



Universidade Federal de Uberlândia  
Faculdade de Matemática

Bacharelado em Estatística

**ANÁLISE DE ADAPTABILIDADE E  
ESTABILIDADE PRODUTIVA EM  
HÍBRIDOS DE MILHO: UM ENFOQUE  
NO CERRADO BRASILEIRO**

Mateus Aguiar Florentino

Uberlândia-MG

2017



Mateus Aguiar Florentino

**ANÁLISE DE ADAPTABILIDADE E  
ESTABILIDADE PRODUTIVA EM  
HÍBRIDOS DE MILHO: UM ENFOQUE  
NO CERRADO BRASILEIRO**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Co-  
ordenação do Curso de Bacharelado em Estatística  
como requisito parcial para obtenção do grau de  
Bacharel em Estatística.

Orientador: Lúcio Borges de Araújo

**Uberlândia-MG  
2017**





Universidade Federal de Uberlândia  
Faculdade de Matemática

Coordenação do Curso de Bacharelado em Estatística

A banca examinadora, conforme abaixo assinado, certifica a adequação deste trabalho de conclusão de curso para obtenção do grau de Bacharel em Estatística.

Uberlândia, 11 de dezembro de 2017

BANCA EXAMINADORA

Lúcio Borges de Araújo

Marcelo Tavares

Maria Luiza Maes

Uberlândia/MG

2017



# AGRADECIMENTOS

À minha mãe, Vilma, meu pai, Francisco e meu irmão, Frederico, pelo constante e insubstituível suporte durante essa jornada acadêmica. Sem eles, nada disso seria possível.

Agradeço, também, a meus professores, aos quais foram responsáveis por todo o rico conhecimento adquirido ao longo do tempo.

Aos amigos, por sempre estarem em conjunto, compartilhando sentimentos e auxiliando nos momentos alegres e tristes.

Aos colegas de trabalho, que sempre se mostraram abertos a compreender, auxiliar e me fazer crescer cada dia mais.

À Monsanto do Brasil, por disponibilizar os dados estudados nesse trabalho.

A todos, que direta ou indiretamente, acrescentaram no desenvolvimento profissional ou pessoal, meu muito obrigado!





# RESUMO

Globalmente, o milho (*Zea mays L.*) ocupa lugar de destaque pelo grande progresso no acúmulo de conhecimentos técnico-científicos. Durante o processo de melhoramento, na seleção de genótipos superiores, um dos maiores desafios dos melhoristas é a avaliação da interação genótipos por ambientes ( $G \times A$ ). Estudou-se ensaios de produtividade delineados em blocos casualizados com duas repetições do último estágio de melhoramento da “safrinha” de 2015 a 2017, englobando 6 cultivares e 6 municípios dos estados de Mato Grosso e Goiás. Devido ao milho ter herança quantitativa, o conhecimento da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos se torna necessário para atenuar os efeitos dessa interação e facilitar a recomendação dos mesmos. O método *additive main effects and multiplicative interaction* (AMMI) possui essa característica, contemplando um modelo equivalente à uma análise de variância (ANAVA) de dois fatores para os efeitos principais e aplicando decomposição de valor singular para a matriz de interação. Assume, também, que todos os efeitos do modelo (com exceção do erro) são fixos. Objetiva-se com esse trabalho, portanto, a identificação de genótipos estáveis e adaptáveis aos mais diversos ambientes, bem como a possível estratificação ambiental da região testada, reduzindo gastos e maximizando resultados.

**Palavras-chave:** *Zea mays L.*, AMMI, Adaptabilidade, Estabilidade, Cerrado.



# ABSTRACT

Globally, corn (*Zea mays L.*) features a really great collection of technical-scientific knowledge. During breeding, in the selection of superior genotypes, one of the toughest breeders challenges is the evaluation of genotype x environment interaction ( $G \times E$ ). Yield trials from the last breeding stage in years 2015 to 2017 for “safrinha” were analyzed, including 6 genotypes and 6 cities from Mato Grosso and Goiás states in Brazil. The experiments were conducted in a randomized block design with two replications. Since corn has quantitative heritability, stability and adaptability knowledge of genotypes becomes necessary for minimize interaction effects and ease its recommendations. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) method has this aspect, reflecting a model that is equivalent to fitting a two-way analysis of variance (ANOVA) for the main effects and applying a singular value decomposition to the interaction matrix. Also assumes that all model effects (except error) are fixed. In this way, this paper objective is to identify stable and adaptable genotypes to a wide variety of environments, as well a possible environmental stratification in the tested region, minimizing expenses and maximizing results.

**Keywords:** *Zea mays L.*, AMMI, Adaptability, Stability, Cerrado.



# SUMÁRIO

|  |           |
|--|-----------|
| Lista de Figuras   | I         |
| Lista de Tabelas   | III       |
| Lista de Abreviações e Símbolos  | V         |
| <b>1 Introdução</b>  | <b>1</b>  |
| <b>2 Fundamentação Teórica</b>   | <b>3</b>  |
| 2.1 Interação Genótipos × Ambientes . . . . .                                | 3         |
| 2.2 Formas de Atenuar o Efeito de Interação . . . . .                        | 3         |
| 2.2.1 Cultivares Específicas para Ambiente . . . . .                         | 4         |
| 2.2.2 Cultivares Estáveis Fenotipicamente . . . . .                          | 4         |
| 2.2.3 Estratificações Ambientais . . . . .                                   | 5         |
| <b>3 Materiais e Métodos</b>   | <b>7</b>  |
| 3.1 Análise de Variância . . . . .   | 7         |
| 3.2 Diagnóstico do Modelo <i>AMMI</i> . . . . .                              | 8         |
| 3.3 Seleção do Modelo <i>AMMI</i> . . . . .                                  | 10        |
| 3.3.1 Testes Estatísticos para as Componentes da $SQ_{G \times A}$ . . . . . | 10        |
| 3.4 Representação Gráfica do Modelo . . . . .                                | 10        |
| <b>4 Discussão dos Resultados</b>  | <b>13</b> |
| 4.1 Seleção do Modelo . . . . .  | 14        |
| 4.2 Interpretação Gráfica do Modelo . . . . .                                | 15        |
| <b>5 Conclusões</b>  | <b>19</b> |
| Referências Bibliográficas   | 21        |
| A Apêndice   | 25        |
| B Apêndice   | 27        |



---

# LISTA DE FIGURAS

- 4.1 *Biplot AMMI1* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (A, sendo a concatenação entre o município e o ano de teste). . . . . 16
- 4.2 *Biplot AMMI2* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (A, sendo a concatenação entre o município e o ano de teste). . . . . 16
- 4.3 Estratificação no *Biplot AMMI1* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (sendo a concatenação entre o município e o ano de teste). A: estratificação com rendimentos médios elevados (acima da média) e de baixa interação  $G \times A$ ; B: baixos rendimentos (abaixo da média) e estáveis; C: rendimentos elevados, porém com maior interação  $G \times A$ ; D: baixos rendimentos e instáveis. . . . . 18
- 4.4 Estratificação no *Biplot AMMI2* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (A, sendo a concatenação entre o município e o ano de teste). . . . . 18





# LISTA DE TABELAS

|     |   |    |
|-----|---|----|
| 3.1 | Esquema de análise de variância (ANAVA) para experimentos de um mesmo grupo de $g$ genótipos avaliados em $a$ ambientes com $b$ blocos. . . . .   | 8  |
| 4.1 | Análise de variância conjunta de ensaio de produtividade de milho e decomposição da soma de quadrados de <b>GA</b> . . . . .  | 13 |
| A.1 | Coordenadas dos eixos das abscissas (X) e ordenadas (Y) para os <i>biplots</i> <i>AMMI1</i> e <i>AMMI2</i> construídos, seguidas pela ordem de médias de produtividade ( $\text{kg ha}^{-1}$ ). . . . . | 25 |



---

# LISTA DE ABREVIACOES E SIMBOLOS

## LISTA DE ABREVIACOES

$(G \times A)_P$  Padro da Interao  $G \times A$

$(G \times A)_R$  Rudo da Interao  $G \times A$

*AMMI Additive Main effect and Multiplicative Interaction*

A Ambiente(s)

ACP Anlise de Componentes Principais

ANAVA Anlise de Varincia

CV Coeficiente de Variao

DVS Decomposio por Valores Singulares

G Gentipo(s)

$G \times A$  Interao Gentipo  $\times$  Ambiente

GL Grau(s) de Liberdade

QM Quadrado Mdio

SQ Soma de Quadrados

## LISTA DE SIMBOLOS

$\alpha_{k(1x\alpha)}$  Vetor singular (vetor coluna) associados a  $\lambda_k$

$\gamma_{k(gx1)}$  Vetor singular (vetor linha) associados a  $\lambda_k$

**GA** Matriz de Interao Gentipo  $\times$  Ambiente

$\lambda_k$   $k$ -simo valor singular de **GA** (escalar)

$\rho_{ij}$  Resduo adicional da matriz **GA**



# 1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays L.*) é pertencente à família das *Poaceae*, com origem nas Américas. A sua importância econômica se caracteriza pelas diversas formas de sua utilização, que vai desde a alimentação animal até a indústria de alta tecnologia [10]. No Brasil, a área cultivada estimada com milho na Safra 2016/2017 foi superior a 17 milhões de hectares, com uma produtividade média de 5.522 kg ha<sup>-1</sup> [6].

Ocupa, ainda, lugar de destaque pelo grande progresso no acúmulo de conhecimentos técnico-científicos. A sua importância agrônômica tem sido alvo de intensas pesquisas técnicas científicas cujos resultados têm contribuído não só para o aperfeiçoamento do seu cultivo, mas também influenciados nas técnicas empregadas em outras culturas de valor econômico [3].

A produção em um determinado período de tempo é função de várias outras características que podem ser otimizadas através do melhoramento genético. Bueno et al. [31] afirmam que a contribuição do melhoramento genético no aumento de produtividade da cultura foi altamente expressiva, visto que o desenvolvimento e a utilização do milho híbrido proporcionaram, em curto período de tempo, ganho de produtividade superior a 150%.

Durante o processo de melhoramento, na seleção de genótipos superiores, um dos maiores desafios dos melhoristas é a avaliação da interação genótipos por ambientes (G×A). Hoogerheide [23] afirma que para Chaves [5] a interação é resultado da resposta diferente dos genótipos em ambientes distintos. Para Cruz et al. [9], a interação pode ser atribuída a fatores bioquímicos intrínsecos a cada genótipo cultivado.

Em estágios iniciais, os ensaios experimentais são realizados em poucos ambientes, levando as estimativas de variâncias genéticas a apresentarem-se inflacionadas, visto que essa superestimação leva as respostas esperadas serem divergentes das obtidas com a seleção, adaptação de cultivares, e avaliação de genótipos e estabilidade de produção [1]. Nos últimos estágios desse processo, normalmente, os experimentos são realizados em diversos ambientes (locais, anos ou épocas), possibilitando o isolamento do componente da variabilidade genética.

Porém, segundo Duarte & Vencovsky [11], a presença dessa interação entre genótipos e ambientes dificulta a recomendação de cultivares para toda a população de ambientes amostrada pelos ensaios, visto que essa interação pode fazer com que os melhores genótipos em um determinado local não o sejam em outros. De acordo com Falconer [12], essa interação é uma fonte de variação fenotípica, e na maioria dos casos, inseparável da variância ambiental.

Chaves [5] afirma que a interação entre genótipos e ambientes não deve ser tratada como um fator indesejável, visto que é um fenômeno natural, cujo melhor conhecimento do mesmo

pode ser aproveitado no processo de seleção.

Desta forma, a necessidade de entender melhor os efeitos dessa interação torna-se crucial nos programas de melhoramento. As análises de adaptabilidade e estabilidade tornam possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que respondam às variações ambientais, seja em condições específicas ou amplas [9]. Logo, genótipos que possuem interação positiva com ambientes podem fazer a diferença entre um bom e um ótimo cultivar [11].

Ferramentas para o estudo da interação de genótipo e ambiente têm sido bastante estudadas por diversos pesquisadores. A análise *additive main effect and multiplicative interaction* (*AMMI*) vem se destacando e ganhando alta aplicabilidade nos últimos anos [11]. Ela engloba, num único modelo, a técnica análise de variância (ANAVA), para efeitos principais, e análise de componentes principais (ACP) para efeitos multiplicativos, a qual é aplicada à matriz de interação.

O objetivo dessa análise, conseqüentemente, se consolida na constatação de híbridos capazes de se manterem estáveis fenotipicamente e adaptáveis às diversas condições ambientais expostas. Além disso, de estratificar os ambientes testados em microrregiões homogêneas, identificar ambientes desfavoráveis a todas as cultivares avaliadas e reduzir repetições em ensaios, bem como atrelar essas características às questões financeiras, por exemplo, reduzindo custos e maximizando resultados de características agronômicas desejáveis.

## 2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

### 2.1 INTERAÇÃO GENÓTIPOS $\times$ AMBIENTES

Se for considerada uma característica avaliativa como produtividade de grãos, o fenótipo<sup>1</sup> a ser obtido é função do genótipo ( $G$ ), do ambiente ( $A$ ) e da interação ( $G \times A$ ) [29].

Se não houvesse interação ( $G \times A$ ), variedades genotípicas adaptar-se-iam à maioria dos ambientes testados, de forma que um só local de teste (inclusive com repetições) seria suficiente para fornecer resultados gerais. Na realidade, entretanto, mesmo variedades que exibam adaptabilidade em diversos ambientes, as mesmas apresentam resultados parcialmente bons, criando-se, assim, oportunidades valiosas de exploração dessa influência mútua entre genótipos e ambientes. É preciso dispor, portanto, de técnicas capazes de deter esse tipo de informação.

Segundo Duarte & Vencovsky [11], métodos baseados em regressão simplificam modelos de resposta, explicando a variação da interação em uma dimensão única, quando, de fato, ela pode ser bastante complexa. Além disso, não há como verificar, por esses métodos, interações específicas de certos genótipos com determinados ambientes (se positivas ou negativas), perdendo informações preciosas advindas da exploração dessa interação.

Embora existam outros enfoques que analisam as interações ( $G \times A$ ), como os desenvolvidos por Wricke [32], Shukla [30] e Magari & Kang [25], os quais procuram verificar a contribuição individual de cada genótipo para a interação, os dois primeiros possuem o pressuposto de que toda a interação é importante para descrever o padrão de resposta diferencial dos genótipos aos ambientes, gerando questionamentos acerca dessa pressuposição. A análise *AMMI*, diferentemente, busca rejeitar um resíduo suplementar presente nessa soma de quadrados.

Métodos multivariados aplicados podem ser úteis para exploração desses tipos de dados. Crossa [8] recomenda, dentre outros, o método *AMMI*, o qual veio sendo bastante explorado, principalmente, nas últimas duas décadas. Gauch & Zobel [16] afirmam que, a partir de 1994, tem-se publicado mais sobre aplicações desse tipo no âmbito agrícola do que em todos os anos anteriores.

### 2.2 FORMAS DE ATENUAR O EFEITO DE INTERAÇÃO

A implicação estatística básica para uma interação de fatores significativa está diretamente ligada à impossibilidade de uma interpretação aditiva para os efeitos principais [26]. Isto pode

---

<sup>1</sup>Manifestação visível ou detectável de um genótipo.

resultar simplesmente da desigualdade das variâncias nas resposta genotípicas de um ambiente para outro, sem modificação no posicionamento relativo dos genótipos (interação simples), até a completa falta de correlação nos comportamentos genotípicos entre os ambientes (interação complexa ou cruzada). Neste último caso, a presença da interação determina uma inconsistência na ordenação (*ranking*) dos genótipos de um ambiente para outro.

De acordo com Ramalho et al. [29], há três formas de atenuar a interação: identificando cultivar(es) específica(s) para cada ambiente; identificando cultivar(es) com maior estabilidade fenotípica e obtendo estratificações ambientais.

### 2.2.1 CULTIVARES ESPECÍFICAS PARA AMBIENTE

Na prática, os genótipos devem ser avaliados em vários ambientes e, após análise, são selecionadas cultivares específicas para cada ambiente. Entretanto, qualquer variação não prevista nesse(s) ambiente(s) pode tornar os genótipos não mais adaptados ao(s) mesmo(s), à luz da restrição ambiental criada, onde a dificuldade e o risco intrínseco tornam essa estratégia inutilizável.

### 2.2.2 CULTIVARES ESTÁVEIS FENOTIPICAMENTE

Lin et al. [24] introduzem que uma cultivar pode ser definida como estável através de três formas:

- (i) Se sua variância entre ambientes é pequena;
- (ii) Se sua resposta ao ambiente for de encontro ao desempenho médio de todos os materiais avaliados;
- (iii) Se o quadrado médio (QM) dos desvios da regressão, que avalia a estabilidade, é pequeno.

A estabilidade (i), denominada por Becker [4] “estabilidade no sentido biológico”, não é agronomicamente interessante, visto que não apresenta respostas diferentes a diferentes ambientes testados, mesmo quando estes são melhores que outros. Apresenta, portanto, constância fenotípica à variação ambiental.

A estabilidade (ii), denominada por Becker [4] “estabilidade no sentido agrônômico”, é agronomicamente atraente, já que essas cultivares acompanham o desempenho médio obtido nos ambientes. Esse conceito tem sido o favorito, pois, ao mesmo tempo que identifica cultivares estáveis, manifesta potencialidade dessas cultivares se manterem entre as mais fenotipicamente expressivas naqueles ambientes.

No conceito de estabilidade (iii), de acordo com Crossa [8], a principal limitação de uso do quadrado médio da regressão linear como metodologia para estimar a estabilidade fenotípica de cultivares está na dependência que existe entre a variável que mede o índice ambiental ( $I_j$ ) e a produtividade média da cultivar ( $Y_i$ ). Este fato viola um pressuposto da análise de regressão. Ainda, uma outra limitação desses métodos ocorre quando há locais com desempenhos



contrastantes, visto que a adaptação de um genótipo pode ser dominada pelo seu desempenho nos ambientes extremos, cobrindo os reais resultados.

### 2.2.3 ESTRATIFICAÇÕES AMBIENTAIS

Quando há a verificação de que nenhum genótipo é melhor em todas as localidades analisadas, a estratificação ambiental pode se fazer presente para amainar os efeitos dessa interação. Subdividindo uma macrorregião em microrregiões relativamente homogêneas dentro e heterogêneas entre si do ponto de vista da interação ( $G \times A$ ), criam-se áreas (não necessariamente contínuas espacialmente) com condições ambientais parecidas e possibilitam aos mesmos genótipos serem sempre os melhores nesse conjunto de locais [27]. Há, ainda, a possibilidade de que os genótipos superiores fenotipicamente sejam a eles previamente destinados.

Ainda com a implicação no volume maior de trabalho para ocorrer essas estratificações por parte dos melhoristas genéticos, a subdivisão espacial de avaliação também implica em herdabilidades<sup>2</sup> mais elevadas, e, portanto, progresso mais rápido dentro de um programa de melhoramento genético [16].

---

<sup>2</sup>É um coeficiente genético que expressa a relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica, ou seja, mede o nível da correspondência entre o fenótipo e o valor genético. Assim, a herdabilidade mede o grau de correspondência entre fenótipo e valor genético, que é, em última instância, aquilo que influencia a próxima geração.



### 3. MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento envolve o último estágio de experimentação de híbridos de milho antes da comercialização dos mesmos. Os ensaios foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados, com duas repetições na “safrinha” de 2015, 2016 e 2017. Envolve a grande região central do Brasil, definida pelo cerrado e pelos ecótonos de transição com outros biomas, com características específicas em relação à temperatura, precipitação, comprimento de dia, tipos de solo, entre outras. Abrangem os estados Mato Grosso e Goiás. 6 locais (municípios) constituem o experimento, juntamente com 6 diferentes genótipos. Visto que no mesmo município, em anos diferentes, o comportamento das características naturais pode ser diferente devido a diversos fatores, os ambientes testados são a concatenação de cada ambiente e o seu respectivo ano de teste. Geram-se, assim, 18 ambientes diferentes para serem analisados.

Dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) foram colhidos para as diferentes localidades experimentais e para os diversos híbridos testados. Posteriormente à coleta dos respectivos dados, realizou-se uma ANAVA conjunta, com o objetivo de detectar a interação entre genótipos e ambientes e justificar a utilização do método *AMMI*. Após processar a ANAVA conjunta, testou-se a normalidade dos resíduos graficamente (quantil-quantil *plot*) e pelo teste *Shapiro-Wilk* e a homocedasticidade (homogeneidade de variâncias) pelo teste *Levene*.

Importante ressaltar que, para avaliar a variabilidade genética entre os tratamentos e a interação, os dados analisados pelo modelo *AMMI* são balanceados, ou seja, há observações de produtividade para todos os genótipos em todos os locais, satisfazendo uma pressuposição do modelo.

#### 3.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIA

Com o objetivo de verificar se existe a interação ( $G \times A$ ), realiza-se uma análise de variância conjunta envolvendo todos os genótipos e todos ambientes, sendo que em cada ambiente teve-se um delineamento em blocos casualizados. Os dados são representados pelo seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + b_{h(j)} + \epsilon_{ijh} \quad (3.1)$$

sendo que:

$Y_{ij}$  é o valor observado do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente e no  $h$ -ésimo bloco, com  $i = 1, 2, \dots, g$ ,  $j = 1, 2, \dots, e$  e  $h = 1, 2, \dots, b$ ;

$\mu$  é uma constante, geralmente a média;

$g_i$  é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo;

$a_j$  é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente;

$(ga)_{ij}$  é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;

$b_{h(j)}$  é o efeito do  $h$ -ésimo bloco dentro do  $j$ -ésimo ambiente;

$\epsilon_{ijh}$  é o erro experimental associado ao  $i$ -ésimo genótipo, no  $j$ -ésimo ambiente e no  $h$ -ésimo bloco assumido ser independente e  $\epsilon_{ijh} \sim N(0, \sigma^2)$ .

Tabela 3.1: Esquema de análise de variância (ANAVA) para experimentos de um mesmo grupo de  $g$  genótipos avaliados em  $a$  ambientes com  $b$  blocos.

| Fonte de Variação | Graus de Liberdade | Quadrado Médio    |
|-------------------|--------------------|-------------------|
| Ambiente (A)      | $(a - 1)$          | $QM_A$            |
| Bloco/Ambiente    | $a(b - 1)$         | $QM_{B/A}$        |
| Genótipo (G)      | $(g - 1)$          | $QM_G$            |
| Interação (G×A)   | $(g - 1)(a - 1)$   | $QM_{G \times A}$ |
| Resíduo           | $a(g - 1)(b - 1)$  | $QM_{ERRO}$       |
| Total             | $(gab - 1)$        |                   |

Há três características da ANAVA que podem ser avaliadas para revelar se o modelo *AMMI* possui valor de importância no conjunto de dados proposto: a soma de quadrados (SQ) para genótipos (G), padrão da interação G×A [(G×A)<sub>P</sub>] e ruído da interação G×A [(G×A)<sub>R</sub>]. As somas de quadrados para genótipo e interação são valores obtidos diretamente pela ANAVA [17]. Para estimar a soma de quadrados para o ruído da interação, deve-se multiplicar os graus de liberdade da interação pelo quadrado médio do resíduo [15]. Para obter a soma de quadrado para o padrão da interação, subtrai-se a soma de quadrados do ruído da interação da soma de quadrados da interação. O método *AMMI* será provavelmente válido quando a base de dados possui grandes somas de quadrados para genótipo e para o padrão da interação, especialmente quando a última é maior ou igual à primeira [15] [17]. Por outro lado, ocasionalmente a soma de quadrados da interação pode estar dominada por ruído, evidenciada pela soma de quadrados da interação aproximadamente igual à soma de quadrados do ruído da interação. Nesse caso, a interação deve ser ignorada, e, portanto, a análise *AMMI* é inapropriada [17].

### 3.2 DIAGNÓSTICO DO MODELO *AMMI*

Após verificar que o modelo possui valor de importância no conjunto de dados proposto, a análise de adaptabilidade e estabilidade pode ser realizada, aplicando-se o método *AMMI*. A análise *AMMI* combina, em um modelo único, os componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos ( $g_i$ ) e ambientes ( $a_j$ ), com os componentes multiplicativos para o efeito da interação  $(ga)_{ij}$ . Assim, a resposta média de um genótipo  $i$  num ambiente  $j$  é dada por:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + \epsilon_{ij} \quad (3.2)$$

com  $(ga)_{ij} = \sum_{n=1}^k \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$ ,  $i = 1, 2, \dots, g$  e  $j = 1, 2, \dots, a$ .

Além da média geral ( $\mu$ ) e do erro experimental médio ( $\epsilon_{ij}$ ), os demais termos do modelo são resultados da decomposição por valores singulares (DVS) da matriz de interações  $\mathbf{GA}_{(gxa)} = [(\widehat{ga})_{ij}]$ . A matriz de interações é obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais, por ANAVA, aplicada à matriz de médias  $\mathbf{Y}_{(gxa)} = [Y_{ij}]$ .

Assim,  $\lambda_k$  é o  $k$ -ésimo valor singular de  $\mathbf{GA}$  (escalar) e,  $\boldsymbol{\gamma}_{k(gx1)}$  e  $\boldsymbol{\alpha}_{k(1xa)}$  são os respectivos vetores singulares (vetor linha e vetor coluna) associados a  $\lambda_k$ . O índice  $k$  ( $k = 1, 2, \dots, p$ ; com  $p = \min\{g - 1, a - 1\} = \text{posto de } \mathbf{GA}$ ), tomado até  $n$  no somatório ( $n < p$ ) determina uma aproximação de mínimos quadrados para a matriz  $\mathbf{GA}$  pelos  $n$  primeiros termos da DVS [22] [14], deixando-se um resíduo adicional  $\rho_{ij}$ . Para  $n = p$  não se tem a aproximação e sim uma decomposição exata da matriz, implicando em  $\rho_{ij}$  nulo.

Segundo a visão da ACP, algumas correspondências podem ser feitas:

- (i)  $\lambda_k$  é a raiz quadrada do  $k$ -ésimo autovalor das matrizes  $(\mathbf{GA})(\mathbf{GA})'$  e  $(\mathbf{GA})'(\mathbf{GA})$ . Então  $\lambda_k^2$  é o  $k$ -ésimo autovalor;
- (ii)  $\gamma_{ik}$  é o  $i$ -ésimo elemento (relacionado ao genótipo  $i$ ) do  $k$ -ésimo autovetor de  $(\mathbf{GA})(\mathbf{GA})'$  e  $(\mathbf{GA})'(\mathbf{GA})$  associado a  $\lambda_k^2$ ;
- (iii)  $\alpha_{jk}$  é o  $j$ -ésimo elemento (relacionado ao ambiente  $j$ ) do  $k$ -ésimo autovetor de  $(\mathbf{GA})(\mathbf{GA})'$  e  $(\mathbf{GA})'(\mathbf{GA})$  associado a  $\lambda_k^2$ .

A soma de quadrados relativa ao  $k$ -ésimo termo ou eixo de interação equivale ao quadrado do valor singular correspondente (o autovalor  $\lambda_k^2$ ):  $\text{SQ}_{G \times A [CPk]} = \lambda_k^2$ . Ademais, dada as propriedades desse tipo de decomposição, as  $p$  parcelas obtidas para a  $\text{SQ}_{G \times A}$  são ortogonais e, portanto, independentes.

Tomando de forma cumulativa os sucessivos termos do desdobramento, obtém-se aproximações cada vez melhores para a  $\text{SQ}_{G \times A}$  original. Porém, sendo  $\lambda_1^2 \geq \lambda_2^2 \geq \dots \geq \lambda_k^2$ , é possível que alguns poucos primeiros termos já sejam suficientes para descrever uma alta proporção dessa soma de quadrados. Isso pode permitir a seleção de um modelo parcimonioso (consumindo poucos graus de liberdade) e com boa capacidade para descrever a variabilidade devida à interação original (clássica). Logo, o modelo *AMMI* procura explicar a  $\text{SQ}_{G \times A}$  por meio de uma aproximação de posto  $n$  para a matriz  $\mathbf{GA}$  (com  $n$  preferivelmente bem menor que  $p$ ). Ou seja, o objetivo da análise é descrever a interação  $G \times A$  por um número reduzido de eixos, resultando em um modelo informativo, mas que consuma poucos graus de liberdade.

### 3.3 SELEÇÃO DO MODELO *AMMI*

#### 3.3.1 TESTES ESTATÍSTICOS PARA AS COMPONENTES DA $SQ_{G \times A}$

Há várias formas de designar graus de liberdade (GL) em um modelo *AMMI*. Uma delas é determinar um GL associado a cada parte da  $SQ_{G \times A}$ , ou seja, associado a cada  $\lambda_k^2$ . A significância de cada membro da família do modelo pode ser obtida calculando o valor de  $F$  em relação ao quadrado médio do erro ( $QM_{ERRO}$ ). O processo é bastante similar à ANAVA tradicional, revelando os GLs correspondentes à  $G \times A$ .

Dependendo do número  $n$  de termos (eixos singulares ou componentes principais) retidos para descrever o padrão da interação, o modelo é denotado: *AMMI0*, *AMMI1*, ..., *AMMIF*, gerando uma família de modelos *AMMI*. Em *AMMI0* nenhum eixo é ajustado (modelo aditivo sem interação), em *AMMI1* ajusta-se apenas o primeiro eixo de interação e assim por diante até *AMMIF*, o modelo completo de médias de caselas, com  $n = p$ .

O número de eixos que explicam o comportamento da interação é determinado considerando a proporção de  $SQ_{G \times A}$  acumulada até o eixo  $n$  ( $\sum_{k=1}^n \lambda_k^2 / SQ_{G \times A}$ ) [20]. O ponto de parada é baseado na significância do teste  $F$  para os termos da interação. O método de Gollob [21] é um dos mais utilizados para determinar os GLs para o modelo *AMMI*. Podem ser calculados como:  $GL_{CP_k} = g + a - 1 - 2k$ ,  $k = 1, 2, \dots, p$ , com  $p = \min\{g - 1, a - 1\}$ , onde  $CP_k$  é o  $k$ -ésimo eixo das componentes principais.

O teste  $F$  aplicado de acordo com o critério de Gollob [21] é bastante liberal em selecionar mais termos multiplicativos que o verdadeiro modelo contempla [28]. O autor defende que o teste  $F_{R,n}$  proposto por Cornelius et. al [7] é mais robusto, o qual possui hipótese nula de que não haja mais do que  $n$  termos determinando a interação. Sua estatística  $F_R$  tem distribuição  $F$  aproximada com  $GL_{ERRO}$  e  $f_2$  graus de liberdade, sendo

$$F_{R,n} = (SQ_{G \times A} - \sum_{k=1}^n \lambda_k^2) / (f_2 * QM_{ERRO}) \quad (3.3)$$

com  $f_2 = (g - 1 - n)(a - 1 - n)$ .

### 3.4 REPRESENTAÇÃO GRÁFICA DO MODELO

Uma virtude do método *AMMI* está na possibilidade de representar, num único gráfico, os efeitos de interação para cada genótipo e para cada ambiente. O gráfico, denominado *biplot* [13], baseia-se na decomposição por DVS de uma matriz, por outra de posto inferior.

Na análise *AMMI* o uso do *biplot* é garantido em razão da DVS aplicada à matriz de interações, que será representada, na maioria das aplicações, por meio de sua aproximação de posto um ou dois. Seja, então, a seguinte aproximação DVS para  $\mathbf{GA}$  (matriz de posto conhecido  $p$ ):  $\widehat{\mathbf{GA}}_{(g \times a)} = \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} = \tilde{\mathbf{U}} \tilde{\mathbf{S}} \tilde{\mathbf{V}}'$  onde, neste momento,  $\tilde{\mathbf{U}}_{(g \times n)}$  tem em suas colunas apenas os  $n$  primeiros vetores  $\gamma_{(g \times 1)}$ ;  $\tilde{\mathbf{V}}'_{(n \times a)}$  tem em suas linhas os  $n$  primeiros vetores

$\alpha'_{(1xa)}$ ; e  $\tilde{\mathbf{S}}_{(n)}$  é a matriz diagonal com os primeiros valores singulares  $\lambda_1, \lambda_2, \dots$  e  $\lambda_k$  com  $n < p$ . A expressão pode também ser escrita como:  $\widehat{\mathbf{GA}}_{(gxa)} = (\tilde{\mathbf{U}}\tilde{\mathbf{S}}^{1/2})(\tilde{\mathbf{S}}^{1/2}\tilde{\mathbf{V}}')$  ou ainda por:  $\widehat{\mathbf{GA}}_{(gxa)} = (\tilde{\mathbf{G}})(\tilde{\mathbf{H}}')$ ; bastando para isso fazer:  $\tilde{\mathbf{G}}_{(gxn)} = \tilde{\mathbf{U}}\tilde{\mathbf{S}}^{1/2}$  e  $\tilde{\mathbf{H}}'_{(nxa)} = \tilde{\mathbf{S}}^{1/2}\tilde{\mathbf{V}}'$ .

A matriz  $\tilde{\mathbf{G}}$  terá então  $g$  vetores denominados marcadores de linhas, cada um com  $n$  componentes (as coordenadas dos genótipos para cada eixo singular selecionado). Da mesma forma,  $\tilde{\mathbf{H}}'$  terá  $a$  marcadores de colunas, cada um com  $n$  componentes, correspondendo às coordenadas de ambientes para os mesmos  $n$  eixos. Dada a ortogonalidade dos eixos singulares, pode-se plotar os  $g$  genótipos e os  $a$  ambientes num sistema cartesiano de  $n$  eixos perpendiculares (na prática,  $n \leq 3$ ).

Demonstra-se, dessa forma, que o padrão subjacente à interação  $\mathbf{GA}$  passa a ser expresso, inclusive graficamente, como o resultado da multiplicação de um termo relativo aos genótipos (efeito de linhas) e outro relativo aos ambientes (efeito de colunas). Ambos os termos expressos em unidades de raiz quadrada da unidade  $Y_{ij}$ . Logo, multiplicando-se uma linha  $i$  de  $\tilde{\mathbf{G}}$  por uma coluna  $j$  de  $\tilde{\mathbf{H}}'$  (produto interno de vetores) obtém-se, nesse tipo de representação, a estimativa  $AMMI_n$  para a interação do genótipo  $i$  com o ambiente  $j$ , ou seja,  $\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$ . Segundo Duarte e Vencovsky [11], abre-se, com isso, a possibilidade de capitalizar, na seleção, interações positivas de genótipos e ambientes específicos, o que corresponderá, no gráfico, a combinações de genótipos e ambientes com coordenadas (ou escores) de mesmo sinal.

A maioria dos gráficos em *biplot* mostrados em artigos que utilizam a análise *AMMI* apresentam apenas o primeiro eixo de interação (CP1). Ainda assim os gráficos são construídos em duas dimensões, utilizando-se o eixo das abscissas para representar os efeitos principais (médias de genótipos e ambientes) e as ordenadas para expressar os escores de genótipos e ambientes para o referido eixo de interação. Num *biplot AMMI1*, os pontos situados na faixa horizontal em torno de zero no eixo CP1 correspondem aos genótipos e ambientes mais estáveis.

As informações de um *biplot AMMI1* podem ser classificadas em quatro grupos, segundo Alvarez & Eyhérabide [2]. Com rendimentos médios elevados (acima da média) e de baixa interação  $G \times A$  (estáveis); com baixos rendimentos (abaixo da média) e estáveis; com rendimentos elevados, porém com maior interação  $G \times A$  (instáveis); e aqueles com baixos rendimentos e instáveis.

Apenas observando o sinal dos escores para cada par de genótipo e ambiente, as relações adaptativas podem ser facilmente percebidas. Escores de mesmo sinal indicam uma interação positiva entre ambos e, contrariamente, escores de sinais opostos indicam interação negativa, evidenciando uma falta de sinergia adaptativa.

Em um *biplot AMMI2*, o qual possui em seus eixos a primeira e segunda CP, genótipos e ambientes podem ser classificados como estáveis quando possuem escores nulos para as duas coordenadas simultaneamente.

Geometricamente, algumas propriedades podem ser exploradas nessas representações. Dessa forma, no contexto da análise multivariada, nota-se que o comprimento de um vetor marcador nos *biplots* relaciona-se à variância associada à variável correspondente, e, assim sendo, quanto menor o vetor, maior a estabilidade. Ainda, marcadores colineares sugerem alta correlação

entre as variáveis, e os perpendiculares, independência.

A distância euclidiana entre dois marcadores genotípicos informa sobre a similaridade entre os indivíduos ali testados. Quanto menor a distância, por conseguinte, mais similares entre si são os genótipos.

A partir das imagens produzidas, fazem-se, então, as devidas interpretações, procurando identificar genótipos e ambientes que menos contribuíram para a interação  $G \times A$ ; combinações de genótipos e ambientes desejáveis em termos de adaptabilidade; relações entre os eixos de interação e características genotípicas e ambientais conhecidas, objetivando uma maior compreensão dos mecanismos determinadores da interação  $G \times A$  e, por conseguinte, obtendo maior probabilidade de recomendações de cultivares de sucesso.



## 4. DISCUSSÃO DOS RESULTADOS

O resultado da análise de variância (ANAVA) conjunta para produtividade de milho ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) evidencia que os efeitos de genótipo, ambiente e a interação são significativos ao nível de 1% de significância (valor  $p < 0.01$ ). Isso mostra que os genótipos apresentam diferentes comportamentos nos ambientes analisados. Justifica-se, assim, o estudo do comportamento dos genótipos para identificar a magnitude da interação com os ambientes [19].

Tabela 4.1: Análise de variância conjunta de ensaio de produtividade de milho e decomposição da soma de quadrados de **GA**.

| FV                         | $GL_G$  | SQ         | QM         | $F_G$ | Valor $p$  | $GL_C$ | $F_C$ | Valor $p$  |
|----------------------------|---------|------------|------------|-------|------------|--------|-------|------------|
| Ambiente (A)               | 17      | 2837970.94 | 166939.47  | 81.63 | $< 0.01^*$ | -      | -     | -          |
| Bloco/Ambiente             | 18      | 36811.04   | 2045.06    | 0.80  | 0.7008     | -      | -     | -          |
| Genótipo (G)               | 5       | 750342.24  | 1500058.45 | 58.35 | $< 0.01^*$ | -      | -     | -          |
| Interação ( $G \times A$ ) | 85      | 809998.81  | 9529.40    | 3.71  | $< 0.01^*$ | 85     | 3.71  | $< 0.01^*$ |
| CP1                        | 21      | 3664.40    | 174.50     | 6.78  | $< 0.01^*$ | 64     | 2.69  | $< 0.01^*$ |
| CP2                        | 19      | 1969.84    | 103.68     | 4.03  | $< 0.01^*$ | 45     | 2.13  | $< 0.01^*$ |
| CP3                        | 17      | 1231.99    | 72.47      | 2.82  | $< 0.01^*$ | 28     | 1.71  | 0.0304     |
| CP4                        | 15      | 848.65     | 56.58      | 2.20  | 0.0117     | 13     | 1.15  | 0.3294     |
| CP5                        | 13      | 385.02     | 29.62      | 1.15  | 0.3294     | 0      | -     | -          |
| Resíduo                    | 90      | 2314.80    | 25.72      |       |            |        |       |            |
| Total                      | 215     | 4666601.13 |            |       |            |        |       |            |
| Média Geral                | 1060.02 |            |            |       |            |        |       |            |
| CV (%)                     | 4.78    |            |            |       |            |        |       |            |

\*Significativo ao nível de 1% de significância. G (Gollob); C (Cornelius).

As fontes de variação contidas na tabela 4.1 correspondem aos termos da equação 3.1 para o modelo *AMMI* aplicado a um ensaio de produtividade com delineamento em blocos casualizados. Na análise *AMMI* a soma de quadrados da interação ( $SQ_{G \times A} = 809999$ ) corresponde à soma dos autovalores. Ela pode ser inflada pela presença de ruídos (variação inexplicada) na variável resposta. A SQ de genótipos é 750342.24, para  $(G \times A)_R$  é 218620 (26,99% da  $SQ_{G \times A}$ ) e para  $(G \times A)_P = 809999 - 218620 = 591379$  (73,01% da  $SQ_{G \times A}$ ). É necessário, assim, fazer um ajuste da interação pela decomposição em valores singulares da matriz de interação entre genótipo e ambiente. A matriz de interação possui  $rank = 5$ , e, portanto, pode ser decomposta em cinco componentes principais (CPs), que correspondem à SQ parcial na ANAVA.

A precisão experimental pode ser mensurada através do coeficiente de variação (CV). Evi-

denciado na tabela 4.1, o CV baixo (4.78%) indica uma alta qualidade experimental dos ensaios em questão e permite, por conseguinte, relativa facilidade na seleção de cultivares superiores, visto que, de forma geral, a característica agrônômica aqui avaliada (produtividade) foi pouco afetada pelas variações ambientais não controláveis.

## 4.1 SELEÇÃO DO MODELO

Para a escolha do modelo *AMMI*, foram adotados critérios posdictivos através dos testes  $F$  de Gollob [21] e  $F_R$  de Cornelius et al. [7].

Visto que a soma de quadrados do padrão da interação representa 73.01% da soma de quadrados da interação, o objetivo de selecionar componentes se fixa na ideia de reter a quantidade de componentes necessárias para aproximadamente explicar a soma de quadrados do padrão da interação. O primeiro eixo singular da análise *AMMI* captura a maior porcentagem do padrão dos dados [20], e assim sucessivamente. Uma alta porcentagem da  $SQ_{G \times A}$  é explicada pelos dois primeiros eixos (69.6%), sendo a retenção dessas duas CPs (ou eixos) o modelo *AMMI2*, o qual elucida bem proximamente a soma de quadrados do padrão da interação ( $G \times A$ ). Dessa forma, o diagnóstico do modelo para otimizar a acurácia preditiva leva ao modelo *AMMI2*.

Observando a decomposição da interação genótipo x ambiente pelo modelo *AMMI*, as três primeiras CPs são significativas ao nível de 1% de significância pelo teste  $F$  de Gollob [21], explicando, respectivamente, 45.2%, 24.3% e 15.2% da  $SQ_{G \times A}$ . Essas três CPs somam 84.7% da  $SQ_{G \times A}$ . Através do teste  $F_R$  proposto por Cornelius et al. [7], defendido por Piepho [28] como o mais robusto, apenas as duas primeiras CPs são significativas ao nível de 1% de significância. Os dois primeiros eixos explicam 69.6% da  $SQ_{G \times A}$ , enquanto os outros eixos são dominados por ruídos, como visto acima. Ainda, no modelo *AMMI3*, cada um de seus 57 GLs relativos à interação explica 1.48% (84.7%/57) da  $SQ_{G \times A}$ . No *AMMI2*, por sua vez, cada GL explica 1.74% (69.6%/40). Portanto, o modelo *AMMI2* parece ser o mais parcimonioso e, ao mesmo tempo, informativo para descrever o padrão da interação.

O último estágio da análise *AMMI* é a representação gráfica de genótipos e ambientes no *biplot* e identificação de mega-ambientes. É necessário determinar a posição na interação dos eixos singulares. Das matrizes  $\mathbf{U}$ ,  $\mathbf{S}$  e  $\mathbf{V}$  resultantes da DVS da matriz  $\mathbf{GA}$ , obtemos os resultados de interesse.

$$\mathbf{U}_{(6 \times 5)} = \begin{bmatrix} -0.2219 & 0.4187 & 0.7301 & -0.2146 & 0.1723 \\ -0.3494 & 0.2302 & -0.4009 & 0.5638 & 0.4239 \\ 0.0083 & 0.1212 & -0.0061 & 0.2980 & -0.8543 \\ 0.8102 & 0.2505 & -0.2215 & -0.1852 & 0.1755 \\ -0.3897 & -0.2159 & -0.4058 & -0.6817 & -0.0742 \\ 0.1426 & -0.8048 & 0.3041 & 0.2198 & 0.1568 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{S}_{(5)} = \begin{bmatrix} 428.0487 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 313.8413 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 248.1787 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 205.9877 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 138.7581 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{V}'_{(5 \times 18)} = \begin{bmatrix} -0.1747 & -0.0879 & -0.1263 & 0.1830 & 0.0586 & -0.1885 & 0.8116 & \dots & 0.0725 \\ -0.0174 & -0.1489 & 0.2597 & 0.2993 & -0.1588 & 0.1424 & -0.1312 & \dots & 0.1212 \\ 0.0645 & -0.2263 & -0.1464 & -0.0602 & -0.1541 & -0.4263 & -0.0315 & \dots & -0.2452 \\ -0.2256 & 0.1859 & 0.0574 & -0.1456 & -0.0110 & 0.1689 & 0.0732 & \dots & 0.0816 \\ -0.4333 & -0.3573 & 0.1280 & 0.1023 & -0.1504 & -0.0786 & -0.2748 & \dots & 0.0369 \end{bmatrix}$$

Essas matrizes são, portanto, a matriz com os vetores singulares-coluna  $\gamma_k$  ( $\mathbf{U}$ ), a matriz com os valores singulares  $\lambda_k$  ( $\mathbf{S}$ ) e a matriz com os vetores singulares-linha  $\alpha'_k$  ( $\mathbf{V}'$ ), com  $k = 1, 2, 3, 4, 5$ .

## 4.2 INTERPRETAÇÃO GRÁFICA DO MODELO

É possível analisar através dessa representação a dispersão dos genótipos, ambientes e a interação entre eles. O *biplot AMMI1* contém a variação do efeito principal aditivo dos genótipos e ambientes, sendo representado no eixo horizontal, enquanto a variação dos efeitos multiplicativos da interação é mostrada no eixo vertical. No *biplot AMMI2*, estão representados os efeitos multiplicativos da interação contendo as duas primeiras CPs.

As figuras 4.1 e 4.2 ilustram as duas representações (*biplots AMMI1* e *AMMI2*, respectivamente) resultantes destes dois conjuntos de coordenadas.

A interpretação de um *biplot* quanto à interação  $G \times A$  é feita observando-se a magnitude e o sinal dos escores de genótipos e ambientes para o(s) eixo(s) de interação. Assim, escores nulos no eixo são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a interação, caracterizando-os como estáveis.

Pela figura 4.1, evidencia-se que o genótipo que menos contribuiu para a interação  $G \times A$ , captada pelo primeiro eixo (CP1), foi o G3; enquanto entre os ambientes destacaram-se, neste sentido, DI16, SO16, LR16, SO17, NU17, SO15 e NM15 (letras representam o município e números o ano de teste). Estes resultados são confirmados no *biplot AMMI2* (figura 4.2). Num *biplot AMMI2*, genótipos e ambientes estáveis (com pequena contribuição para a  $SQ_{G \times A}$ ) são aqueles cujos pontos situam-se próximos à origem, ou seja, com escores praticamente nulos para os dois eixos de interação (CP1 e CP2).

A estabilidade aqui avaliada é um indicativo de suas respectivas amplitudes adaptativas, ou seja, genótipos estáveis mostraram-se amplamente adaptados aos ambientes de teste. Entretanto, para fins de recomendação de cultivares, genótipos estáveis devem também apresentar

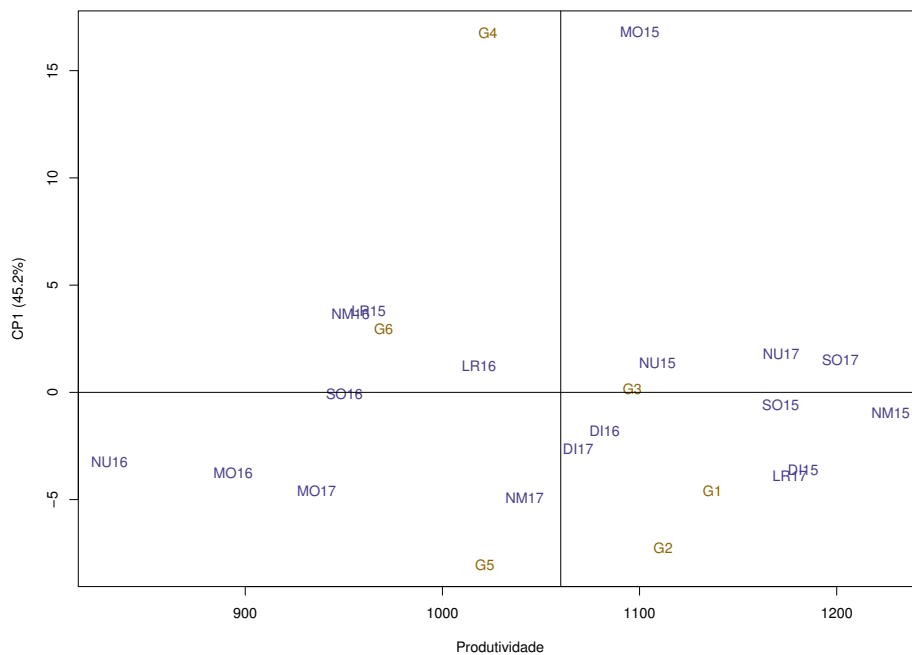


Figura 4.1: *Biplot AMMI1* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (A, sendo a concatenação entre o município e o ano de teste).

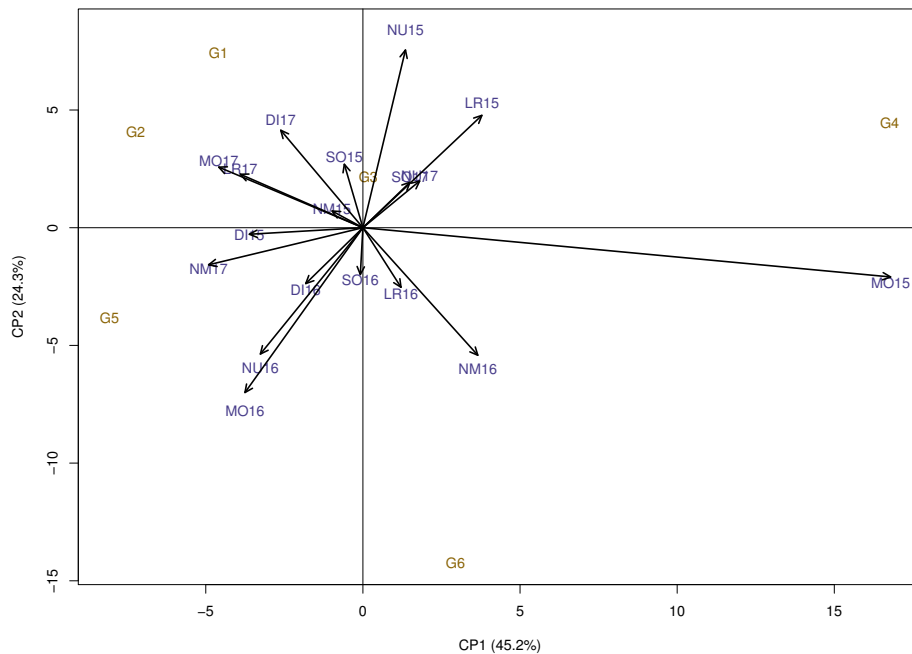


Figura 4.2: *Biplot AMMI2* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (A, sendo a concatenação entre o município e o ano de teste).

uma performance desejável, o que é avaliado através de suas médias (efeitos principais). Assim, entre os genótipos testados, de acordo com a 4.1, destaca-se o G3. A figura 4.2 confirma o G3 como mais estável, embora o mesmo apresenta a terceira maior produtividade média.

Logo, para esse conjunto de dados, altas produtividades médias parecem estar associadas a adaptações específicas. Por exemplo, os genótipos G1 e G2 são adaptados aos ambientes MO17, LR17 e DI17 (figura 4.2). Apresentam, respectivamente, a primeira e a segunda maior média em produtividade (1136.98 e 1111.93 kg ha<sup>-1</sup>). Nota-se, também, que os ambientes são todos referentes a ensaios realizados em 2017, provavelmente devido a fatores externos (índice de precipitação, entre outros).

Além disso, no caso de ambientes que representam um mesmo local em diferentes anos, valores nulos para o(s) eixo(s) de interação indicam que a classificação dos genótipos de um ano para o outro, neste local, é pouco variável, resultando numa classificação mais consistente dos genótipos.

Logicamente, a uma maior repetibilidade do ordenamento ao longo dos anos está associada uma maior confiabilidade na classificação genotípica [11]. Na figura 4.1, o local Sorriso (SO15, SO16, SO17) exhibe esta propriedade, contrariamente ao local Montividiu (MO15, MO16, MO17). O município Sorriso, embora apresente alta variabilidade de ano para ano, em termos de efeitos principais, mostra pequena variação em interações G×A. Já Montividiu mostra-se bastante variável também nas interações. Logo, torna-se mais difícil fazer uma recomendação para o município Montividiu do que para Sorriso. Portanto, os melhoristas podem também selecionar locais de teste conforme seus interesses.

Pela figura 4.1, o genótipo G6 parece possuir uma adaptação especial nos ambientes NM16, LR15 e LR16. Ao analisar a figura 4.2, verifica-se que o sinal dos escores de LR15 e G6 são opostos, evidenciando uma certa falta de adaptação desse genótipo nesse ambiente, informação de interação esta capturada especificamente pelo segundo eixo. O mesmo ocorre com o ambiente MO15 e o genótipo G5: pela segunda figura, a evidência de que não se confirma a sinergia adaptativa dos mesmos. Fica claro, também, através das duas figuras, a interação negativa do genótipo G2 ao ambiente NM16 (vetores apontando em direções opostas).

Em relação a ambientes, os que apresentaram menos contribuições foram NM15, SO15, SO16, SO17, LR16, DI15 e NU17 (figura 4.2). Os mais discrepantes foram MO15, MO16, NU15 e NU16. Ambientes como MO16 e NU16 parecem ser muito similares (figuras 4.1 e 4.2). Possuem, ainda, as menores produtividades médias (893.93 e 831.17 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente). É possível, assim, substituir um desses locais por outro mais representativo da região, onde seriam feitas recomendações de cultivares. A análise *AMMI* pode se usada eficientemente na identificação de condições ambientais superiores para exploração agrícola (seleção de locais de teste) e genótipos de performance média superior [18] [33].

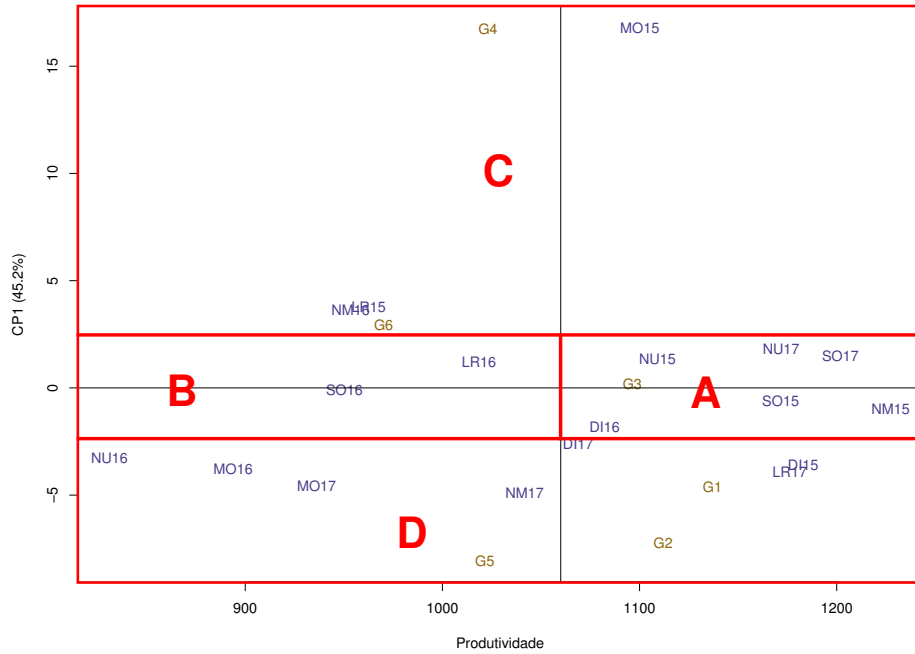


Figura 4.3: Estratificação no *Biplot AMMI1* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (sendo a concatenação entre o município e o ano de teste). A: estratificação com rendimentos médios elevados (acima da média) e de baixa interação  $G \times A$ ; B: baixos rendimentos (abaixo da média) e estáveis; C: rendimentos elevados, porém com maior interação  $G \times A$ ; D: baixos rendimentos e instáveis.

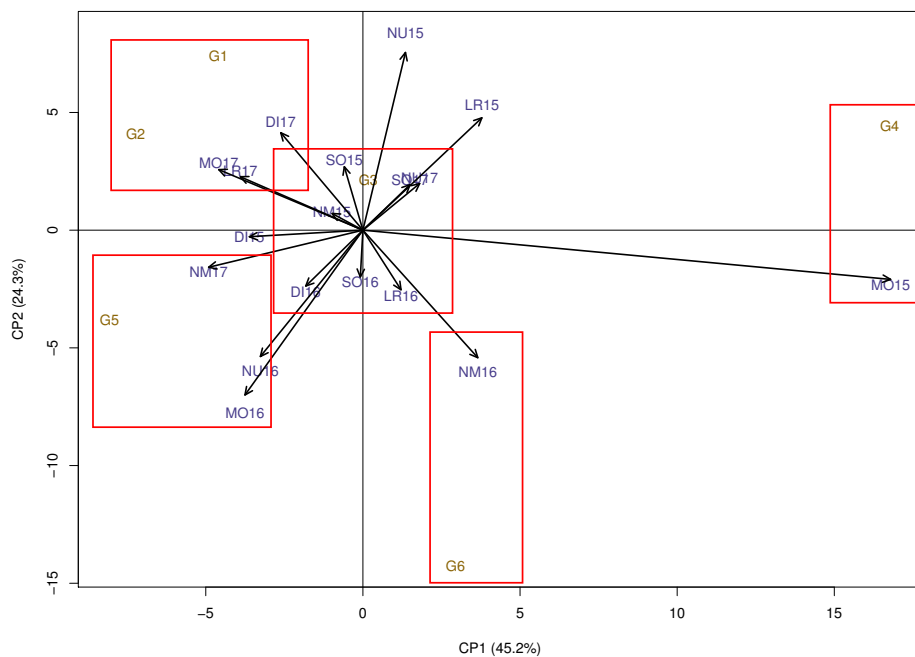


Figura 4.4: Estratificação no *Biplot AMMI2* para os dados de produtividade de grãos ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), em milho, com 6 genótipos (G, ordenados em ordem numérica decrescente de produtividade média) e 18 ambientes (A, sendo a concatenação entre o município e o ano de teste).

## 5. CONCLUSÕES

- O genótipo G3 apresenta a melhor combinação de adaptabilidade e estabilidade, apesar de sua produtividade média ser a terceira maior entre todos os genótipos avaliados. Dessa forma, o seu uso é recomendado para todos os ambientes aqui testados.
- Apesar de se apresentarem instáveis e possuírem adaptações específicas aos ambientes MO17, LR17 e DI17, os genótipos G1 e G2 apresentam as maiores médias produtivas.
- O ambiente NM15 possui a maior produtividade média ( $1136.98 \text{ kg ha}^{-1}$ ) e o NU16 a pior ( $831.17 \text{ kg ha}^{-1}$ ). São indicativos, assim, de ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente.
- Identificar interações ( $G \times A$ ) seguramente proporciona a indicação positiva de cultivares com altas respostas, o que pode significar melhoria de produtividade das culturas em regiões específicas.
- O método *AMMI* se mostrou capaz de entender a interação ( $G \times A$ ) complexa, criar um zoneamento ecológico e explorar adaptações específicas, além de evidenciar um ganho na acurácia de recomendações, seleções e ganho genético.





## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] Allard, R.: *Princípios do melhoramento genético das plantas*. Edgard Blucher, 1971.
- [2] Alvarez, M. d. P. e Eyhérabide, G.: *Estabilidad del rendimiento de cultivares de híbridos comerciales de maíz en la área de la EEA Pergamino*. Rev. Tecnologia Agropec. INTA Pergamino. n. may/ago, pp. 17–21, 1996.
- [3] Alves, L. R. A., Ferreira Filho, J. B. S., Ballaminut, C. E. C. e Osaki, M. Ribeiro, R. G.: *Avaliação econômica de milho geneticamente modificado resistente a insetos: MON89034 e MON810*. p. 47. Sociedade Brasileira de Economia, Administração e Sociologia Rural, 2009.
- [4] Becker, H.: *Correlations among some statistical measures of phenotypic stability*. Euphytica, 30(3):835–840, 1981.
- [5] Chaves, L. *et al.*: *Interação de genótipos com ambientes*. Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundação MT, pp. 675–712, 2001.
- [6] CONAB: *Acompanhamento safra brasileira de grãos, Safra 2016/17*, 2017. [http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17\\_07\\_12\\_11\\_17\\_01\\_boletim\\_graos\\_julho\\_2017.pdf](http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_07_12_11_17_01_boletim_graos_julho_2017.pdf), acesso em 14/07/2017.
- [7] Cornelius, P. L., Seyedsadr, M. e Crossa, J.: *Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials*. Theoretical and Applied Genetics, 84(1):161–172, 1992.
- [8] Crossa, J.: *Statistical analysis of multi-location trials*. Advances in Agronomy, 44:55–85, 1990.
- [9] Cruz, C., Regazzi, A. e Carneiro, P.: *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*, vol. 2. Ed. UFV, 1997.
- [10] Cruz, J. C., Konzen, E., Pereira Filho, I., Marriel, I., Cruz, I., Duarte, J. d. O., Oliveira, M. e Alvarenga, R.: *Produção de milho orgânico na agricultura familiar*. Embrapa Milho e Sorgo, 2006.
- [11] Duarte, J. e Vencovsky, R.: *Interação Genótipos x Ambientes: Uma Introdução à Análise AMMI.*, Sociedade Brasileira de Genética. Série Monografias. Ribeirão Preto, p. 60, 1999.

- [12] Falconer, D.: *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: UFV, p. 279, 1987.
- [13] Gabriel, K. R.: *The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis*. *Biometrika*, 58(3):453–467, 1971.
- [14] Gabriel, K. R.: *Least squares approximation of matrices by additive and multiplicative models*. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, 40(2):186–196, 1978.
- [15] Gauch, H.: *Statistical Analysis of Regional Yield Trials: AMMI Analysis of Factorial Designs*. Elsevier, 1992.
- [16] Gauch, H., Zobel, R. W. et al.: *Identifying mega-environments and targeting genotypes*. *Crop Science*, 37(2):311–326, 1997.
- [17] Gauch, H. G.: *A simple protocol for AMMI analysis of yield trials*. *Crop Science*, 53(5):1860–1869, 2013.
- [18] Gauch, H. G., Piepho, H. P. e Annicchiarico, P.: *Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations*. *Crop science*, 48(3):866–889, 2008.
- [19] Gauch, H. G., J.: *Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs*. Elsevier Science Publishers, Amsterdam, Netherlands, 1992.
- [20] Gauch Jr, H. G.: *Model selection and validation for yield trials with interaction*. *Biometrics*, pp. 705–715, 1988.
- [21] Gollob, H. F.: *A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques*. *Psychometrika*, 33(1):73–115, 1968.
- [22] Good, I. J.: *Some applications of the singular decomposition of a matrix*. *Technometrics*, 11(4):823–831, 1969.
- [23] Hoogerheide, E. S. S.: *Estabilidade fenotípica de cultivares de algodoeiro herbáceo em diferentes sistemas de produção no estado do Mato Grosso*. Tese de Doutorado, Universidade de São Paulo, 2004.
- [24] Lin, C. S., Binns, M. R. e Lefkovitch, L. P.: *Stability analysis: where do we stand?* *Crop science*, 26(5):894–900, 1986.
- [25] Magari, R. e Kang, M. S.: *SAS-STABLE: Stability analyses of balanced and unbalanced data*. *Agronomy journal*, 89(6):929–932, 1997.
- [26] Mandel, J.: *A new analysis of variance model for non-additive data*. *Technometrics*, 13(1):1–18, 1971.
- [27] Oliveira, A. B. de, Duarte, J. B. e Pinheiro, J. B.: *Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 38(3):357–364, 2003.

- [28] Piepho, H.: *Robustness of statistical tests for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials*. Theoretical and Applied Genetics, 90(3-4):438–443, 1995.
- [29] Ramalho, M. A. P., Santos, J. B. d. e Zimmermann, M. J. O.: *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, p. 271, 1993.
- [30] Shukla, G.: *Some statistical aspects of partitioning genotype environmental components of variability*. Heredity, 29(2):237–245, 1972.
- [31] Sousa Bueno, L. de, Mendes, A. e Carvalho, S. de: *Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos*. Editora UFLA, 3ª ed., 2006.
- [32] Wricke, G.: *Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer*. Zeitschrift Fur Pflanzenzuchtung - Journal of Plant Breeding, 52(2):127, 1964.
- [33] Yan, W., Kang, M. S., Ma, B., Woods, S. e Cornelius, P. L.: *GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data*. Crop science, 47(2):643–653, 2007.



## A. APÊNDICE

Tabela A.1: Coordenadas dos eixos das abscissas (X) e ordenadas (Y) para os *biplots AMMI1* e *AMMI2* construídos, seguidas pela ordem de médias de produtividade (kg ha<sup>-1</sup>).

|                        |      | <i>Biplot AMMI 1</i> |         | <i>Biplot AMMI2</i> |         |                 |
|------------------------|------|----------------------|---------|---------------------|---------|-----------------|
|                        |      | (X) Média            | (Y) CP1 | (X) CP1             | (Y) CP2 | Ordem p/ médias |
| Genótipos              | G1   | 1136.98              | -4.59   | -4.59               | 7.42    | (1)             |
|                        | G2   | 1111.93              | -7.23   | -7.23               | 4.07    | (2)             |
|                        | G3   | 1096.34              | 0.17    | 0.17                | 2.15    | (3)             |
|                        | G4   | 1023.13              | 16.76   | 16.76               | 4.44    | (4)             |
|                        | G5   | 1021.49              | -8.06   | -8.06               | -3.82   | (5)             |
|                        | G6   | 970.24               | 2.95    | 2.95                | -14.26  | (6)             |
| Diamantino, MT         | DI15 | 1182.99              | -3.61   | -3.61               | -0.31   | (1)             |
|                        | DI16 | 1082.35              | -1.82   | -1.82               | -2.64   | (9)             |
|                        | DI17 | 1068.85              | -2.61   | -2.61               | 4.60    | (10)            |
| Lucas do Rio Verde, MT | LR15 | 962.60               | 3.79    | 3.79                | 5.30    | (13)            |
|                        | LR16 | 1018.52              | 1.21    | 1.21                | -2.81   | (12)            |
|                        | LR17 | 1176.24              | -3.90   | -3.90               | 2.52    | (4)             |
| Montividiu, GO         | MO15 | 1100.15              | 16.79   | 16.79               | -2.32   | (8)             |
|                        | MO16 | 893.93               | -3.75   | -3.75               | -7.78   | (17)            |
|                        | MO17 | 936.24               | -4.59   | -4.59               | 2.86    | (16)            |
| Nova Mutum, MT         | NM15 | 1227.34              | -0.98   | -0.98               | 0.79    | (2)             |
|                        | NM16 | 953.51               | 3.66    | 3.66                | -6.02   | (14)            |
|                        | NM17 | 1041.76              | -4.91   | -4.91               | -1.75   | (11)            |
| Nova Ubiratã, MT       | NU15 | 1109.10              | 1.35    | 1.35                | 8.39    | (7)             |
|                        | NU16 | 831.17               | -3.26   | -3.26               | -5.96   | (18)            |
|                        | NU17 | 1171.78              | 1.81    | 1.81                | 2.20    | (5)             |
| Sorriso, MT            | SO15 | 1171.61              | -0.59   | -0.59               | 2.99    | (6)             |
|                        | SO16 | 950.31               | -0.08   | -0.08               | -2.21   | (15)            |
|                        | SO17 | 1201.89              | 1.50    | 1.50                | 2.15    | (3)             |



## B. APÊNDICE

**Rotina em R para obter os valores de graus de liberdade, F e valores-p para o teste de Cornelius.**

```

install.packages("agricolae") #instalando pacote
library(agricolae) #carregando pacote

dados = read.csv("dados.csv", sep=",", header = TRUE) #inserindo dados

model <- with(dados, AMMI(Locality, Genotype, Rep, Yield, console=FALSE)) #ajus-
tando o modelo AMMI

SQga = as.numeric(model$ANOVA$`Sum Sq`[which(rownames(model$ANOVA)== "ENV:GEN")])
#extraíndo o valor da soma de quadrados da interação
QMerro = as.numeric(model$ANOVA$`Mean Sq`[which(rownames(model$ANOVA)== "Residuals")])
#extraíndo o valor do quadrado médio do erro
DFerro = as.numeric(model$ANOVA$Df[which(rownames(model$ANOVA)== "Residuals")])
#extraíndo os graus de liberdade do erro
g = as.numeric(model$ANOVA$Df[which(rownames(model$ANOVA)== "GEN ")]) + 1
#extraíndo a quantidade de genótipos analisados
a = as.numeric(model$ANOVA$Df[which(rownames(model$ANOVA)== "ENV")]) + 1
#extraíndo a quantidade de ambientes analisados

i=1
FCornel = vector()
Pvalue = vector()
for(i in 1:length(rownames(model$analysis))){
  f2 = (g - 1 - i)*(a - 1 - i)
  FCornel[i] = (SQga - sum(model$analysis$Sum.Sq[1:i]))/(f2*QMerro)
  PValue[i] = pf(FCornel[i], f2, DFerro, lower.tail = FALSE) }

Cornelius = as.data.frame(cbind(rownames(model$analysis), round(FCornel,4), round(PValue,4)))
colnames(Cornelius) = c("CP", "FCorn", "Valor p")

```