

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE AGRONOMIA

**IDENTIFICAÇÃO DE AMBIENTES SEMELHANTES, UTILIZANDO MODELO
AMMI, PARA REDUÇÃO DE LOCAIS DE PESQUISA, UTILIZANDO DADOS DE
PRODUTIVIDADE MÉDIA DE HÍBRIDOS DE MILHO.**

DANIEL ABREU

FERNANDO CÉSAR JULIATTI
(orientador)

Monografia apresentada ao curso de
Agronomia, da Universidade Federal
de Uberlândia, para obtenção do grau de
Engenheiro Agrônomo

Uberlândia, Abril de 2013.

**IDENTIFICAÇÃO DE AMBIENTES SEMELHANTES, UTILIZANDO MODELO
AMMI, PARA REDUÇÃO DE LOCAIS DE PESQUISA UTILIZANDO DADOS DE
PRODUTIVIDADE MÉDIA DE HÍBRIDOS DE MILHO**

Prof. Dr. Fernando César Juliatti
(Orientador)

Prof. Dr. Lúcio Borges de Araújo
(Membro da banca)

Dr. Priscila Rangel
(Membro da banca)

Aprovado pela banca examinadora em: 28/03/2013

Uberlândia – MG
Abril 2013

AGRADECIMENTOS

A Deus primeiramente por ter me dado o dom da vida e a capacidade de aprender, discutir, ouvir e pensar, pela orientação espiritual que sempre me guiou no caminho certo.

A minha mãe pela paciência e confiança depositada em mim e por ter entregado sua vida e tê-la vivido em função da minha, me ajudando e batalhando para que eu chegasse aonde queria.

A meus irmãos Demian Abreu e Mateus Abreu que sempre me deram conselhos sábios e que me ajudaram quando a eles recorri.

A Priscila Rangel que me deu a oportunidade de levar para a prática os conhecimentos adquiridos na universidade, e a toda equipe da Monsanto que propiciou o desenvolvimento desse trabalho,

Aos professores, Lúcio Borges de Araújo que por tantos anos me orientou e ensinou a parte matemática do modelo AMMI nas iniciações científicas, sempre com muita paciência, e a Fernando César Juliatti que me orientou nesse projeto nos termos agronômicos.

A minha namorada Carla Gonçalves Pereira, que por tantas horas estudou comigo, sempre me animando a continuar, nunca deixando que eu perdesse o ritmo com todo apoio e carinho.

Aos que pediram a Deus por mim, Obrigado.

INDICE:

Resumo.....	5
Introdução.....	7
Materiais e métodos.....	10
Resultados e discussão.....	14
Conclusão.....	24
Bibliografia.....	25

RESUMO

O número de locais, ambientes, de teste é um fator que afeta o custo de programas de melhoramento de forma bastante expressiva. O custo de cada ensaio é alto, sendo influenciado por atividades operacionais, como semeadura ou plantio, adubação, utilização de agrotóxicos e mão de obra para atividades como desbaste, pulverizações e colheita.

A verificação da aproximação das respostas dos genótipos em cada ambiente permite reduzir os locais que geram respostas similares aos genótipos, reduzindo o custo da pesquisa. Procurando viabilizar de forma mais barata a realização de ensaios de campo para comprovações agronômicas, o objetivo do presente trabalho foi identificar ambientes que são semelhantes e repetem o comportamento em diferentes anos de teste.

Utilizando a ferramenta estatística AMMI (GAUCH, H. G. & ZOBEL, R. W.), um modelo multivariado, foram obtidos resultados gráficos do tipo biplot (BRADU, D. & GABRIEL, K. R.) a partir do banco de dados da matriz de média de produtividade de híbridos de milho. A análise dos gráficos permitiu concluir que é possível reduzir o número de ambientes para realizar os ensaios.

ABSTRACT

The number of locations (environments) of test is a factor that affects the costs of breeding programs significantly, each test cost is high and is due to expenses generated by operational activities, such as sowing plants, fertilizer, pesticides and labor for activities such as thin, spray, and harvest.

Trying to enable cheaply tests to agronomic evidences, the goal of this study was identify environments that are similar and produce and they the behavior in different years of test. Verify the approximation of the responses of the genotypes in each environment reduce the ones who produce similar response, in hybrids of corn, reduce the cost of the research.

Using the AMMI statistic model (GAUCH, H.G. & ZOBEL, R. W.), multivariate model, we obtained from the matrix data base, graphic results, the biplot (BRADU, D. & GABRIEL, K. R.) that guide us to conclude that is possible reduce the number of the environments to realize the.

INTRODUÇÃO

Enganam-se aqueles que pensam que as plantas que são cultivadas hoje em dia são idênticas as que eram cultivadas a nove mil anos atrás, pois através de técnicas de seleção desenvolvidas pelos homens as plantas foram se modificando. Com o começo dessa atividade de seleção, as linhagens passaram a se diferenciar um pouco das linhagens selvagens e deram origem a plantas “domesticadas”. Como as populações viviam isoladamente nessa época, muitas plantas concentravam-se em áreas restritas (USP – IB). Viagens de exploração, desenvolvimento industrial, viabilizaram um crescimento populacional e uma maior necessidade de produção alimentícia e com isso o processo de seleção de cultivares mais produtivas foi desenvolvido pelo homem que sempre procurou características atrativas como: alta produtividade, resistência a insetos e doenças. Hoje o mercado de cultivares se encontra competitivo, várias empresas desenvolvem variedades ou híbridos, que competem em um mercado de sementes e mudas cada vez mais necessitado de cultivares melhoradas devido aos diferentes problemas enfrentados por cada ambiente. Esse âmbito científico do melhoramento é muito diferente daqueles desenvolvidos milhares de anos atrás, já que há cerca de cem anos a ciência passou a dar mais importância aos trabalhos desenvolvidos por Mendel. A partir daí, os cientistas passaram a entender melhor os processos de fertilização e polinização, procurando fazer cruzamentos que gerem descendentes com alelos de interesse para a agricultura. Além disso, os conhecimentos de engenharia genética têm permitido melhorar cultivares utilizando genes de interesse, mesmo que esses não possuam alto grau de afinidade genética. Atualmente, utilizando uma técnica conhecida como transgenia, tem sido possível conferir características de resistência seja a insetos, seja a herbicidas. (USP – IB)

As variedades mais procuradas pelos melhoristas e pelos agricultores são aquelas que toleram variações climáticas e que não apresentem variações em sua produtividade ano após ano. Há dois aspectos principais a serem analisados em um programa de melhoramento que visa o desenvolvimento de cultivares para

diferentes ambientes. Um é o desenvolvimento de cultivares que se demonstrem bem produtivas mesmo que haja variação de fatores climáticos em um mesmo ambiente; e o outro é o desenvolvimento de variedades ou híbridos que se mostrem produtivos em diferentes ambientes, diferenciados por fatores edáficos e climático. Visto que há variação entre esses ambientes, podemos dizer que alguns são estáveis e outros são instáveis. Aqueles que não produzem variação ano após ano na produtividade, ou em qualquer outra característica que esteja sendo avaliada, de determinada cultivar são estáveis, e aqueles que produzem grandes variações, maiores ou menores do que a média da cultivar são instáveis. (USP – IB)

As adaptações específicas de genótipos em diferentes ambientes podem fazer diferença entre uma boa e uma excelente variedade (GAUCH & ZOBEL, 1996), e para que isso possa ser avaliado são necessários métodos estatísticos que permitam realizar uma varredura potencialmente precisa para que a captura dessas informações seja realizada com sucesso. A semeadura de ensaios visando encontrar genótipos interessantes em termos agronômicos deve ser realizada em diferentes ambientes, que são diferentes locais, anos ou épocas de semeadura ou plantio. Se a interação (GE) não existisse, um único ensaio em um único local, seria o bastante para escolher um genótipo de interesse (DUARTE & VENCOSKY, 1999)

A baixa eficiência na análise da interação entre genótipos e ambientes (GE) pode acarretar problemas ao melhorista por diminuir a precisão de seleção de um ambiente a outro. A interação contribui aumentando o desvio padrão fenotípico, o que reduz a herdabilidade em diferentes ambientes e, conseqüentemente, diminui os ganhos genéticos potenciais das espécies (MATHESON, A. C. & RAYMOND, C. A. 1984).

O método AMMI é um método multivariado, que começou a ser mais frequentemente utilizado por ser uma metodologia mais nova e que realiza uma varredura aos efeitos multiplicativos da interação, que antes não eram

perfeitamente explicados e que agora se encontram melhor desvendados graças ao modelo multiplicativo.

Uma grande variedade de métodos tem se proposto a estudar de forma significativa a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica, nos quais as diferenças estão nos conceitos e nos procedimentos biométricos para qualificar a interação (MOLINA, L. M. R., 2007)

Os procedimentos são baseados em:

- Análise da variância;
- Regressão linear simples;
- Regressão linear bi-segmentada;
- Análise de regressão quadrática;
- Análises não lineares;
- Análises não paramétricas;
- Análises multivariadas que integram análise comum de variância (método univariado), ou não, com a análise de componentes principais (método multivariado).

Entre os modelos acima, se destaca o modelo de análises multivariadas AMMI (Aditive main effectes and multiplicative interaction – efeitos principais aditivos e interação multiplicativa) (GAUCHE & ZOBEL *et ali*, 1988) porque permite interpretação dos dados em um gráfico de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

O objetivo desse trabalho foi identificar ambientes que são semelhantes e repetem o comportamento em diferentes anos de teste. A estrutura do banco de dados foi organizada em matrizes para realizar a análise estatística, estudar o gráfico e obter a respostas dos genótipos em avaliação. Suas respostas foram aproximadas observando a magnitude dos escores dos ambientes para

encontrar os que possuíam respostas parecidas. Isso permitiu indicação de redução do número de ambientes de teste para zoneamento agrônômico.

MATERIAIS E MÉTODOS

O trabalho foi desenvolvido utilizando o banco de dados da empresa Monsanto do Brasil LTDA, de produtividade (Kg/Ha) de milho híbrido em diferentes ambientes em diferentes épocas de plantio, 2010 e 2011 para as regiões do Cerrado (São Paulo, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Goiás, Bahia e Distrito Federal) e do Sul do país (Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná).

Os experimentos foram delineados em blocos casualizados com três repetições, sendo que dessas foram utilizadas para o processamento dos dados apenas as médias de cada genótipo em cada ambiente.

A matriz dos dados foi organizada utilizando uma estrutura de Genótipo x Ambiente onde os genótipos estavam nas linhas e os ambientes nas colunas e os dados de produtividade média de cada genótipo em cada ambiente em seu designado local na tabela de dados (Y_{ij}).

O modelo utilizado para o processamento dos dados foi o modelo AMMI proposto por GAUCH & ZOBEL (1988) que utiliza a parte aditiva da interação do enfoque analítico tradicional e intera a ela a parte multiplicativa da interação. O modelo estatístico é o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij} \quad \text{onde;}$$

- μ é a média geral
- g_i é a média dos genótipos
- e_j é a média dos ambientes
- ε_{ij} é o erro experimental médio

Os demais componentes da equação resultam da chamada *decomposição por valores singulares* (DVS) da matriz de interações. Assim λ_k k -ésimo valor

singular de GE(escalar) e γ_{ik} e α_{jk} são os respectivos *vetores singulares* (vetor coluna e vetor linha) associados a λ_k (GOOD, 1969; MANDEL, 1971; PIEPHO, 1995). Logo γ_{ik} e α_{jk} são os elementos relacionados ao genótipo i e ao ambiente j dos vetores λ_k , γ_{ik} e α_{jk} , respectivamente. O índice k ($k= 1, 2, \dots, p$; onde $p= \min [g-1, a-1]$, é o posto da matriz de interações GE), tomado até n no somatório ($n < p$), determina uma aproximação de mínimos quadrados para a matriz GE pelos n primeiros termos da DVS. (PIEPHO 1992.)

A abordagem tomada do modelo AMMI não buscou recuperar toda a SQ_{gxe} , mas apenas a parcela mais fortemente determinada por genótipos e ambientes que giraram em torno de 30% da $SQ_{trat.}$, ou seja, 30% da $SQ_{trat.}$ é devida à interação dos genótipos com os ambientes e não do tratamento em si.

Foi utilizado o software estatístico R de licença gratuita para o processamento dos dados em DVS. Para a representação gráfica foram gerados gráficos do tipo *Biplot* (BRADU, D. & GABRIEL, K. R.), que normalmente apresentam apenas o primeiro e segundo eixo de interações, já que eles são os que representam graficamente a adaptabilidade e estabilidade fenotípica e a magnitude e direção dos vetores que representam a estabilidade ou instabilidade dos ambientes.

Com a matriz de médias das respostas genotípicas em cada ambiente pronta, foi feita uma decomposição dessas matrizes da seguinte maneira: a matriz de dados das médias das respostas genotípicas (GE) menos uma matriz formada pela média dos genótipos (G), menos uma matriz de média formada pela média dos ambientes (E), mais uma matriz de média geral (M), resultando em uma matriz (Y) da equação realizada para cada um dos genótipos em cada um dos ambientes, $GE - G - E + M = Y$ (ARAUJO, L. B. 2005). Para exemplificar, as Imagens de 1 a 5 mostram uma das tabelas utilizadas para o processamento:

Produtividade (Kg/Ha)										
G\A	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A8	A9	A10	A11
G27	18644	17064	17100	17484	14566	18671	15774	17320	18757	16248
G29	19515	20785	20522	18157	18390	17199	19888	19250	16736	19320
G31	17974	20824	16184	18005	19604	14176	15560	19173	18025	18757
G32	20067	22030	20464	18469	15022	13966	17289	21566	17069	17254

Imagem 1: matriz GA cerrado 2011 equivalência.

Média dos genótipos (Kg/Ha)										
G\A	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A8	A9	A10	A11
G27	17163	17163	17163	17163	17163	17163	17163	17163	17163	17163
G29	18976	18976	18976	18976	18976	18976	18976	18976	18976	18976
G31	17828	17828	17828	17828	17828	17828	17828	17828	17828	17828
G32	18320	18320	18320	18320	18320	18320	18320	18320	18320	18320

Imagem 2: média dos genótipos, cerrado 2011 equivalência

Média dos ambientes (Kg/Ha)										
G\A	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A8	A9	A10	A11
G27	19889	21231	18970	17766	16464	17595	17891	20193	17440	18438
G29	19889	21231	18970	17766	16464	17595	17891	20193	17440	18438
G31	19889	21231	18970	17766	16464	17595	17891	20193	17440	18438
G32	19889	21231	18970	17766	16464	17595	17891	20193	17440	18438

Imagem 3: média dos ambientes, cerrado 2011 equivalência

Média Geral (kg/Ha)										
G\A	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A8	A9	A10	A11
G27	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918
G29	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918
G31	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918
G32	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918	18918

Imagem 4: média geral das respostas genotípicas nos ambientes, cerrado 2011 equivalência

GA-G-A+M										
G\A	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A8	A9	A10	A11
G27	511	-2411	-115	1474	-143	2831	-361	-1117	3072	-435
G29	-432	-504	1494	333	1868	-454	1939	-1000	-762	824
G31	-825	683	-1696	1329	4230	-2329	-1241	70	1675	1409
G32	777	1398	2093	1302	-843	-3030	-3	1972	228	-586

Imagem 5: Matriz formada pela equação

As matrizes formadas após o cálculo da equação citada anteriormente ($GE-G-E+M = G$) foram decompostas em valores singulares, autovetores e autovalores tornando possível a montagem dos gráficos, *Biplot*, de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, a partir dos quais foram avaliadas a estabilidade e a instabilidade dos ambientes onde foram realizados os ensaios.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Como o presente trabalho não se propôs a fazer uma avaliação preditiva das respostas dos genótipos nos ambientes, não se torna necessário que os dois primeiros eixos de interação principais expliquem uma alta proporção da SQ_{gxe} (GAUCH & ZOBEL 1988). Logo se conclui que uma inspeção ao *biplot AMMI1* ou *AMMI2* será sempre conveniente.

Quando finalizadas, as matrizes que representam as respostas dos genótipos em cada um dos ambientes tiveram os tamanhos apresentados na Tabela 1. Os dados da Tabela 1 mostram o tamanho das matrizes sendo que o número de genótipos é igual ao número de linhas e o número de ambientes igual ao número de colunas das matrizes.

Ano	Ecossistema	Nº Genótipos	Nº Ambientes
2010	Cerrado	181	10
2010	Cerrado	182	10
2010	Sul	157	12
2011	Cerrado	110	11
2011	Cerrado	159	10
2011	Sul	138	13

Tabela 1: Amostra de representatividade das matrizes GxA.

Sendo assim, nos gráficos obtidos em cada uma das matrizes, os genótipos e ambientes que possuem escores altos são instáveis e possuem baixas amplitudes adaptativas, ou seja, genótipos instáveis mostram-se, na maioria das vezes, pouco adaptados aos ambientes em teste.

“A interpretação do *Biplot* é feita observando-se a magnitude dos escores de genótipos e ambientes para os eixos de interação. Assim escores baixos são próprios de genótipos e ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a interação, caracterizando-os como estáveis.” (DUARTE, J. B. & VENCOVSKY, R. 1999)

Para definir o que seria estável ou instável e para padronizar a interpretação, foram tomados como estáveis aqueles que não variaram mais do que uma tonelada nos dois eixos da interação. Pela interpretação dos gráficos biplot, aqueles ambientes que possuem escore com mesma magnitude e sentido de vetor no gráfico podem ser ditos semelhantes quanto à instabilidade ou quanto à estabilidade. Dentre os ambientes de teste, aqueles que se classificam como estáveis e tem o mesmo sentido e magnitude do vetor podem ser classificados como um único ambiente e, portanto, não seria necessário fazer mais de um teste em um dos ambientes para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica do genótipo. Sendo assim, a resposta genotípica de cada um dos materiais em teste deve ser muito parecida em cada um dos ambientes. Devemos então manter os ambientes que possuem respostas significativamente diferentes para cada um dos genótipos reduzindo assim o número de ambientes de teste. O mesmo é válido para ambientes instáveis, desde que tenham mesmo sentido e magnitude do auto-vetor α_{jk} .

Para o teste de milho híbrido no cerrado no verão dos anos de 2010 e 2011 foram obtidos os Gráficos 1 e 2.

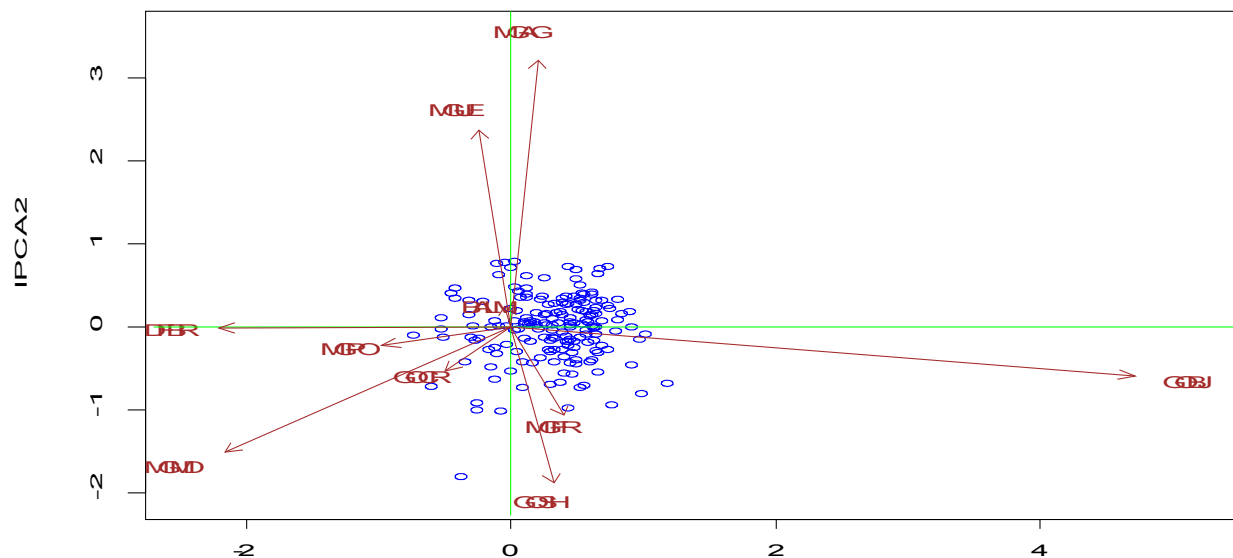


Gráfico 1: *biplot* da matriz do ensaio para região de cerrado no verão de 2010. (fora de escala)

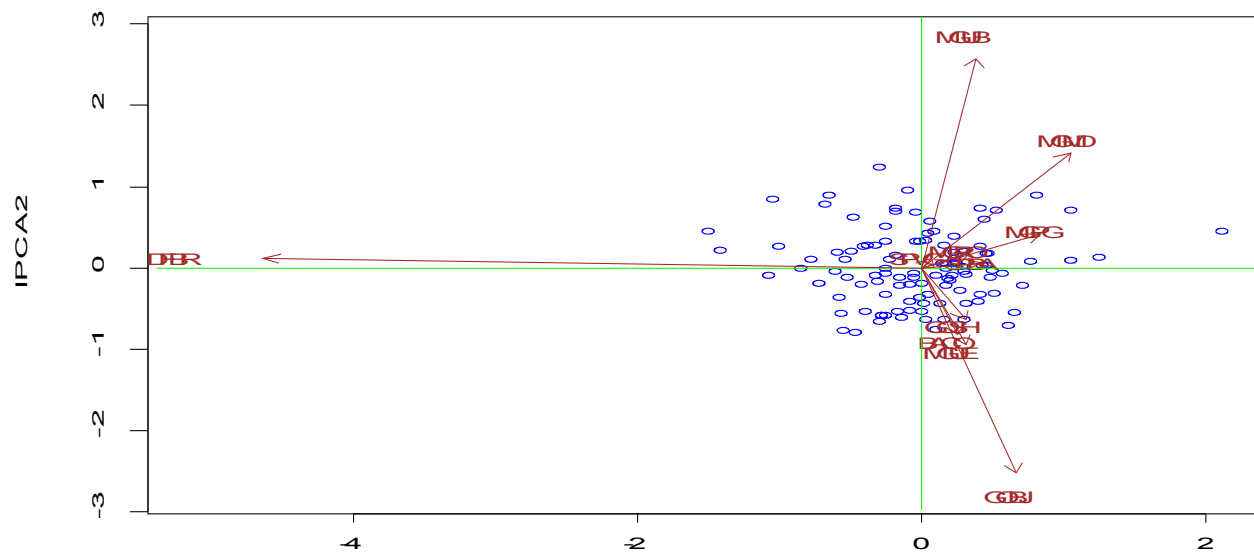


Gráfico 2: *biplot* da matriz do ensaio para região de cerrado no verão de 2011. (fora de escala)

Para os testes de produtividade de milho híbrido na região de cerrado no verão dos anos de 2010 e 2011, utilizando um outro conjunto de dados foram obtidos os gráficos 3 e 4:

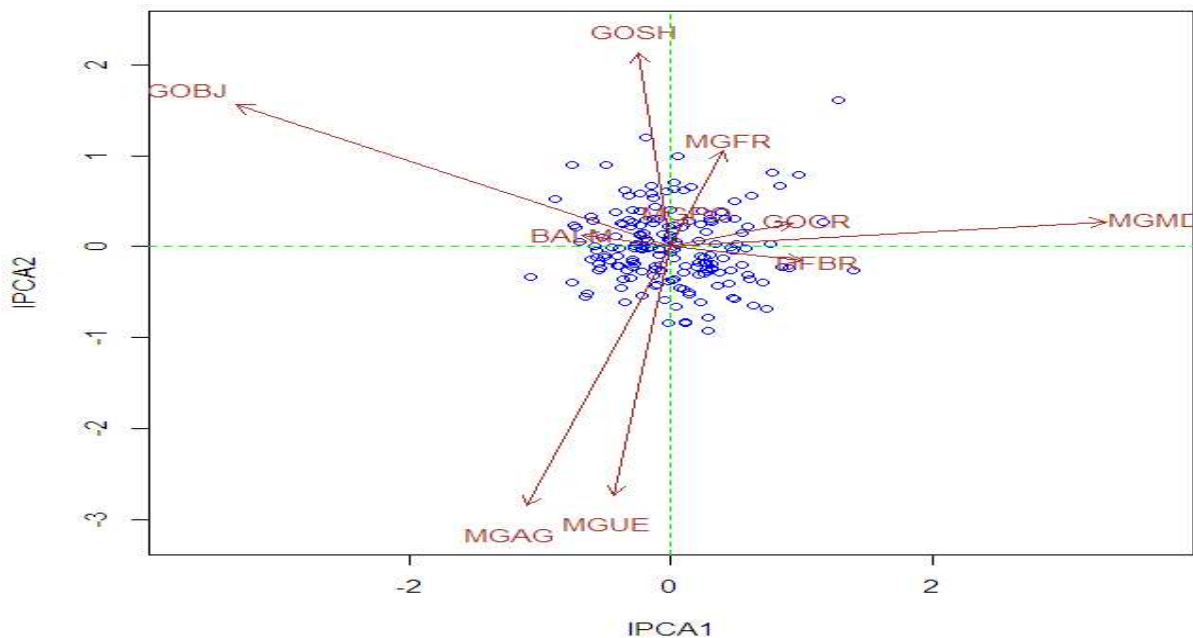


Gráfico 3: *biplot* da matriz do ensaio de para região de cerrado no verão de 2010 com o segundo banco de dados. (fora de escala)

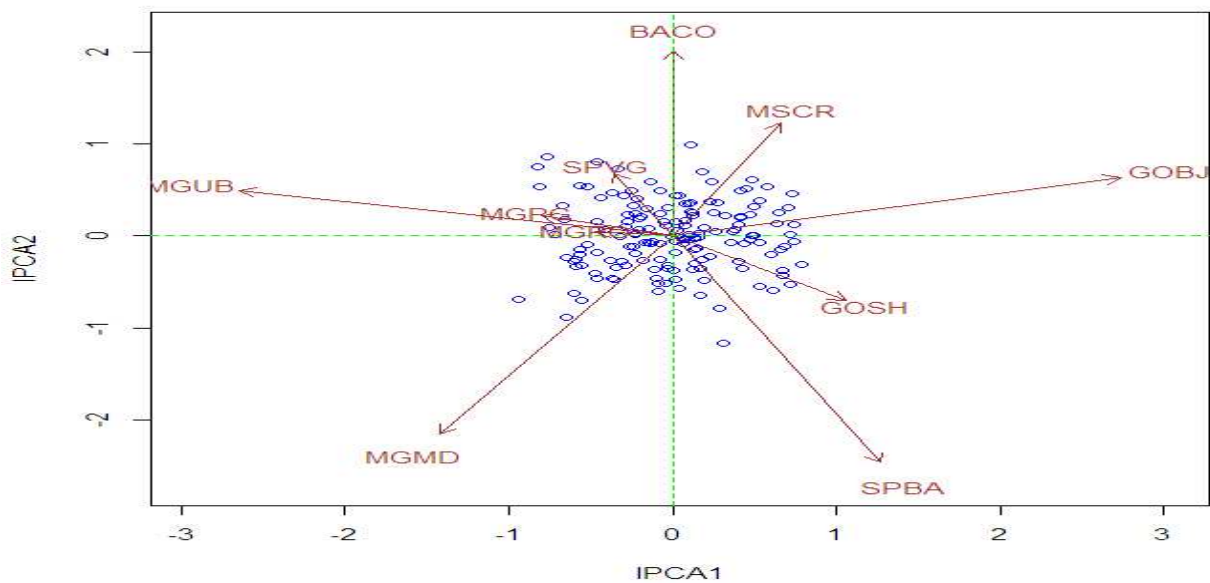


Gráfico 4: *biplot* da matriz do ensaio de para região de cerrado no verão de 2011. (fora de escala)

Para os testes de produtividade de milho híbrido na região Sul nos anos de 2010 e 2011 foram obtidos os gráficos 5 e 6:

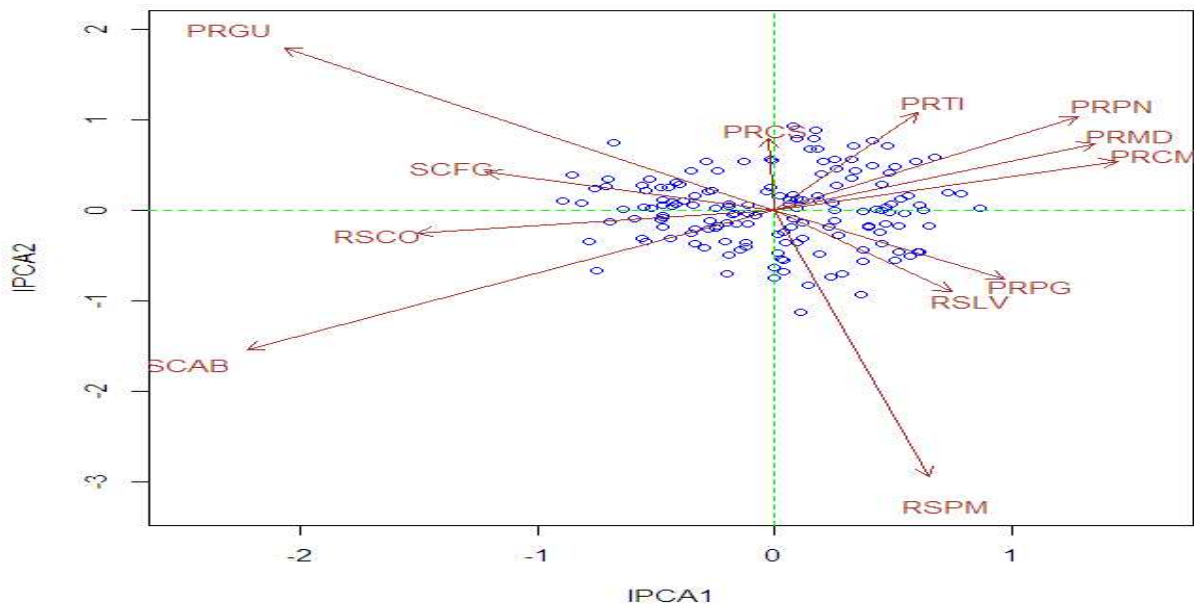


Gráfico 5: *biplot* da matriz do ensaio para região sul no verão de 2010.

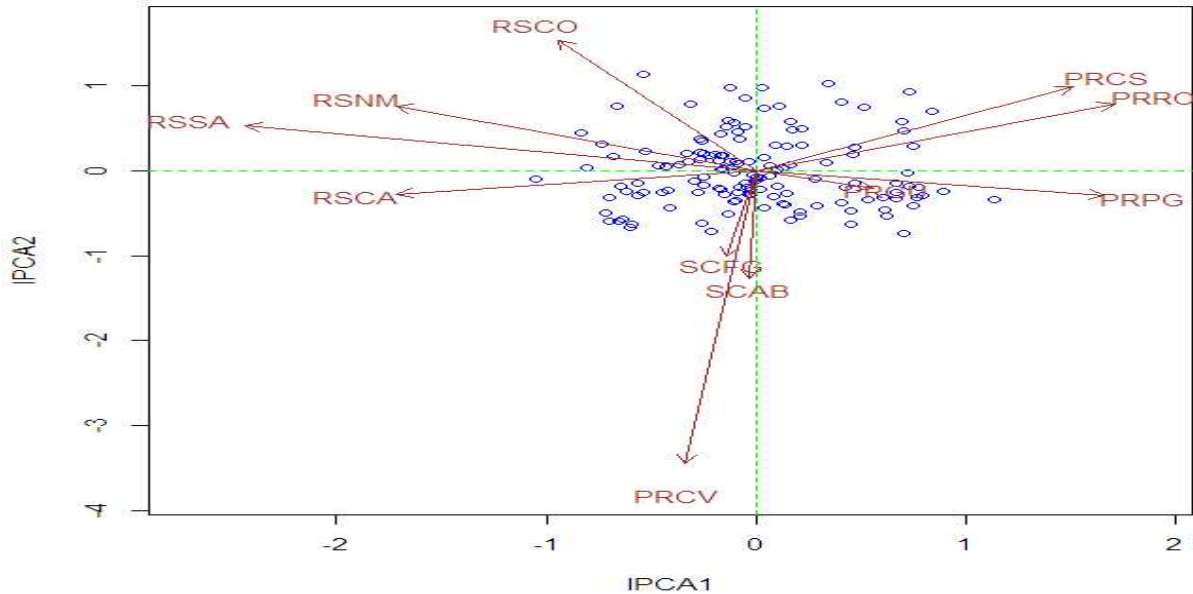


Gráfico 6: *biplot* da matriz do ensaio para região sul no verão de 2011.

É notória a similaridade entre alguns ambientes que possuem vetor em mesmo sentido e com magnitudes semelhantes. Foi desconsiderado o fato de diferentes tipos de solo quanto à fertilidade, pois todos os solos receberam a adubação adequada segundo ao que era necessário corrigi-los para a cultura do milho. O manejo de pragas e plantas infestantes nas áreas foram feitos de maneira a deixar o ambiente o mais limpo possível para que as plantas tivessem as mesmas condições para se desenvolverem.

Sendo assim a semelhança entre eles pode estar associada aos fatores climáticos das áreas de teste, já que os fatores edáficos, passíveis de correção, foram ajustados de forma a padronizar a fertilidade dos solos para a cultura do milho. Os únicos fatores que não puderam ser corrigidos foram a penetração e o armazenamento de água e a CTC para os diferentes tipos de solo. Isso provavelmente afastou os auto-vetores dos ambientes que possuem essas características diferentes um do outro, ou seja, os fatores que os aproximam, quando as características edáficas imutáveis são semelhantes, são as características climáticas, podendo ser elas:

1. CTC – Capacidade de troca catiônica;
2. Capacidade de campo (armazenamento de água);
3. Temperatura (graus dia);
4. Irradiação;
5. Pluviosidade.

Os ambientes de teste podem ter uma ou mais características semelhantes, mas quanto mais características semelhantes eles tiverem quanto aos fatores edafoclimáticos mais parecidos serão seus vetores no gráfico em magnitude e direção.

O cálculo de redução de custo percentual foi feito baseando no número de ambientes que foi utilizado e no número de ambientes que poderia ter sido utilizado, por exemplo: se foram utilizados dez ambientes, mas eram necessários apenas cinco, o gasto com experimentos foi o dobro ou 100% maior em relação ao número de locais de teste.

Assim, depois de feita a aproximação dos ambientes pelo gráfico *biplot* os ambientes foram agrupados em tabelas por cores, ambientes que possuem a mesma cor e vem em sequência na tabela são locais que se mostraram semelhantes em relação à resposta genotípica.

Para o teste de 2010 no Cerrado o custo da pesquisa foi 100% maior, já que eram necessários quatro ambientes e foram utilizados oito.

Cerrado 2010		
Cidade	Estável	Instável
Araguari		x
Uberaba		x
Brasília		x
Madre de Deus		x

Frutal	x
Santa Helena do Goiás	x
Presidente Olegário	x
Costa Rica	x

Tabela 01: Semelhança entre locais para teste de equivalência no cerrado em 2010.

Para o teste de 2011 no Cerrado o custo da pesquisa foi 300% maior já que eram necessários três ambientes para teste e utilizados nove.

Cerrado 2011		
Cidade	Estável	Instável
Uberlandia		x
Madre de Deus		x
Santa Helena do Goiás	x	
Uberaba	x	
Correntina	x	
Vargem Grande	x	
Barretos	x	
Romaria	x	
Presidente Olegário	x	

Tabela 02: Semelhança entre locais para teste de equivalência no cerrado em 2011.

Para o teste de 2010 no Cerrado o custo da pesquisa foi 233% maior já que eram necessário três ambientes para teste e foram utilizados sete.

2° banco de dados Cerrado 2010		
Cidade	Estável	Instável
Romaria	x	
Costa Rica	x	
Frutal	x	
Araguari		x
Uberaba		x

Bom Jesus	x
Santa Helena do Goiás	x

Tabela 03: Semelhança entre locais para teste de qualificação no cerrado em 2010

Para o teste de 2011 no Cerrado o custo da pesquisa foi 250% maior já que eram necessários dois ambientes para teste e foram utilizados cinco.

2° banco de dados Cerrado 2011

Cidade	Estável	Instável
Vargem Grande	x	
Romaria	x	
Paraguaçu	x	
Costa Rica		x
Correntina		x

Tabela 04: Semelhança entre locais para teste de qualificação no cerrado em 2011

Para os testes de 2010 e 2011 no Sul o custo da pesquisa foi 266% maior já que eram necessários três ambientes para teste e foram utilizados oito.

Qualificação Sul 2010

Cidade	Estável	Instável
Ponta Grossa	x	
Lagoa Vermelha	x	
Palmeirinha		x
Maua da Serra		x
Campo Mourão		x
Tibagi		x
Faxinal dos Guedes		x
Coxilha		x

Tabela 05: Semelhança entre locais para teste de qualificação no Sul em 2010

Qualificação Sul 2011

Cidade	Estável	Instável
--------	---------	----------

Abelardo Luz	x
Faxinal dos Guedes	x
Cruz Alta	x
Sananduva	x
Não-Me-Toque	x
Coxilha	x
Castro	x
Ponta Grossa	x

Tabela 06: Semelhança entre locais para teste de qualificação no Sul em 2011

A análise estatística AMMI não se relacionou com a maior parte dos métodos avaliados em um estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. Além de representar um avanço metodológico ela apresenta-se como o método mais adequado para esses estudos. (DUARTE, J. B. & SILVA, W. C. J 2006).

Para avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, em um experimento de linhagens avançadas de soja semiprecoces quanto à resistência a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*), foram utilizados dois métodos AMMI e Eberhart & Russell e os autores concluíram que eles permitem a identificações dos genótipos mais estáveis (MARTINS, J. A. S., & JULIATTI F. C. 2011). Assim como os genótipos podem ser classificados como estáveis ou instáveis o modelo AMMI também permite a classificação dos ambientes de tal forma.

O modelo AMMI se propõe a avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica nas culturas e, aliás, demonstra também a condição predominante do ambiente para aquele experimento e uma série de repetições, anos, em um mesmo ambiente permite sua classificação edafoclimática baseada nas respostas genotípicas em cada um dos ambientes.

CONCLUSÃO

Os ambientes para teste podem ser selecionados pelo método para redução de custo de pesquisa sem que haja perda na qualidade dos dados que serão obtidos a partir deles, sendo assim a economia gerada pode ser até três vezes mais baratas do que as que estão sendo feitas agora, em relação de número de ensaios, além de reduzir despesas de viagens e mão-de-obra, também irá reduzir o custo em operações realizadas e manejo das áreas.

Os genótipos, a pesar de não serem determinantes para a conclusão neste caso, se mostraram estáveis no geral, ou seja, mesmo que com variações entre os ambientes a produtividade média de milho híbrido (ton/ha) não sofreu grande variação com raras exceções.

Os ambientes aqui em estudo, em todos os testes, possuem outros que são semelhantes a eles, ou seja, um número mais do que o suficiente entre os locais de teste estão sendo utilizados pela empresa o que tem gerado custos desnecessários para a pesquisa do milho híbrido transgênico. Esta análise permitiu a indicação de exclusão de ambientes de teste, reduzindo o custo da pesquisa sem perder a significância e a expressividade dos dados, obtendo assim informações tão significativas quanto às anteriores.

BIBLIOGRAFIA

APOSTILA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS, Universidade de São Paulo, p. 24-28, disponível em, www.ib.usp.br.

ARAÚJO, L. B., Métodos de correção de autovalores e regressão isotônica nos modelos AMMI, PIRACICABA 2005.

ARIAS, E. R. A., Adaptabilidade e estabilidade das cultivares de milho, avaliadas no Estado do Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 a 1993/94. Lavras, p. 118. Tese de Doutorado – UFLA 1996.

BRADU, D. & GABRIEL, K. R. The biplot as a diagnostic tool for models of two-way tables, *Technometrics*. Ed. 20, p – 47-68, 1978.

DUARTE J.B. & SILVA, W. C. J., Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja, *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.41, n.1, p.23-30, 2006.

DUARTE, J. B. & VENCOSKY, R., Interação genótipos X Ambientes Uma introdução à análise “AMMI”, **Série monografias número 9**, p, 12-32, 1999.

GAUCH, H. G., Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs, Elsevier Science Publisher B.V. primeira edição, p. 53-85, 242-250, 1992.

GAUCH, H. G. & ZOBEL, R. W., AMMI analysis of yield trials, Genotype by environment interaction, ed. Boca Raton: CRC Press. P. 85-122, 1990.

MARTINS, J. A. S. & JULIATTI F. C., Adaptability and stability of soybean advanced lines of semi early cycle for rust resistance, Disponível em http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1984-70332012000100006&script=sci_arttext

MATHESON, A. C. & RAYMOND, C. A., Inbreed depression in Australian *Pinus radiata* D. Don Breeding Programs, *Aust. For. Res. P.*, 11- 25, 1984.

PIEPHO, H. P., Robustness of statistical test for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial, *Theoretical Applied of Genetics*. V.90, p. 438-443, 1995.

RAMOS, M. L. M., Um estudo sobre métodos estatísticos na avaliação da interação genótipo x ambientes em genótipos de arroz, *Dissertação de mestrado Universidade Estadual Paulista*, p. 19-29, 2007.