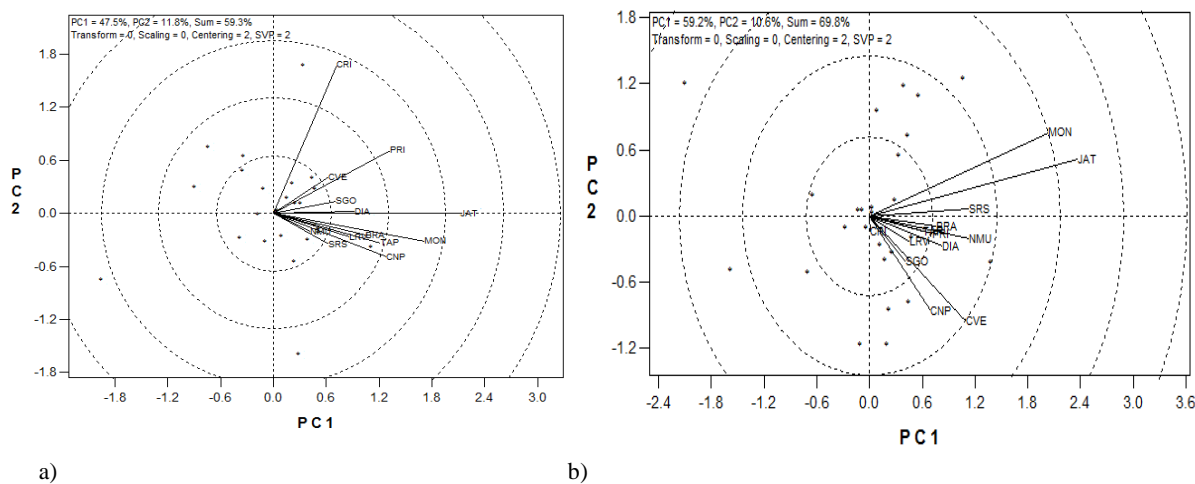


Figura 4 Comparação dos locais através do Biplot GGE com os dois primeiros componentes principais de $G + G \times A$ (PC1 e PC2), correspondente a 25 genótipos de milho e 13 ambientes. Os pontos identificados correspondem aos ambientes: BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT. Safrinha 2011(a) e 2012(b).

Por meio do método AF, os ambientes foram agrupados em cinco fatores em ambas as safras (Tabela 5). Como sugere MURAKAMI e CRUZ (2004) foram necessários cinco fatores para que o percentual de explicação seja próximo a 80%, esta é uma vantagem deste método quando comparado às metodologias AMMI e GGEbiplot, no entanto, a interpretação dos gráficos com mais de 2 eixos é dificultada, sendo assim o método AF foi interpretado diretamente através dos escores de cada fator. Em 2011, os cinco primeiros fatores explicaram 79,03% e em 2012, 83,20% da variância total. Estes dados corroboram com Fritsche Neto et al. (2010) e Ribeiro e Almeida (2011) que verificaram 82,10% e 80,82% de explicação com 5 fatores para a cultura do milho.

Foram considerados ambientes pertencentes ao mesmo grupo aqueles que apresentaram carga fatorial maior que 0,7. De forma geral, houve tendência dos fatores agruparem os ambientes com altitudes semelhantes. Em 2011, o primeiro e quinto fatores agruparam (NMU e TAP) e (DIA e LRV), respectivamente, ambientes abaixo de 600 m na região norte do Mato Grosso e o fator 2 agrupou CVE e SGO (ambientes

acima de 600 m) (Tabela 5). Para safrinha de 2012, o primeiro fator considerou próximos os ambientes BRA, JAT e MON (todos com altitudes maiores de 900 m) (Tabela 5), o segundo fator agrupou CNP, CVE e SGO (todos com altitudes intermediárias entre 570 a 700 m) e os ambientes abaixo de 500 m de altitude LRV, SRS e TAP foram identificados pelos fatores 4 e 5. Assim como nos métodos AMMI1, AMMI2 e GGEbiplot o ambiente CRI, a 1000 m de altitude, agrupou de forma isolada dos demais, no fator 3, nas duas safras.

Tabela 5. Estratificação ambiental por meio da análise de fatores, com 25 genótipos de milho cultivados em 13 ambientes. Safrinha 2011 e 2012.

Ambientes ^(a)	Safr	Cargas Fatoriais após rotação				
		Fator 1	Fator 2	Fator 3	Fator 4	Fator 5
BRA	2011	0,219	0,134	0,171	-0,741	0,164
CNP	2011	-0,027	0,161	-0,015	-0,789	0,432
CVE	2011	0,078	0,768	0,258	-0,059	0,188
CRI	2011	-0,035	0,087	0,909	-0,027	0,015
DIA	2011	0,091	0,284	0,092	-0,172	0,847
JAT	2011	0,548	-0,002	0,437	-0,382	0,439
LRV	2011	0,547	0,173	0,016	-0,298	0,627
MON	2011	0,522	-0,061	0,328	-0,597	0,283
NMU	2011	0,867	0,123	-0,042	-0,082	0,040
PRI	2011	0,150	0,564	0,545	-0,360	0,237
SGO	2011	0,191	0,822	-0,103	-0,091	0,099
SRS	2011	0,516	0,097	-0,048	-0,727	-0,123
TAP	2011	0,735	0,308	0,044	-0,280	0,209
BRA	2012	0,749	0,281	-0,001	0,278	0,102
CNP	2012	0,159	0,648	0,424	0,256	0,307
CVE	2012	0,395	0,828	0,094	0,011	0,195
CRI	2012	-0,031	0,023	0,931	0,018	-0,104
DIA	2012	0,414	0,498	-0,185	-0,092	0,569
JAT	2012	0,824	0,214	0,157	0,109	0,231
LRV	2012	0,240	0,246	0,043	0,857	0,109
MON	2012	0,841	0,059	-0,098	0,135	0,302
NMU	2012	0,698	0,473	-0,115	-0,058	0,291
PRI	2012	0,462	0,207	0,380	-0,232	0,644
SGO	2012	0,095	0,783	-0,090	0,407	0,050
SRS	2012	0,566	0,031	0,104	0,194	0,718
TAP	2012	0,168	0,249	-0,285	0,243	0,802

^(a) BRA: Brasília-DF, CVE: Campo Verde-MT, CNP: Campo Novo do Parecis-MT, CRI: Cristalina-GO, DIA: Diamantino-MT, JAT: Jataí-GO, LRV: Lucas do Rio Verde-MT, MON: Montividiu-GO, NMU: Nova Mutum-MT, PRI: Primavera do Leste-MT, SGO: São Gabriel do Oeste-MS, SRS: Sorriso-MT, TAP: Tapurah-MT.

Número ideal de locais para ensaios

Os componentes de variância para produtividade de grãos (Kg ha^{-1}) foram significativos para todas as fontes de variação (Tabela 6), com a fonte de variação ambientes acumulando a maior proporção do total (37,4%). O número ideal de locais foi estimada com os dados produtividade de grãos do conjunto de dados das safrinhas 2011 e 2012 com 13 ambientes cada. O percentual de diferença crítica (*PDC*) diminuiu com o aumento do número de locais e anos. (Tabela 7). Como exemplo, a combinação de um ano e um local apresentou um *PDC* estimado de 20,94%, e para dez locais e dois anos aproximadamente 5,8%. O *PDC* pode variar para cada programa de melhoramento, principalmente quanto aos objetivos e recursos disponíveis.

Tabela 6. Componentes de variância e percentual do total da variância para produtividade de grãos (Kg ha^{-1}) na região central do Brasil. Análise conjunta de 25 genótipos e 13 ambientes nas Safrinha 2011 e 2012.

FV	Componentes de variância	% do total da variância
Genótipos (G)	0,341**	6,80
Safrinhas (L)	0,761**	15,2
Ambientes (A)	1,872**	37,4
G x A	0,027*	0,54
G x L	0,115**	2,30
A x L	1,048**	20,9
G x A x L	0,189**	3,78

* e ** Significativo a $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

A combinação atual de 13 ambientes e dois anos ensaios tiveram um *PDC* estimado de 5,3% (Tabela 7). Isto significa que para dois genótipos serem diferentes a $P \leq 0,05$ as médias de produtividade tem que diferir em no mínimo 5,3%. Por exemplo, na combinação de dois anos e dez ambientes, o *PDC* de 5,8% permite inferir que se um genótipo for 5,8% superior ao segundo colocado ou a uma testemunha, eles são estatisticamente diferentes. Resultados semelhantes foram reportados por Talbot (1984) em trabalhos envolvendo produção de silagem de milho. Esse autor estimou o *PDC* de aproximadamente 8% usando a combinação de dois anos e 12 ambientes. Sendo assim, como um dos maiores custos de um programa de melhoramento está na instalação e condução de ensaios, podemos deduzir que a redução de aproximadamente 20% o número de locais (retirar 3 ambientes) não reduz a eficiência na seleção dos melhores genótipos.

Comparando-se os resultados obtidos com os métodos de estratificação ambiental, associado ao Percentual de diferença crítica (*PDC*), pode-se inferir que a

redução de 23% dos ambientes, com a exclusão de MON, BRA e SGO não afeta a seleção dos melhores genótipos.

Tabela 7. Percentual de diferença crítica (PDC) para produtividade de grãos (Kg ha^{-1}) de 25 híbridos de milho para região central do Brasil. Safrinhas 2011 e 2012.

Anos ⁽²⁾	Número de locais ⁽¹⁾												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	20,9	15,1	12,6	11,1	10,1	9,4	8,8	8,4	8,0	7,7	7,5	7,3	7,1
2	16,0	11,5	9,6	8,4	7,7	7,1	6,7	6,3	6,1	5,8	5,6	5,5	5,3

⁽¹⁾ Número de locais necessários para atingir um certo percentual de diferença crítica. ⁽²⁾ Número de anos necessários para atingir um certo percentual da diferença crítica.

De maneira geral, a composição dos grupos realizada pelos métodos AMMI₁, AMMI₂, GGE biplot e AF foram semelhantes para alguns ambientes, os modelos segregaram o conjunto de ambientes conforme a altitude do local do ensaio.

4 CONCLUSÕES

1. As análises AMMI, GGE biplot e Análise de Fatores permitem o agrupamento dos ambientes de forma similar, segregando os ambientes de safrinha do Brasil Central, por altitude e resposta à produtividade de grãos;
2. O método GGE biplot é superior aos modelos $AMMI_1$, $AMMI_2$ e AF, por explicar maior proporção da soma de quadrados da interação genótipos por ambiente e por possuir análises gráficas mais simples e de maior praticidade no agrupamento dos ambientes e definição do melhor ambiente de seleção;
3. A utilização das metodologias AMMI, GGE biplot, Análise de Fatores e Percentual de Diferença Crítica (PDC) indica que é possível reduzir em 23% do número de locais de ensaio em avaliações futuras de híbridos de milho.

REFERÊNCIAS

- BALESTRE, R.G.; VON PINHO, R.G.; SOUZA, J.C.; OLIVEIRA, R.L. Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on AMMI and GGE biplot analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n.4, p. 1311-1322, 2009.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002. 369p.
- CARBONELL, S.A.M.; AZEVEDO FILHO, J.A.; DIAS, L.A.S.; GARCIA, A.A.F.; MORAES, L.K. Common bean cultivars and lines interactions with environments. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.61, n.2, p. 169-177, 2004.
- CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 2001. 1183p.
- CORNELIUS, P.L.; CROSSA, J.; SEYEDSADER, M.S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (Ed). **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. P. 199-234.
- CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 405-415, 1997.
- CROSSA, J.; GAUCH, H. G.; ZOBEL, R.W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 3, p. 493-500, 1990.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: biometria**. V2009.7.0. Viçosa, MG: Editora UFV, 2006.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.
- DUARTE, J.B.; VENCOSKY, R. Interação genótipo x ambientes: uma introdução a análise AMMI. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**, 1999. (Série Monografias, 9).
- FERREIRA, D.F. **Estabilidade**. Versão 3.0 (Build 13), Lavras, MG 2002. Disponível em: <www.dex.ufla.br>. Acesso em 29 nov. 2011.
- FRITSCH NETO, R.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, H. N. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype x environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.5, p.1043-1048, 2010.
- GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Identifying mega-environments a targeting genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 311-326, 1997.
- GARBUGLIO, D.D.; GERAGE, A.C.; ARAÚJO, P.M.; FONSECA, N.S.; SHIOGA, P.S. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.2, p.183-191, 2007.
- GARBUGLIO, D.D. Metodologia de estratificação ambiental e adaptabilidade via análise de fatores associada aos efeitos genotípicos e da interação genótipos por

ambientes. 2010. 105p. Dissertação (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. 2010.

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

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey-USA: Englewood Cliffs, 642p., 1992.

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

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PIPOLO, V., GARBUGLIO, D.D.; FONSECA, N.S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.11, p.1567-1575, nov. 2007.

MURAKAMI, D.M.; CRUZ, C.D. Proposal of methodologies for environment stratification and analysis of genotype adaptability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 1, p. 7-11, 2004.

OLIVEIRA, R.L.; VON PINHO, R.G.; BALESTRE, M.; FERREIRA, D.V. Evaluation of maize hybrids and environmental stratification by the methods AMMI and GGE biplot. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, p. 247-253, 2010.

PIMENTEL-GOMES, F. Análise de grupos de experimentos, In: PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 14 ed. Piracicaba: “Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, 2000. p.135-159.

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.

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

SILVA, H.D.; PINTO, R.M.C.; BIASE, N.G.; Metodologia para agrupamento de ambientes de modo a minimizar a interação genótipos x ambientes na avaliação de híbridos de milho. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 20, n. 3, p. 61-67, 2004.

TALBOT, M. Yield variability of crop varieties in the U.K. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 102, p. 315-321, 1984.

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

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

YAN, Weikai. **GGEbiplot**: Data management and biplot analyse sistem: Pattern Explorer. Version 7.0. Copyright Weikai Yan (2001-2009).

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE Biplot analysis**: a graphical toll for breeders, geneticists, and agronomists. 1.ed. Boca Raton: CRC Press LLC, 2003. 288p.

YAN, W.; KANG, M. S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 643-65, 2007.