



**Universidade Federal de Uberlândia  
Faculdade de Matemática**

**Bacharelado em Estatística**

**ESTUDO DA INTERAÇÃO DUPLA EM  
ENSAIOS NACIONAIS DE MILHO**

**Beatriz da Silva Vieira**

**Uberlândia-MG  
2022**

**Beatriz da Silva Vieira**

**ESTUDO DA INTERAÇÃO DUPLA EM  
ENSAIOS NACIONAIS DE MILHO**

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

Orientador: Dra. Mirian Fernandes Carvalho Araújo

**Uberlândia-MG**

**2022**



**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, \_\_\_\_\_ de \_\_\_\_\_ de 20\_\_\_\_\_

**BANCA EXAMINADORA**

---

Dra. Mirian Fernandes Carvalho Araújo

---

Dr. Lúcio Borges de Araújo

---

Dra. Aurélia Aparecida de Araújo Rodrigues

**Uberlândia-MG  
2022**

# AGRADECIMENTOS

A todos aqueles que contribuíram, de alguma forma, para a realização deste trabalho. A todos que participaram, direta ou indiretamente do desenvolvimento deste trabalho de pesquisa, enriquecendo o meu processo de aprendizado. Às pessoas com quem convivi ao longo desses anos de curso, que me incentivaram e que certamente tiveram impacto na minha formação acadêmica.

# RESUMO

O objetivo do presente trabalho é verificar a contribuição de cada genótipo e ambiente para a interação genótipos  $\times$  ambientes através do teste  $F$ . Os dados utilizados foram coletados no site EMBRAPA [1] e analisados através de componentes principais e teste  $F$ . Atualmente existe um entendimento geral que a interação entre genótipos  $\times$  ambientes têm uma relevância para a obtenção de variedades superiores, logo a interação não é apenas um problema, mas também uma oportunidade a ser aproveitada. Com base nas análises obteve-se que apenas o genótipo 1M807 foi considerado adaptado a todos os ambientes e apenas um ambiente contribuiu efetivamente para a interação, os demais foram considerados estáveis.

**Palavras-chave:** Contribuição genótipos  $\times$  ambientes; Adaptabilidade; Melhoramento genético .

# ABSTRACT

When carrying out an experiment in different environments, in the same group of genotypes, it often happens that the environment changes the same character in different genotypes, that is, an interaction between factors can occur. Therefore, the interaction between genotypes and environments (genotypes  $\times$  environments) is due to the differential response of each genotype to environmental variation. The objective of the present work is to verify the contribution of each genotype and environment to the genotype  $\times$  environment interaction. The data used will be collected on the EMBRAPA website [1]. and analyzed through main components and F test. Currently there is a general understanding that the interaction between genotypes  $\times$  environments has a relevance for obtaining superior varieties, therefore the interaction is not only a problem, but also an opportunity to be taken advantage of. Based on the analysis, it was obtained that only the 1M807 genotype was considered adapted to all environments and only one environment contributed effectively to the interaction, the others were considered stable.

**Keywords:** Genotype  $\times$  environment contribution; Adaptability; Genetical enhancement .

# SUMÁRIO

Lista de Figuras	I
Lista de Tabelas	II
1 Introdução	1
2 Metodologia	3
2.1 Coleta dos dados . . . . .	3
2.2 Análise de variância conjunta . . . . .	3
2.3 Teste estatístico $F$ para contribuição de genótipos e ambientes para a interação.	4
3 Resultados	8
4 Conclusões	12
Referências Bibliográficas	13

# LISTA DE FIGURAS

- 3.1 Biplot para conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes no primeiro e segundo componente principal. . . . . 9



# LISTA DE TABELAS

2.1	Esquema da ANOVA para experimentos de um mesmo grupo de genótipos avaliados em $e$ ambientes com $k$ blocos. . . . .	4
2.2	Esquema da ANOVA com teste $F$ , para obtenção de genótipos que contribuem significativamente para a interação $G \times E$ . . . . .	5
2.3	Esquema da ANOVA com teste $F$ , para obtenção de ambientes que contribuem significativamente para a interação $G \times E$ . . . . .	7
3.1	ANOVA do conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes. . . . .	8
3.2	ACP do conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes. . . . .	8
3.3	Teste $F$ , aplicado ao conjunto de dados, para a obtenção de genótipos que contribuem significativamente para a interação $G \times E$ . . . . .	10
3.4	Teste $F$ , aplicado ao conjunto de dados, para a obtenção de ambientes que contribuem significativamente para a interação $G \times E$ . . . . .	11

# 1. INTRODUÇÃO

A composição genética (genótipo) e uma contribuição do ambiente específico em que aquele indivíduo se encontra são dois componentes básicos que determinam o valor de um indivíduo (fenótipo) que é um dos princípios básicos no estudo da herança de caracteres métricos [4].

Ao realizar um experimento em diferentes ambientes, no mesmo grupo de genótipos, frequentemente acontece, do ambiente modificar o mesmo caráter em diferentes genótipos, isto é, pode acontecer uma interação entre fatores. Logo, a interação entre genótipos e ambientes (genótipos  $\times$  ambientes) é decorrente da resposta diferencial de cada genótipo à variação ambiental.

Nos processos de melhoramento genético a interação genótipos  $\times$  ambientes é uma das principais dificuldades enfrentadas pelos melhoristas de cultivares, sua presença é fundamental para a eficiência do processo podendo afetar positiva ou negativamente sua finalização. A dificuldade resulta da incapacidade dos genótipos manterem um padrão consistente de desempenho nos ambientes. Portanto, a interação pode ser vista como uma oportunidade a ser desfrutada e não como uma dificuldade no melhoramento genético.

Algumas metodologias têm sido propostas para o estudo da interação, tais como, na seleção de genótipos consistentes e de elevada produtividade. Nos métodos tradicionais constatam-se o zoneamento agrônomico que permite recomendações regionalizadas e métodos de regressão linear simples e múltipla que indicam os genótipos que contribuem menos para a interação, podendo ser recomendados de forma generalizada [9]. No entanto, as metodologias baseadas em regressão linear, como proposta por Eberhart e Russell [5], possuem insuficiências e têm sido muito criticada quanto à falta de linearidade.

As técnicas multivariadas vêm ganhando muita relevância e aplicabilidade nos últimos anos na busca por novas metodologias de exploração da interação genótipos  $\times$  ambientes. Nestas técnicas, incluem a análise de componentes principais (ACP), a análise de agrupamentos e a análise dos modelos AMMI.

A análise dos modelos AMMI combina, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação genótipos  $\times$  ambientes. Segundo Gauch [7] essa análise pode auxiliar tanto na identificação de genótipos e de alta produtividade amplamente adaptados, como na realização do zoneamento agrônomico. Ademais, o método AMMI possibilita uma análise mais representada da interação genótipos  $\times$  ambientes, assegura a seleção de genótipos mais produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambiente), proporciona estimativas mais precisas das

respostas genóticas e viabiliza uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística. O objetivo inicial é definir o número ótimo de termos multiplicativos, pois a interação genótipos  $\times$  ambientes é representada por este, a serem retidos no modelo AMMI com o intuito de descrever o padrão relacionado à interação.

Com a finalidade de obter variedades superiores, os melhoristas de plantas compreendem que é de suma relevância a interação genótipos  $\times$  ambientes. No entanto, de acordo com Allard [2] é muito difícil encontrar concordância sobre o que se deve conhecer em relação à interação genótipos  $\times$  ambientes e como utilizá-lo.

Segundo Chaves [4], a interação genótipos  $\times$  ambientes, não deve ser vista como um simples efeito estatístico e sim como fenômeno biológico em suas aplicações no melhoramento de plantas, pois resulta da resposta diferencial dos genótipos à variação ambiental. Contudo pode-se dizer que com métodos estatísticos combinado com conhecimento do fenômeno ao nível biológico pode se obter melhores informações para compreender a complexidade da interação.

A natureza da interação genótipos  $\times$  ambientes também deve ser observada e não somente a verificação de sua existência [10]. Logo a natureza da interação pode ser simples e complexa. A interação simples mostra a presença de genótipos habituados em um grande número de ambientes, sendo possível fazer uma recomendação generalizada de cultivares. E a interação complexa indica que existem genótipos habituados a apenas alguns ambientes, o que causa uma complicação ao pesquisador, quando da recomendação de cultivar.

O objetivo do presente trabalho é verificar a contribuição de cada genótipo e ambiente para a interação genótipos  $\times$  ambientes através de teste  $F$  em que a realização das análises será feita com uma rotina computacional.

## 2. METODOLOGIA

### 2.1 COLETA DOS DADOS

Os dados a serem utilizados são coletados no site da Embrapa [1]. A Rede de Ensaios Nacionais de Cultivares de Milho, criada em 1962, tem conduzidos ensaios distintos envolvendo materiais de ciclo precoce/normal e materiais de ciclo superprecoce. A Rede de Ensaios Nacionais vem sendo coordenada pela Embrapa Milho e Sorgo, que recebe as sementes dos materiais previamente inscritos, monta/prepara os ensaios e distribui para os Parceiros da Rede, de acordo com a disponibilidade de locais para implantação, regiões de interesse estratégico.

### 2.2 ANÁLISE DE VARIÂNCIA CONJUNTA

Com o objetivo de verificar a interação entre genótipos e ambientes, realiza-se uma análise de variância conjunta que envolve o estudo de todos os genótipos em todos os ambientes, sendo que em cada ambiente utilizou-se delineamento aleatorizado em blocos. Esses dados serão representados pelo seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = \mu + b_{k(j)} + g_i + e_j + (ge)_{ij} + \xi_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$ : é o valor observado do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente e no  $k$ -ésimo bloco, com  $i = 1, 2, \dots, g, j = 1, 2, \dots, e$  e  $k = 1, 2, \dots, r$ ;

$\mu$ : é uma constante comum às respostas (normalmente média geral);

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

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

$e_j$ : é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente;

$(ge)_{ij}$ : é o efeito da interação do  $i$ -ésimo genótipo com o  $j$ -ésimo ambiente;

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

Na tabela 2.1 apresenta-se o esquema da análise de variância para o modelo:

Tabela 2.1: Esquema da ANOVA para experimentos de um mesmo grupo de genótipos avaliados em  $e$  ambientes com  $k$  blocos.

Fonte de Variação	GL	QM
Blocos dentro do ambiente (B d.E)	$e(r - 1)$	$QM_{Bd.E}$
Genótipos (G)	$(g - 1)$	$QM_G$
Ambientes (E)	$(e - 1)$	$QM_E$
Interação (G×E)	$(g - 1)(e - 1)$	$QM_{GE}$
Resíduo	$e(g - 1)(r - 1)$	$QM_{rES}$
Total	ger-1	

GL: Graus de Liberdade; QM: Quadrado médio.

## 2.3 TESTE ESTATÍSTICO $F$ PARA CONTRIBUIÇÃO DE GENÓTIPOS E AMBIENTES PARA A INTERAÇÃO.

Seja a matriz de interação  $\mathbf{GE}_{(g \times e)} = (\widehat{ge_{ij}})$  dada da seguinte forma a [3]:

$$\mathbf{GE}_{(g \times e)} = \begin{pmatrix} \widehat{ge_{11}} & \cdots & \widehat{ge_{1e}} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \widehat{ge_{g1}} & \cdots & \widehat{ge_{ge}} \end{pmatrix}$$

Como o objetivo é verificar a contribuição de cada genótipo e ambiente para a interação  $G \times E$  (genótipos  $\times$  ambientes), as hipóteses testadas são:

$H_{01}$ : o  $i$ -ésimo genótipo não contribui para a interação  $G \times E$ , para  $i = 1, \dots, g$

$H_{a1}$ : o  $i$ -ésimo genótipo contribui para a interação  $G \times E$ , para  $i = 1, \dots, g$

Seja  $G_i = (G \times E)$  a representação do efeito do  $i$ -ésimo genótipo para a interação. A soma de quadrados devido ao efeito desse genótipo é obtida por:

$SQ_{G_i(G \times E)} = \sum_{j=1}^e (\widehat{ge_{ij}})^2$  ( $i = 1, 2, \dots, g$ ), com  $\frac{(g-1)(e-1)}{g}$  graus de liberdade associados, e o quadrado médio correspondente é obtido dividindo-se cada soma de quadrados pelos respectivos graus de liberdade, ou seja:

$$QM_{G_i(G \times E)} = \frac{SQ_{G_i(G \times E)}}{\frac{(g-1)(e-1)}{g}} = \frac{g(SQ_{G_i(G \times E)})}{(g-1)(e-1)}, \quad (i = 1, 2, \dots, g),$$

Observa-se que a  $SQ_{G_1(G \times E)} + \dots + SQ_{G_g(G \times E)} = SQ_{(G \times E)}$ , com  $(g-1)(e-1)$  graus de liberdade associados.

Tem-se que a soma de quadrados devido ao efeito de genótipo dividido pela variância segue distribuição qui-quadrado não-central com parâmetro de não centralidade  $\theta_1$ , ou seja:

$$\frac{SQ_{G_1(G \times E)}}{\sigma^2} \sim \frac{\chi^2(g-1)(e-1)}{g}(\theta_{1i})$$

em que  $\frac{\sum_{j=1}^e (\widehat{ge}_{ij})^2}{\sigma^2}$ .

Assim, verifica-se que:

$$F_{Gi(G \times E)}^* = \frac{QM_{Gi(G \times E)}}{QM_{Res}} \sim F\left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{g}, e(g-1)(r-1)\right) (\theta_{1i}) \text{ para todo genótipo } i \text{ sob } H_{01}.$$

Seja a hipótese  $H_0 : \theta_{1i} = 0$  versus  $H_\alpha : \theta_{1i} > 0$ , que é equivalente a hipótese  $H_{01}$  versus  $H_{\alpha 1}$ , tem-se que a estatística  $F_{Gi(G \times E)}^*$  sob  $H_0$  tem distribuição  $F$  central com  $\frac{(g-1)(e-1)}{g}$  e  $e(g-1)(r-1)$  [8].

Ao nível  $\alpha$  de significância, rejeita-se  $H_0$  ou  $H_{01}$  quando,

$$F_{Gi(G \times E)}^* = \frac{QM_{Gi(G \times E)}}{QM_{Res}} \geq F\left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{g}, e(g-1)(r-1)\right) (\theta_{1i}) \text{ para } (i=1,2,\dots,g)$$

Através do teste  $F$ , aplicado a ANOVA, levando em consideração a decomposição dos  $e(g-1)(r-1)$  graus de liberdade da interação  $G \times E$  com  $\frac{(g-1)(e-1)}{g}$  graus de liberdade para aos genótipos, resulta no seguinte esquema:

Tabela 2.2: Esquema da ANOVA com teste  $F$ , para obtenção de genótipos que contribuem significativamente para a interação  $G \times E$ .

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F
B d. E	$e(r-1)$	$SQ_{Bd.E}$	$QM_{Bd.E}$	
G	$(g-1)$	$SQ_G$	$QM_G$	
E	$(e-1)$	$SQ_E$	$QM_E$	
$G \times E$	$(g-1)(e-1)$	$SQ_{G \times E}$	$QM_{G \times E}$	
$G_1(G \times E)$	$\frac{(g-1)(e-1)}{g}$	$SQ_{G_1(G \times E)}$	$QM_{G_1(G \times E)}$	$\frac{QM_{G_1(G \times E)}}{QM_{Res}}$
...	...	...	...	...
$G_g(G \times E)$	$\frac{(g-1)(e-1)}{g}$	$SQ_{G_g(G \times E)}$	$QM_{G_g(G \times E)}$	$\frac{QM_{G_g(G \times E)}}{QM_{Res}}$
Resíduo	$e(g-1)(r-1)$	$SQ_{Res}$	$QM_{Res}$	
Total	$ger-1$	$SQ_{Total}$		

GL: Graus de liberdade; SQ: Soma de quadrados; QM: Quadrado médio;  $G_i(G \times E)$ : é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo para a interação, com  $i = 1, 2, \dots, g$ .

A outra hipótese testada é:

$H_{01}$ : o  $j$ -ésimo ambiente não contribui para a interação  $G \times E$ , para  $j = 1, \dots, e$

$H_{a1}$ : o  $j$ -ésimo ambiente contribui para a interação  $G \times E$ , para  $j = 1, \dots, e$

Seja  $E_j(G \times E)$  a representação do efeito do  $j$ -ésimo ambiente para a interação. A soma

de quadrados devido ao efeito desse ambiente é obtida por:

$SQ_{E_j(G \times E)} = \sum_{i=1}^g (\widehat{ge}_{ij})^2$  ( $j = 1, 2, \dots, e$ ), com  $\frac{(g-1)(e-1)}{e}$  graus de liberdade associados, e o quadrado médio correspondente é obtido dividindo-se cada soma de quadrados pelos respectivos graus de liberdade, ou seja:

$$QM_{E_j(G \times E)} = \frac{SQ_{E_j(G \times E)}}{\frac{(g-1)(e-1)}{e}} = \frac{e(SQ_{E_j(G \times E)})}{(g-1)(e-1)}, \quad (j = 1, 2, \dots, e).$$

Observa-se que a  $SQ_{E_1(G \times E)} + \dots + SQ_{E_e(G \times E)} = SQ_{(G \times E)}$ , com  $(g-1)(e-1)$  graus de liberdade associados.

Tem-se que a soma de quadrados devido ao efeito de ambiente dividido pela variância segue distribuição qui-quadrado não-central com parâmetro de não centralidade  $\theta_2$ , ou seja:

$$\frac{SQ_{E_j(G \times E)}}{\sigma^2} \sim \frac{\chi^2(g-1)(e-1)}{e}(\theta_{2j})$$

$$\text{em que } (\theta_{2j}) = \frac{\sum_{i=1}^g (\widehat{ge}_{ij})^2}{\sigma^2}.$$

Assim, verifica-se que:

$$F_{E_j(G \times E)}^* = \frac{QM_{E_j(G \times E)}}{QM_{Res}} \sim F\left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{g}, e(g-1)(r-1)\right)(\theta_{2j}) \text{ para todo ambiente } j \text{ sob } H_{02}$$

Seja a hipótese  $H_0 : \theta_{2j} = 0$  versus  $H_\alpha : \theta_{2j} > 0$ , que é equivalente a hipótese  $H_{02}$  versus  $H_{2\alpha}$ , tem-se que a estatística  $F_{E_j(G \times E)}^*$  sob  $H_0$  tem distribuição  $F$  central com  $\frac{(g-1)(e-1)}{e}$  e  $e(g-1)(r-1)$  graus de liberdade [8].

Ao nível  $\alpha$  de significância, rejeita-se  $H_0$  ou  $H_{02}$  quando,

$$F_{E_j(G \times E)}^* = \frac{QM_{E_j(G \times E)}}{QM_{Res}} \geq F\left(\alpha, \frac{(g-1)(e-1)}{e}, e(g-1)(r-1)\right)(\theta_{2j}) \text{ para } (j=1, 2, \dots, e)$$

Através do teste  $F$ , aplicado a ANOVA, levando em consideração a decomposição dos  $(g-1)(e-1)$  graus de liberdade da interação  $G \times E$  com  $\frac{(g-1)(e-1)}{e}$  graus de liberdade para os ambientes, resulta no seguinte esquema:

Tabela 2.3: Esquema da ANOVA com teste  $F$ , para obtenção de ambientes que contribuem significativamente para a interação  $G \times E$ 

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F
B d. E	$e(r - 1)$	$SQ_{Bd.E}$	$QM_{Bd.E}$	
G	$(g - 1)$	$SQ_G$	$QM_G$	
E	$(e - 1)$	$SQ_E$	$QM_E$	
$G \times E$	$(g - 1)(e - 1)$	$SQ_{G \times E}$	$QM_{G \times E}$	
$E_1(G \times E)$	$\frac{(g-1)(e-1)}{e}$	$SQ_{E_1(G \times E)}$	$QM_{E_1(G \times E)}$	$\frac{QM_{E_1(G \times E)}}{QM_{Res}}$
...	...	...	...	...
$E_e(G \times E)$	$\frac{(g-1)(e-1)}{e}$	$SQ_{E_e(G \times E)}$	$QM_{E_e(G \times E)}$	$\frac{QM_{E_e(G \times E)}}{QM_{Res}}$
Resíduo	$e(g - 1)(r - 1)$	$SQ_{Res}$	$QM_{Res}$	
Total	$ger - 1$	$SQ_{Total}$		

GL: Graus de liberdade; SQ: Soma de quadrados; QM: Quadrado médio;  $E_j(G \times E)$ : é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente para a interação,  $j = 1, 2, \dots, e$ .

A proposta dos graus de liberdade igualitários para genótipos e ambientes, vai de encontro à proposta de [6] para obtenção dos graus de liberdade dos componentes multiplicativos de um modelo AMMI.



### 3. RESULTADOS

A tabela 3.1 corresponde a ANOVA efetuada no conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes. Verifica-se o que efeito de genótipo (G), o efeito de ambientes (E) e o efeito da interação genótipos  $\times$  ambientes (G $\times$ E) são significativos ao nível de 5% de significância e suas somas de quadrados (SQ) que correspondem a 8,68%, 67,71%, 13,56% e 10,05%, respectivamente, da soma de quadrados total.

Tabela 3.1: ANOVA do conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes.

Fonte de variação	GL	SQ	QM	F	VALOR $p$
Genótipos(G)	22	161143861	7324720,9		
Ambientes (E)	9	1257055627	139672847,4	154,884	0
Interação (G $\times$ E)	198	251667628	1271048,6	1,409	0,007
Resíduo	207	186670157	901788,2		
Total	436	1856537273			

A tabela 3.2 corresponde a análise AMMI efetuada no conjunto de dados. Observa-se que a interação G  $\times$  E pode ser decomposta em nove componentes principais, sendo que apenas o primeiro é significativo ( $p < 0,01$ ) e explica 57,6% da variabilidade total dos dados.

Na figura 1 é apresentado o biplot AMMI2, sendo a coordenada X a componente principal 1 e a coordenada Y a componente principal 2. Os ambientes 5 (Rio Grande do

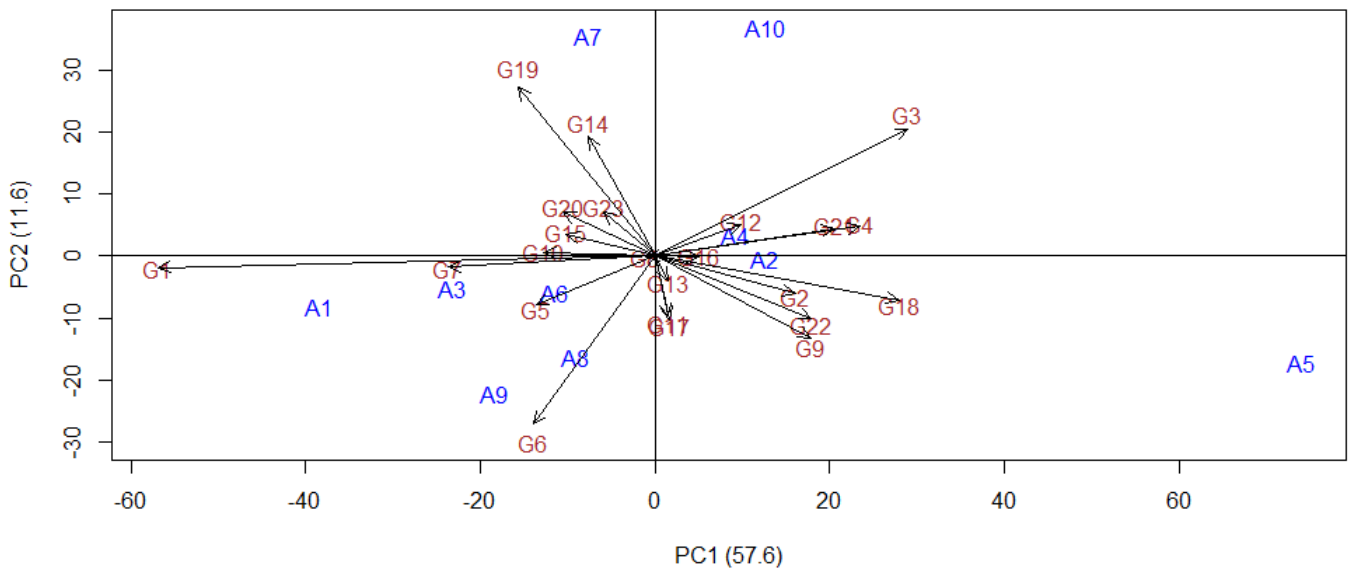
Tabela 3.2: ACP do conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes.

	Proporção	$\frac{SQ_{G \times E}}{Eixo}$	Proporção Acumulada	Df	Soma SQ	Média SQ	F	VALOR $p$
PC1	57,6		57,6	30	144879916,5	4829330,6	5,36	<0,01
PC2	11,6		69,1	28	29127412,99	1040264,8	1,15	0,28
PC3	9,1		78,3	26	22937601,84	882215,46	0,98	0,5
PC4	5,8		84,1	24	14588743,41	607864,31	0,67	0,88
PC5	5,6		84,1	22	14215231,02	646146,86	0,72	0,82
PC6	4,1		93,8	20	10295950,73	514797,54	0,57	0,93
PC7	3,1		96,9	18	7867467,28	437081,52	0,48	0,96
PC8	2,3		99,2	16	5686116,63	355382,29	0,39	0,98
PC9	0,8		100	14	2069187,46	147799,1	0,16	1

PC: componente principal

Sul 2015/2016 Sul Precoce), 7 (Roraima 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce) e 10 (Sergipe 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce) apresentam uma alta contribuição para a interação  $G \times E$ . e em relação aos genótipos, tem-se que os 1 (1M1807), 6 (EMBRAPA 1M1782) e 19 (TR 167) apresentam uma contribuição para a interação  $G \times E$ . Os demais genótipos e ambientes não contribuem significativamente para a interação.

Figura 3.1: Biplot para conjunto de dados com 23 genótipos de milho avaliados em 10 ambientes no primeiro e segundo componente principal.



Os resultados obtidos pela Figura 1 são subjetivos e, portanto, há a necessidade da aplicação do teste  $F$  para verificar quais genótipos e ambientes contribuem mais para a interação  $G \times E$ .

Através do teste  $F$ , aplicado a ANOVA, levando em consideração a decomposição dos  $(g - 1)(e - 1) = (23 - 1)(10 - 1) = 198$  graus de liberdade da interação ( $G \times E$ ) com  $\left[ \frac{(g-1)(e-1)}{g} \right] = \left[ \frac{(23-1)(10-1)}{23} \right] \approx 8,61$  graus de liberdade para os genótipos, resulta na Tabela 3.3.

Tabela 3.3: Teste  $F$ , aplicado ao conjunto de dados, para a obtenção de genótipos que contribuem significativamente para a interação  $G \times E$ 

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	VALOR $p$
1M1807	8,61	28552888,03	3316749,62	3,68	0,0004
AL2013	8,61	3182375,40	369669,87	0,41	0,9235
AL2014	8,61	9872397,55	1146793,66	1,27	0,2566
AX727	8,61	5259030,11	610897,44	0,68	0,7221
BG7049H	8,61	4045004,31	469874,24	0,52	0,8514
EMBRAPA 1M1782	8,61	7296745,42	847601,74	0,94	0,4890
EMBRAPA 3H842	8,61	7596214,74	882388,58	0,98	0,4571
EMBRAPA HT FORRAGEIRO	8,61	2644946,32	307241,24	0,34	0,9563
EMBRAPA HTMV 1	8,61	4972710,53	577638,09	0,64	0,7545
EXP 929791	8,61	3750108,67	435618,68	0,48	0,8784
EXP 93294	8,61	1404295,42	163125,23	0,18	0,9950
EXP 944594	8,61	4079850,06	473921,98	0,53	0,8481
EXP918391	8,61	1681360,22	195309,52	0,22	0,9905
PHX-01	8,61	4123930,36	479042,42	0,53	0,8438
PHX-02	8,61	2262945,33	262867,39	0,29	0,9736
PHX-03	8,61	532135,19	61813,68	0,07	0,9999
PHX-04	8,61	2039354,15	236894,67	0,26	0,9813
PHX-05	8,61	9239053,07	1073223,34	1,19	0,3045
PHX-06	8,61	6851883,29	795925,84	0,88	0,5381
PHX-07	8,61	2073900,06	240907,58	0,27	0,9803
TR 1532	8,61	4852581,75	563683,74	0,63	0,7679
TR 167	8,61	6133836,45	712516,35	0,79	0,6205
TR 2223	8,61	3386267,50	393354,31	0,44	0,9084

Nota-se que apenas o genótipo 1M1807 foi significativo ao nível de 5% de significância, ou seja, ele contribui mais para a interação e assim, esse genótipo é considerado adaptável. Em relação ao genótipo 1M1807 nota-se que é indicado para o ambiente Goiás 2015/2016 Centro Precoce (Figura 1). Os demais genótipos não contribuem significativamente para a interação  $G \times E$ , ou seja, são estáveis. Logo tais genótipos podem ser cultivados em qualquer ambiente apresentando sempre a mesma resposta.

Agora, levando em consideração a decomposição dos mesmos 198 graus de liberdade da interação  $G \times E$  com  $\left[ \frac{(g-1)(e-1)}{e} \right] = \left[ \frac{(23-1)(10-1)}{10} \right] \approx 19,8$  graus de liberdade para os ambientes com aplicação do teste  $F$  na ANOVA, resulta na Tabela 3.4.

Tabela 3.4: Teste  $F$ , aplicado ao conjunto de dados, para a obtenção de ambientes que contribuem significativamente para a interação  $G \times E$ 

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F	VALOR $p$
Goiás 2015/2016 Centro Precoce	19,80	18524576,72	935584,68	1,04	0,4201
Mato Grosso 2015/2016 Safrinha Precoce	19,80	8432849,08	425901,47	0,47	0,9736
Pará 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce	19,80	7872553,85	397603,73	0,44	0,9823
Piauí 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce	19,80	3441631,39	173819,77	0,19	1,0000
Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce	19,80	48713773,09	2460291,57	2,73	0,0002
Rondônia 2015/2016 Safrinha Precoce	19,80	6732506,18	340025,56	0,38	0,9932
Roraima 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce	19,80	8434650,54	425992,45	0,47	0,9736
São Paulo 2015/2016 Centro Precoce	19,80	5047257,65	254912,00	0,28	0,9991
São Paulo 2015/2016 Safrinha Precoce	19,80	9157625,45	462506,34	0,51	0,9585
Sergipe 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce	19,80	9476389,99	478605,56	0,53	0,9503

Observa-se que os ambientes Goiás 2015/2016 Centro Precoce, Mato Grosso 2015/2016 Safrinha Precoce, Pará 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce, Piauí 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce, Rondônia 2015/2016 Safrinha Precoce, Roraima 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce, São Paulo 2015/2016 Centro Precoce, São Paulo 2015/2016 Safrinha Precoce e Sergipe 2015/2016 Norte/Nordeste Precoce não contribuem para a interação genótipos  $\times$  ambientes, sendo estes ambientes mais estáveis aos genótipos, enquanto que o ambiente Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce contribui significativamente, ao nível de 5% de significância, para a interação.

## 4. CONCLUSÕES

A análise de variância forneceu quais genótipos e ambientes contribuem mais para a interação:

- a) O genótipo 1M807 contribui mais para a interação, logo foi considerado adaptado a todos os ambientes;
- b) Os demais genótipos estudados foram considerados estáveis;
- c) O ambiente Rio Grande do Sul 2015/2016 Sul Precoce contribui para a interação;
- d) Os demais ambientes não contribuíram para a interação, sendo esses ambientes considerados instáveis.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] *Ensaio Nacional de Cultivares de Milho*. <https://www.embrapa.br/milho-e-sorgo/solucoes-tecnologicas/ensaionacional>. Acessado: 01/02/2022.
- [2] Allard, R. W.: *Princípios do melhoramento genético das plantas*. Edgard Blucher São Paulo, 1971.
- [3] Araújo, M. F. C.: *Teste estatístico para contribuição de genótipos e ambientes na matriz de interação GE*. Tese de Doutorado, Universidade de São Paulo, 2008.
- [4] CHAVES, J.: *Interação de cultivares com ambientes*. NASS, LL; VALOIS, ACC; MELO, IS; VALADARES, MC Recursos genéticos e melhoramento de plantas. Rondonópolis: Fundacao MT, pp. 673–713, 2001.
- [5] Eberhart, S. t. e Russell, W.: *Stability parameters for comparing varieties 1*. Crop science, 6(1):36–40, 1966.
- [6] Gauch, H. G.: *Statistical analysis of regional yield trials AMMI analysis of factorial designs*. Nº LC-0608. Elsevier, 1992.
- [7] Gauch, H. G. e Kang, M. S.: *Genotype by environment interaction*. Nº BOOK. CRC Press, 1996.
- [8] Moser, W. R.: *Linear models: A mean model approach*. Elsevier, 1996.
- [9] Piovesan, P., Araújo, L. B. d. e Dias, C. T. d. S.: *Validação cruzada com correção de autovalores e regressão isotônica nos modelos de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa*. Ciência Rural, 39(4):1018–1023, 2009.
- [10] Vencovsky, R. e Barriga, P.: *Genética biométrica no fitomelhoramento*. 1992.