

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
BACHARELADO EM ESTATÍSTICA

**ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS
DE MILHO**

Laura da Silva Costa e Ferreira Godoi

Uberlândia – MG

2016

Laura da Silva Costa e Ferreira Godoi

ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO

**Trabalho de Conclusão de Curso apresentado no Bacharelado em Estatística
da UFU como requisito básico para a conclusão do Curso de Estatística.**

Orientador: Marcelo Tavares

Uberlândia - MG

2016

Laura da Silva Costa e Ferreira Godoi

ESTRATIFICAÇÃO DE AMBIENTES PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO

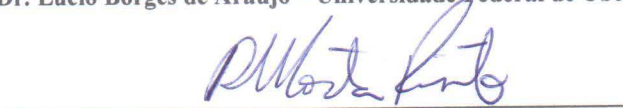
Trabalho de Conclusão de Curso apresentado no Bacharelado em Estatística da UFU como requisito básico para a conclusão do Curso de Estatística.

Aprovado em: 29 de 06 de 2016

BANCA EXAMINADORA



Prof. Dr. Lúcio Borges de Araújo – Universidade Federal de Uberlândia



Prof. Dr. Rogério de Melo Costa Pinto – Universidade Federal de Uberlândia



Prof. Dr. Marcelo Tavares (Orientador) – Universidade Federal de Uberlândia

Uberlândia – MG

2016

“Dedico ao meu pai e minha mãe, Cristóvão e Laila, pela capacidade de acreditar em mim, me dando esperança, segurança e a certeza de que não estou sozinha neste caminho. Sem eles, este trabalho e muitos dos meus sonhos não se realizariam”

RESUMO

A interação de genótipos com ambientes pode ser definida como o efeito diferencial dos ambientes sobre os genótipos. Neste contexto, o presente trabalho foi realizado com o objetivo de comparar diferentes genótipos de milho cultivados em diferentes ambientes, para identificar possíveis interações. Foram analisadas 7 fêmeas de híbridos e 6 ambientes caracterizados pela altitude e região. A metodologia utilizada foi o método AMMI (*Additive main effects and multiplicative interaction*), método que combina em um único modelo, parâmetros aditivos, para os efeitos principais de genótipos e ambientes, com parâmetros de efeito multiplicativo, para a interação. Os dados são referentes à produção de sementes de milho nas safras de verão de 2011 a 2016 de uma empresa de produção de sementes, onde o ano foi considerado como repetições. O caráter avaliativo foi a produtividade em sacos de 60 mil sementes por hectare. Foi possível analisar a estabilidade dos genótipos através do gráfico biplot construído para a primeira componente principal, por ser a única componente significativa, e a média de produtividade para cada genótipo. Sendo assim, pôde-se ver que dentre os 7 genótipos estudados, os genótipos G1, G3, G4, G5 e G6, por estarem dentro do intervalo de confiança construído para a média dos escores dos genótipos, podem ser considerados como estáveis. Entretanto, não se indicaria os genótipos G5 e G6, pois apesar de serem estáveis, possuem uma produtividade média bem abaixo da média geral. Além disso, foi possível observar a adaptabilidade de cada genótipo em cada ambiente através do produto dos escores de cada genótipo com cada ambiente. Sendo assim, pôde-se concluir que os genótipos G4 e G7 possuem uma adaptação favorável aos ambientes A1, A2, e A4, e os genótipos G1, G2, G3, G5 e G6 se adaptam melhor nos ambientes A3, A5 e A6.

ABSTRACT

The genotype and environment interaction can be defined as the effect of the environment under the genotypes. In this context, the current paper's goal is to compare different genotypes in different environments in order to identify possible interactions. It was analyzed 7 hybrid's females and 6 environments characterized by the altitude and location. The methodology used in this paper is the model AMMI (Additive main effects and multiplicative interaction) that combines in one model, additive parameters for the main effects, and multiplicative effects for the interactions. The database is from the summer seasons from 2011 to 2016 of the corn seed production of a private company. The years were considered as the repetitions and the compared variable were the productivity in 60.000 bags/hectare. Through the biplot chart for the first principal component, it was possible to analyze the genotype's stability. Therefore, it presents that, among the analyzed genotypes, the G1, G3, G4, G5 and G6 can be considered as stable genotypes, since their scores are between the limits of the confidence interval built for the scores's averages. However, the genotypes G5 and G6 would not be a good indication, because, although they were considered stable, they have very low productivity averages compared to the others. In addition, it was possible to analyze the genotype's adaptability in each environment through the scores product of the genotypes and environments. Therefore, it was possible to conclude that the G4 and G7 genotypes have a favorable adaptation in the A1, A2 and A4 environments. On the other hand, the G1, G2, G3, G5, and G6 genotypes have a better adaptation in the A3, A5 and A6 environments.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	9
2. REFERÊNCIAL TEÓRICO.....	11
2.1. PRODUÇÃO DE MILHO NO BRASIL.....	11
2.2. MILHO HÍBRIDO.....	14
2.3. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE.....	16
2.4. MODELO DE EFEITOS ADITIVOS COM INTERAÇÕES MULTIPLICATIVA – AMMI	18
3. METODOLOGIA DA PESQUISA	23
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	24
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS	32
6. CONCLUSÃO	33
REFERÊNCIAS.....	34
ANEXO A – Rotina utilizada no Software R.	36

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Produção de milho por Estado (%) - Safra 201/2015	12
Figura 2. Projeção da produção de milho no Brasil até a safra de 2024/2025.....	13
Figura 3. Projeção de área plantada de milho no Brasil até a safra de 2024/2025	14
Figura 4. Esquema da produção de sementes de híbrido simples e duplo a partir de linhagens ..	15
Figura 5. Tipos de interação entre genótipo e ambiente: a) Inexistente; b) Interação simples; c) Interação complexa	18
Figura 6. Histograma da variável produtividade (sacos de 60 mil sementes/hectare)	24
Figura 7. Gráfico boxplot para a produtividade de cada ambiente em estudo	25
Figura 8. Gráfico para a produtividade de cada genótipo em estudo	26
Figura 9. Gráfico Normal Q-Q para os resíduos padronizados	28
Figura 10. Gráfico biplot do modelo AMMI com intervalo de confiança (95%) para os escores dos genótipos em estudo.....	30

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Medidas descritivas para a variável produtividade	24
Tabela 2. Medidas descritivas para a variável produtividade para cada ambiente em estudo	25
Tabela 3. Medidas descritivas para a variável produtividade para cada genótipo em estudo	26
Tabela 4. Matriz de médias de produtividade para cada genótipo em cada ambiente	27
Tabela 5. Análise de variância do modelo AMMI em estudo	28
Tabela 6. Análise de componentes principais do modelo AMMI em estudo	29
Tabela 7. Matriz dos produtos entre os escores de cada genótipo com cada ambiente	31

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, até a década de 70, os agricultores dependiam de suas próprias sementes. Neste período, o melhoramento das plantas era realizado pelas comunidades, por meio da observação e seleção das características que mais se adequavam às suas necessidades. Assim, os agricultores trocavam essas sementes e então as multiplicavam. Este processo de produção funcionou desta maneira, até que se iniciou a revolução na agricultura e com ela o estabelecimento de empresas de melhoramento genético de plantas, entre elas, o milho.

O milho é um cereal pertencente ao gênero *Zea*, um membro da ordem Poales, família das Gramineae (Poaceae) tribo Maydeae, gênero *Zea*, espécie *mays*, portanto, taxonomicamente identificado como *Zea mays L. spp. mays*. A cultura do deste cereal tem grande importância socioeconômica no sistema produtivo brasileiro, pois constitui uma relevante área de cultivo, bem como, uma expressiva produtividade. Seus derivados e subprodutos participam da cadeia produtiva primária como fonte de alimento humano e animal (BUSANELLO, 2012).

Os níveis de produção da milhocultura vêm aumentando gradualmente ao longo dos anos. Os patamares de tecnologia investidos na cultura vêm acompanhando e contribuindo de forma paralela para a melhoria das características da espécie. O melhoramento genético é, entre os fatores contribuintes, o que mais agrega para as características de produtividade, especialmente com desenvolvimento de novas cultivares cada vez mais específicas e adaptadas para cada condição ambiental, proporcionando a máxima expressão genética das sementes.

A influência que os ambientes exercem sobre cada genótipo tem sido tema de estudos de programas de melhoramento genético, tendo em vista que esta interação pode impactar negativamente ou positivamente nos resultados finais (ARAÚJO *apud* GONZÁLEZ, 1988). A existência da interação entre genótipos e ambientes adquire importância se há diferenças entre os ambientes de seleção e de produção, o que pode inflacionar as estimativas da variância genética. Se não houvesse interação, uma variedade se adaptaria à maioria dos ambientes de cultivo. Embora alguns melhoristas tendem a interpretar uma interação como um fator negativo, deve ser lembrado que interações positivas associadas com características específicas do material genético oferecem uma oportunidade de elevar os rendimentos ou seja, uma interação não é apenas um obstáculo, mas também uma oportunidade de ganho a ser explorada (DUARTE; VENKOVSKY, 1999).

Neste contexto, o objetivo do trabalho é estudar os efeitos das interações genótipos versus ambientes e estratificar os ambientes mais indicados para produção de sementes de milho utilizando a metodologia estatística AMMI (*Additive main effects and multiplicative interaction*).

2. REFERÊNCIAL TEÓRICO

2.1. PRODUÇÃO DE MILHO NO BRASIL

O Brasil possui 153 milhões de hectares de terras agricultáveis, área equivalente à somatória do território da França, Alemanha, Espanha e Portugal. O agronegócio brasileiro teve grandes modificações nos últimos vinte anos, tornando o país em um dos líderes mundiais no setor. Responsável por 23% do PIB e de um quarto dos empregos gerados no Brasil em 2014, o setor de agronegócio se tornou de grande importância na economia nacional. Em pouco mais de duas décadas, a safra de grãos no país saltou de 76 milhões de toneladas para mais de 195 milhões, enquanto o incremento de área foi de 40% (AGROANALYSIS, 2014). Portanto, o Brasil além de estar aumentando a produção, está aumentando a produtividade por área. Isto, devido à evolução do melhoramento genético, uso da biotecnologia e da incorporação de novas tecnologias ao processo de produção de sementes.

A cultura do milho é uma das mais importantes em nível nacional devido à diversidade de usos desse cereal. Nas últimas 4 décadas, a área cultivada com milho no Brasil cresceu 52%, enquanto a demanda teve um incremento de 283,3%. O aumento da produtividade foi fundamental para reduzir a necessidade do aumento de área. No ano agrícola de 1972/1973, a produtividade média alcançada do milho era de apenas 1.424 kg/hectare no Brasil. Já na safra de 2011/2012, obteve-se uma produtividade média de 4.071 kg/hectare. Para este cálculo leva-se em conta as áreas e produção das 1ª e 2ª safras. A cultura do milho demonstrou estagnação em vários aspectos como área, tecnologia e produtividade durante muitos anos. Isso, segundo alguns especialistas que acompanham mais de perto o milho, foi fruto da falta de profissionalização da cultura. O milho era uma cultura acessória dentro de um sistema produtivo. (PEIXOTO, 2014)

As lavouras de milho com alta tecnologia eram plantadas com sementes híbridas vindas de programas de melhoramento genético convencional, até meados de 2008. A produtividade média girava em torno de 8.500 kg/hectare, enquanto no caso da safrinha, estas produtividades eram aproximadamente de 5.000 kg/hectare, dependendo das condições climáticas e práticas de manejo adotadas. Até este período, os investimentos se concentravam no manejo de pragas, em especial à lagarta-do-cartucho (*Spodoptera frugiperda*), praga de difícil controle. Porém, na safra de verão de 2008/2009 a milhocultura começou a atingir níveis de produtividades considerados inatingíveis pelos agricultores, isto devido à aprovação do primeiro evento de milho *Bt* (milho transgênico com

atividade inseticida) no final de 2007. Nos últimos anos, produtores vem atingindo produtividades médias entre 12.000 kg/hectare e 15.000 kg/hectare, e na safrinha, produtividades médias entre 7.000 kg/hectare e 8.000 kg/hectare. Neste contexto, observa-se o impacto de biotecnologia aplicada a cultura do milho, e assim, ao perceber os benefícios trazidas por estas tecnologias, produtores encontraram um ambiente mais seguro e rentável para investir na cultura. (SELEME, 2013)

No ano agrícola de 2014/2015, a produção brasileira de milho foi alocada nas regiões Centro-oeste, com 43,9%, Sul, 30,6%, e Sudeste, 13,7% (Figura 1). Os principais estados produtores, Mato Grosso, Paraná, Mato Grosso do Sul, Goiás, Minas Gerais, Rio Grande do Sul e São Paulo, respondem por 83,5% da produção nacional. No Centro-oeste, a liderança é de Mato Grosso, seguido por Mato Grosso do Sul, no Sul a liderança é do Paraná e no Sudeste por Minas Gerais. Estes são atualmente os principais produtores de milho do país. (2015, MAPA)

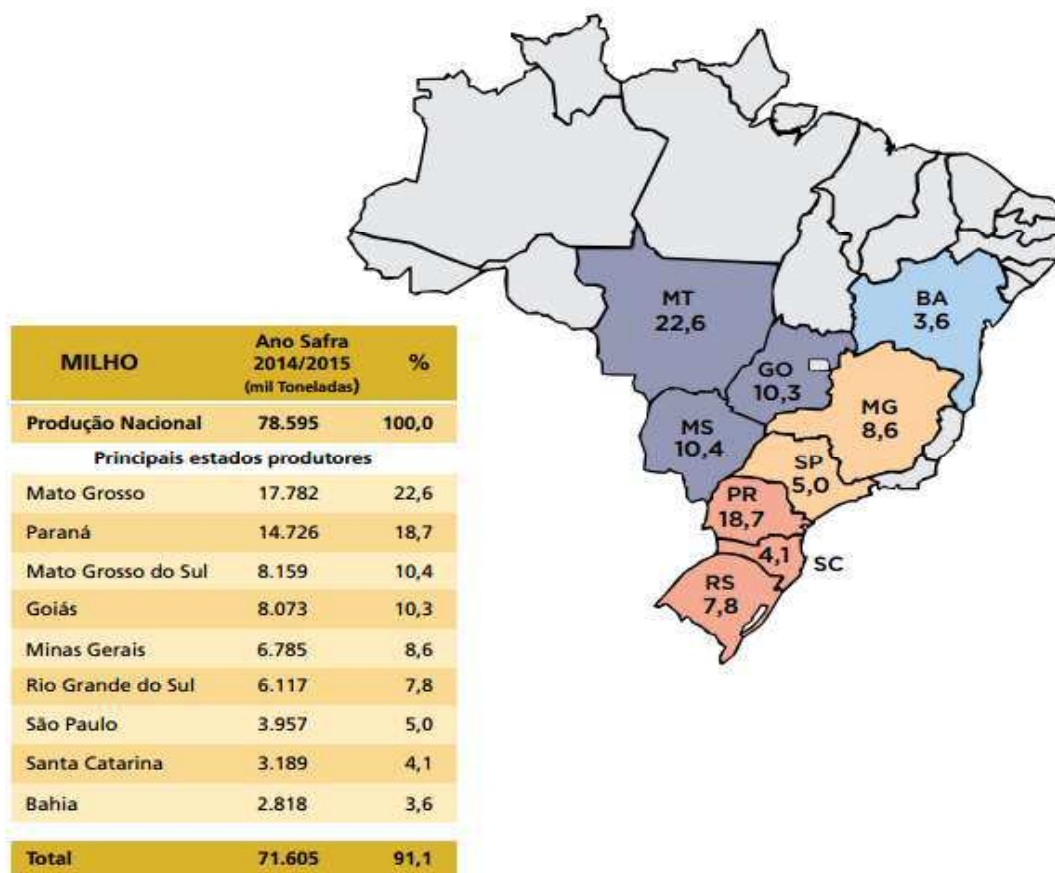


Figura 1: Produção de milho por estado (%) - Safra 2014/2015.

Fonte: AGE / Mapa e SGE / Embrapa

Neste mesmo ano, 2014/2015, a produção nacional foi de aproximadamente 79,0 milhões de toneladas. Deste total, cerca de 48,0 milhões correspondem ao milho de segunda safra. Segundo as projeções do agronegócio feitas pelo Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) em 2015, estima-se uma produção de 99,8 milhões de toneladas para 2024/2025. A área cultivada de milho passará de 15,2 milhões de hectares em 2014/2015 para 15,6 milhões em 2024/2025, acréscimo de 2,9%, mas pode chegar a 21,4 milhões de hectares. Este percentual de aumento projetado está bem abaixo do crescimento dos últimos 10 anos, que foi de 17,3%. Porém, nos últimos anos, a cultura do milho teve grandes avanços em relação à produtividade resultando em menor necessidade adicional de áreas. Ver Figuras 2 e 3.

Em torno de 80% do milho produzido no Brasil destina-se à ração animal, em grão ou em silagem, em que mais de um milhão de hectares são cultivados nas bacias leiteiras do país. Outra finalidade do milho é para consumo imaturo e conservas. Para isto, há um milho especial, chamado milho doce, que foi desenvolvido especialmente para esta finalidade. Estima-se que 50.000 hectares são cultivados com esse material. Além disso, nos últimos tempos escuta-se que em regiões em que o frete é alto as lideranças do agronegócio estão gerenciando para produzir álcool de milho semelhante ao que ocorre nos EUA. Caso isto se concretize, deverá ser desenvolvido um milho com maior eficiência para produção de álcool, aumentando a complexidade de produção de sementes. (PESKE, 2014)

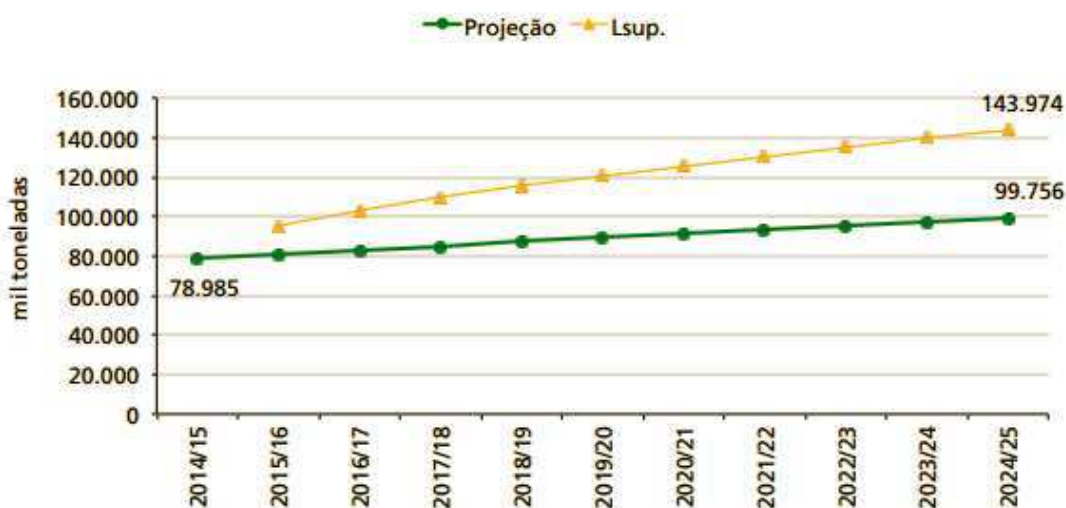


Figura 2: Projeção da produção de milho no Brasil até a safra de 2024/2025.

Fonte: AGE / Mapa e SGE / Embrapa

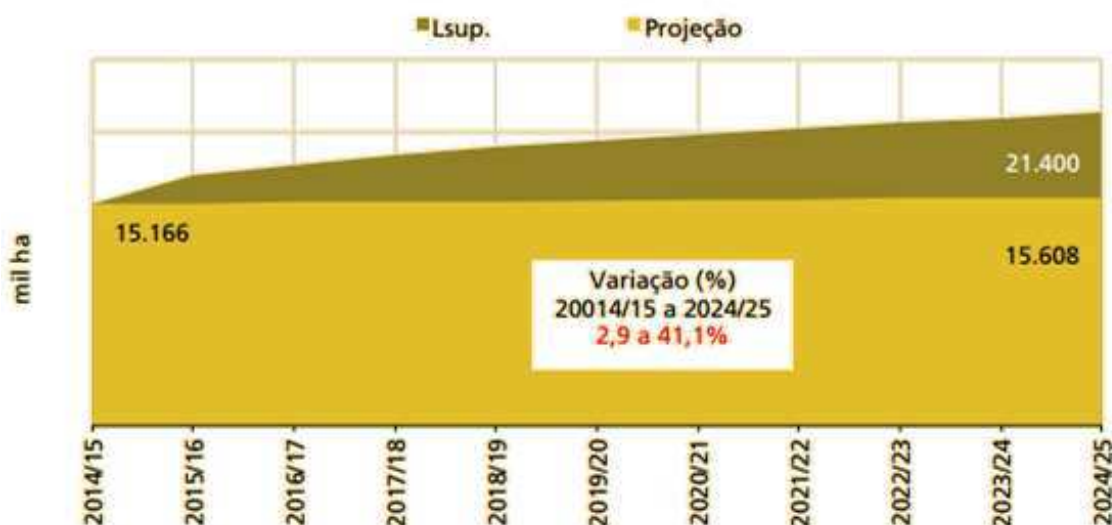


Figura 3: Projeção da área plantada de milho no Brasil até a safra de 2024/2025.

Fonte: AGE / Mapa e SGE / Embrapa

2.2. MILHO HÍBRIDO

O milho híbrido é o cruzamento de duas linhagens puras dando como resultado a semente híbrida, que é utilizada nos plantios comerciais. O milho híbrido, como ocorre com todos os híbridos em geral, só tem alto vigor e produtividade na primeira geração, de modo que é necessário produzir sementes híbridas todos os anos. Estas sementes são obtidas por polinização induzida, fazendo com que seja necessário evitar que as plantas consideradas como fêmeas se autopolinizem. Para isso, se utiliza um procedimento chamado de despendoamento, que consiste na retirada do pendão da fêmea antes da liberação de seu pólen. O despendoamento é uma atividade crítica, pois qualquer escape de pendão representa milhares de grãos de pólen que podem comprometer a produção de sementes

A metodologia básica para a produção de sementes de milho foi proposta por SHULL (1909 *apud* MARTIN, 2007), sendo a base teórica válida até hoje (Figura 4). Essa metodologia descreve dois processos, sendo o primeiro a obtenção da linhagem pura e o segundo a obtenção de híbridos a partir da primeira.

Os híbridos podem ser classificados como simples, triplos ou duplos. O híbrido simples é o resultado do cruzamento entre duas linhagens puras e é indicado para sistemas de produção que

utilizam alta tecnologia, pois são potencialmente mais produtivos que os outros tipos, apresentando maior uniformidade de plantas e de espigas. Além disso, são também os mais caros, custando, muitas vezes, acima de R\$ 300,00 o saco de 60.000 sementes, normalmente suficiente para o plantio de um hectare (CRUZ; FILHO, 2009). O híbrido triplo é obtido a partir do cruzamento entre uma linhagem pura e um híbrido simples e é indicado para produções de média a alta tecnologia. Estes também são bastante uniformes e seu potencial produtivo é intermediário entre os híbridos simples e os duplos. O híbrido duplo é o resultado do cruzamento entre dois híbridos simples, são um pouco mais variáveis em características da planta e da espiga. Portanto, possuem o custo mais baixo dentre os três tipos.

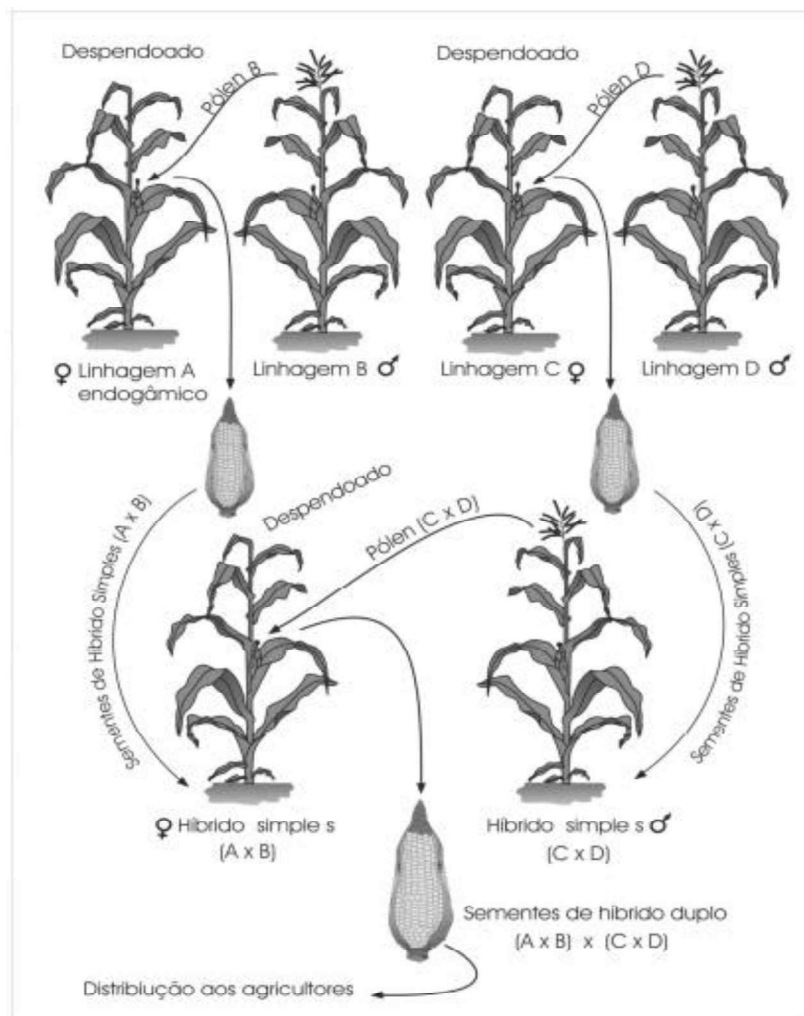


Figura 4: Esquema da produção de sementes de híbrido simples e duplo a partir de linhagens.

Fonte: <http://revistaseletronicas.pucrs.br/ojs/index.php/fzva/article%20/viewFile/2483/1942>

Dentre as vantagens da utilização de sementes de híbridos de milho estão à possibilidade de associar características de distintos progenitores, onde a obtenção desses pode ser realizada em um prazo relativamente curto (MARTIN, 2007). Geralmente, as sementes híbridas geram plantas com alto vigor e alta produtividade. São plantas mais homogêneas, o que possibilita a maior eficiência na aplicação de tecnologias, como o uso de maquinários, e a maior homogeneidade do produto final. Por exemplo, o milho híbrido possui espigas na mesma altura, facilitando o trabalho das máquinas colhedoras. Porém, para isso os híbridos precisam de ótimas condições de crescimento, com as quantidades corretas de fertilizantes, água e agrotóxicos. Em condições rústicas, os híbridos costumam produzir pior que as variedades (AMARAL, 2013).

O avanço da produção de sementes de milho híbrido no Brasil é o resultado dos investimentos científicos e tecnológicos, desde o lançamento do primeiro híbrido comercial, em 1939, até os dias de hoje, com o surgimento dos primeiros híbridos geneticamente modificados. A importância das sementes híbridas para esta cultura fica bem evidente ao se comparar a evolução da área cultivada com sementes híbridas e a produtividade por hectare. Nos últimos anos, a área cultivada com sementes híbridas de milho foi de 8,2 milhões de hectares para 10,3 milhões, e no mesmo período o aumento de rendimento foi superior a 17% (GODOI, 2008).

Por mais que exista influência de fatores externos, pode-se dizer que o aumento de produtividade também mostra correlação com o aumento do uso de sementes híbridas. Este mesmo fato é observado historicamente em outras partes do mundo, quando se avança em tecnologia. Nos EUA, até a década de 1930, utilizava-se quase que somente variedades, plantas com polinização aberta, e nas décadas seguintes até hoje só híbridos, começando com os híbridos duplos e depois mudando para híbridos simples, e atualmente híbridos simples geneticamente modificados em grande volume (GODOI, 2008).

2.3. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE

O genótipo pode ser definido como a constituição genética de um indivíduo, ou seja, o conjunto de genes recebidos do pai e da mãe. São esses genes, juntamente às influências do meio, que determinarão o fenótipo de um ser. O fator ambiental é um conjunto de variações não genéticas que influenciam as respostas fenotípicas do cultivar, podendo ser local onde o genótipo é cultivado, adubação, espaçamento, fatores climáticos como precipitação, luminosidade e temperatura, e toda

biodiversidade de insetos e patógenos que a cultura pode estar exposta (MARTINELLI, 2013). Portanto, genótipos diferentes podem apresentar comportamentos e resultados distintos quando plantados em variadas condições ambientais.

A produtividade de grãos é uma característica quantitativa altamente influenciada pelo ambiente em que o genótipo é cultivado. Desta forma, a interação genótipo ambiente é um fator complicador na seleção e recomendação de cultivares para grandes regiões geográficas (SQUILASSI, 2003). A Figura 5 mostra diferentes possibilidades de resposta de dois genótipos em diferentes ambientes. Na 1ª situação, não existe interação, pois os dois genótipos respondem na mesma proporção à mudança no ambiente. Na 2ª situação, o genótipo B responde mais à melhoria ambiental, mas não há alteração no ranking e por isso existe interação simples. Na 3ª situação, há interação complexa, pois além dos genótipos responderem em proporção diferente, eles mudam de ranking conforme o ambiente. Esta última situação é muito comum nos ensaios finais dos programas de melhoramento e dificultam a recomendação das variedades (COSTA, 2010).

Entre as alternativas para minimizar a influência da interação genótipo ambiente está a escolha de genótipos com ampla adaptação e boa estabilidade. O termo adaptabilidade designa a capacidade potencial de genótipos para assimilarem vantajosamente o estímulo ambiental, ou seja, a capacidade de um genótipo responder ao estímulo ambiental, o que é uma grande vantagem do ponto de vista da produtividade agrícola. A estabilidade é considerada como a capacidade dos genótipos de exibirem um desempenho o mais constante possível, de acordo com as variações ambientais, e pode ser também expressa como a menor variação média nos ambientes considerados. A estabilidade é uma função da previsibilidade da resposta de um genótipo (MARTNELLI, 2013). Diferentes metodologias para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade têm sido desenvolvidas e, ou, aprimoradas. Tais procedimentos se baseiam em análise de variância, regressão linear, regressão não linear, análises multivariadas e estatísticas não paramétricas.

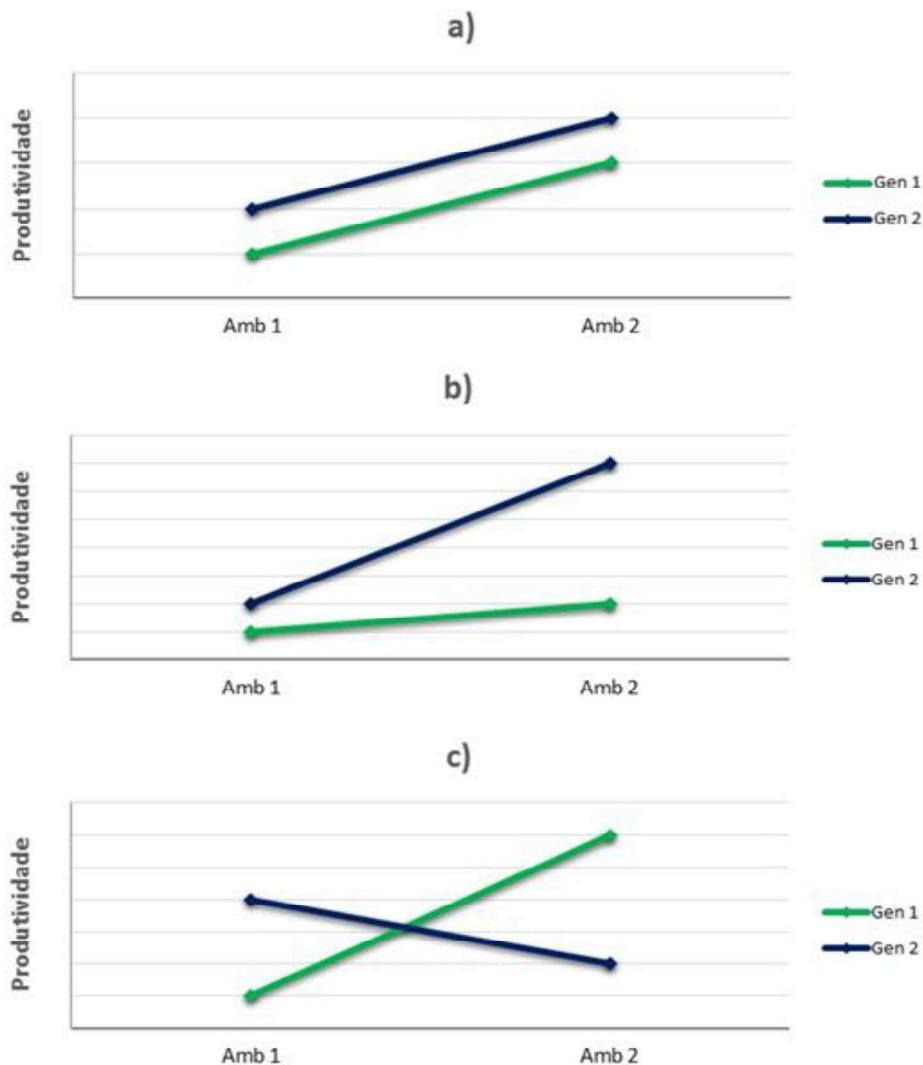


Figura 5: Tipos de interação GxA: a) Inexistente; b) Interação simples; c) Interação Complexa.

Fonte: Autor

2.4. MODELO DE EFEITOS ADITIVOS COM INTERAÇÕES MULTIPLICATIVA – AMMI

A análise AMMI combina em um único modelo componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e ambientes, e componentes multiplicativos para o efeito da interação. De acordo com Gauch (1988 *apud* FARIA, 2012) o procedimento AMMI faz a decomposição da soma de quadrados original em eixos singulares ortogonais, que podem ser separados em duas partes,

padrão e ruído. Os primeiros eixos associados ao modelo detêm praticamente todo o padrão devido a interação, e os eixos de mais alto grau captam, praticamente, somente ruídos. Sendo assim, o modelo combina análise de variância (ANOVA) para os efeitos principais de genótipos e ambientes (parâmetros de efeitos aditivos) com a análise de componentes principais (ACP) para a interação GxE (parâmetros de efeito multiplicativo) em um único modelo. (SQUILASSI, 2003)

Na primeira fase, a análise de variância é aplicada à matriz de médias $(Y_{(g \times e)})$ composta pelos efeitos principais na parte aditiva (média geral, efeitos genotípicos e ambientais), resultando em um resíduo de não aditividade, isto é, na interação $(G \times E)$, dada por $(ge)_{ij}$, essa interação constitui a parte multiplicativa do modelo, na segunda fase a interação é analisada pela análise de componentes principais (PCA). O modelo AMMI para dois fatores (G e E) é apresentado como:

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

com $(ge)_{ij}$ a interação genótipo-ambiente modelada por $\sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij}$.

Temos como parte aditiva $\mu + g_i + e_j$ e $\sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk}$ parte multiplicativa $(ge)_{ij}$.

Sendo $i = 1, 2, \dots, g$, e $j = 1, 2, \dots, e$:

Y_{ij} : resposta média do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente;

μ : média geral;

g_i : efeito do i-ésimo genótipo;

e_j : efeito do j-ésimo ambiente;

λ_k : raiz quadrada do k-ésimo autovalor das matrizes $(GE)(GE)^T$ e $(GE)^T(GE)$ de iguais autovalores não nulos (λ_k^2 é o k-ésimo autovalor);

$[GE_{(gxe)} = (ge)_{ij}]$: matriz de interações obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais por ANOVA, aplicada à matriz de médias, $(k = 1, 2, \dots, p)$, em que p é o número de raízes características não nulas $p = (1, 2, \dots, \min\{g - 1, e - 1\})$;

γ_{ik} : i-ésimo elemento (relacionado ao genótipo i) do k-ésimo autovetor de $(GE)(GE)^T$ associado a λ_k^2 ;

α_{jk} : j-ésimo elemento (relacionado ao ambiente j) do k-ésimo autovetor de $(GE)^T(GE)$ associado a λ_k^2 ;

ρ_{ij} : resíduo adicional;

ε_{ij} : erro experimental médio, $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2/m)$, em que m é o número de repetições;

n : número de componentes retidos no modelo ($n < p$).

Sob as restrições $\sum_{i=1}^g g_i = \sum_{j=1}^e e_j = \sum_{i=1}^g (ge)_{ij} = \sum_{j=1}^e (ge)_{ij}$, as estimativas da média geral (μ) e os efeitos principais (g_i e e_j) são obtidos no contexto simples de uma ANOVA de dupla entrada aplicada à matriz de médias $(Y_{(g \times e)})$. Os resíduos deste ajuste para os efeitos principais, equivalem ao termo das interações $GE_{(gxe)} = [(ge)_{ij}]$ e os termos multiplicativos da interação são estimados através da análise de ACP (ARAÚJO, 2005).

A seleção do número de componentes do modelo pode ser feita considerando o nível de significância $\alpha = 0,05$ para cada componente da ACP. Caso um componente seja considerado significativo tem-se o modelo $AMMI_1$, com uma componente explicando interação e os efeitos aditivos de genótipos e ambientes. Para dois componentes significativos, tem-se o modelo $AMMI_2$, que contém dois componentes, os quais estarão explicando a interação, além dos efeitos aditivos de genótipos e ambientes e, assim por diante (FARIA, 2012).

O gráfico biplot, que é uma representação gráfica em que as linhas e as colunas são apresentadas em um gráfico com duas ou três dimensões, é muito utilizado para auxiliar na interpretação da interação (FERRAUDO *apud* GABRIEL, 1971). Este gráfico também é utilizado por outras técnicas multivariadas, contribuindo na interpretação dos resultados permitindo

visualizar as interações positivas ou negativas entre os genótipos e os ambientes. A interpretação de um gráfico biplot quanto à interação entre genótipos e ambientes é feita analisando o valor e o sinal dos escores de genótipos e ambientes para o(s) eixo(s) que representa(m) a interação. Assim, os escores baixos, em torno de zero, são de genótipos considerados como estáveis. Estes genótipos podem ser recomendados amplamente, levando em conta que possuam médias elevadas em relação aos cultivares padrão (DUARTE; VENKOVSKY, 1999).

De acordo com Ferraudo (2015), para auxiliar na análise de estabilidade dos genótipos, pode-se definir um intervalo de confiança para $AMMI_1$ e região de confiança para $AMMI_2$ e $AMMI_3$. No caso do modelo $AMMI_1$, o intervalo de confiança de 95% é calculado para média dos escores do eixo da interação da análise da ACP, $IPCA_1$, de genótipos, dado por (2). Assim, os genótipos inclusos dentro do intervalo de confiança de 95% são considerados estáveis.

$$\bar{X}_{IPCA_1} \pm t_{n-1}(\alpha) \frac{S_{IPCA_1}}{\sqrt{n-1}} \quad (2)$$

onde,

n : número de escores envolvidos;

$t_{n-1}(\alpha)$: valor da distribuição t de Student com $(n - 1)$ graus de liberdade;

α o nível de significância, prefixado em 5%;

S_{IPCA_1} é o desvio-padrão dos escores do $IPCA_1$.

No caso dos modelos $AMMI_2$ ou $AMMI_3$, a região de confiança de 95% é baseada no quadrado da distância de Mahalanobis, para o vetor de médias dos escores dos $IPCA_1$ x $IPCA_2$ de genótipos e ambientes, dada por (3).

$$(\bar{\theta}_k - \theta_k)' S_{\theta_k}^{-1} (\bar{\theta}_k - \theta_k) \leq \frac{2(n-1)}{n(n-2)} F_{2,n-2}(\alpha) \quad (3)$$

onde,

$k = g$ para genótipos;

n : número de escores envolvidos;

$\bar{\theta}_k$: vetor de médias dos escores (vetor nulo);

θ_k : vetor dos escores observados;

$S_{\theta_k}^{-1}$: inversa da matriz de covariâncias dos escores.

Caso, $\left[n(\bar{\theta}_k - \theta_k)' S_{\theta_k}^{-1} (\bar{\theta}_k - \theta_k) \right] < \frac{2(n-1)}{n(n-2)} F_{2,n-2}(\alpha)$, o genótipo está dentro da região de confiança e então é considerado como estável.

Enquanto isso, a adaptabilidade é analisada avaliando a interação positiva entre genótipo e ambiente. Sendo assim, deve se analisar os produtos entre os escores de genótipos e os escores de ambientes, os quais fornecem as estimativas dos efeitos da interação. Para efeitos positivos desses produtos, pode-se dizer existência de situações favoráveis dos genótipos àqueles ambientes. As indicações das adaptabilidades estão relacionadas aos genótipos e ambientes com escores de mesmo sinal, evidenciando um sinergismo adaptativo. No entanto, genótipos e ambientes com escores de sinais opostos, indicam um certo antagonismo, com uma combinação desfavorável de genótipo e ambiente (DUARTE; VENKOVSKY, 1999).

3. METODOLOGIA DA PESQUISA

A base de dados utilizada no presente trabalho possui 717 observações referentes às safras de verão de 2011 a 2016 de uma empresa privada de produção de sementes. A base é composta por 7 tipos de fêmeas de híbridos de milho, note que o intuito em usar os resultados por fêmeas foi de acumular um maior volume de dados, sabendo que grande parte da variabilidade entre genótipos são provenientes da fêmea do híbrido. Os ambientes são caracterizados pela região e altitude e estão distribuídos nos estados de São Paulo, Minas Gerais, Goiás e Mato Grosso do Sul. Os anos foram considerados como repetições de um experimento.

Inicialmente, foi realizado uma estatística descritiva para ter uma visão geral dos dados. Assim, para estimar os efeitos principais, parte aditiva, do modelo AMMI, foi feito uma análise de variância para um modelo misto em que a repetição (ano) para cada ambiente é o efeito aleatório do modelo. Em seguida, construindo a parte multiplicativa do modelo, foi realizado uma análise de componentes principais, e assim construídos os gráficos biplots para analisar o comportamento da produtividade desses genótipos nos diferentes ambientes. Para análise foi utilizado o pacote “agricolae” (MENDIBURU, 2013) do software estatístico R (R Core Team, 2013), além da ferramenta Microsoft Excel.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Foi feito uma análise descritiva para a variável de produtividade em estudo. De acordo com a Tabela 1, tem-se que as produtividades dos genótipos analisados possuem uma média de 104,00 sacos/hectare, com mínimo de 8,93 sacos/hectare e máximo de 241,60 sacos/hectare. Observa-se uma grande amplitude na variável, e consequentemente uma variação de 41%. Além disso, foi testado a normalidade da variável, e de acordo com o resultado do teste de Shapiro-Wilk com um valor-p de 0,0006, conclui-se que, com significância de 5%, a variável não possui uma distribuição normal. Pode-se notar essa não normalidade através do histograma da Figura 6, onde observa-se uma concentração de dados no intervalo de 50 a 150, caracterizando uma assimetria à direita.

Tabela 1: Medidas descritivas para a variável produtividade (sacos/hectare)

Mín.	1º Quartil	Mediana	Média	3º Quartil	Máx.	Desvio Padrão	CV
8,93	72,87	106,30	104,00	133,80	241,60	42,39	0,41

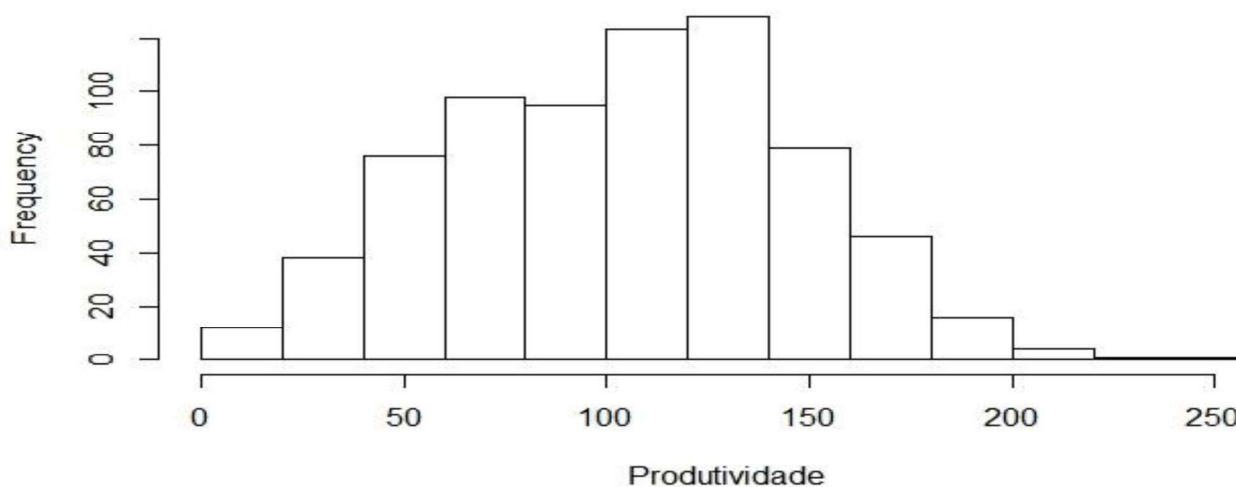


Figura 6: Histograma da variável produtividade (sacos/hectare)

Além da análise descritiva para a produtividade em geral, foi analisado também o comportamento dessa variável para cada ambiente e para cada genótipo, separadamente. A Tabela 2 apresenta medidas descritivas para cada ambiente. Nota-se que o ambiente A1 possui a maior média de produtividade, seguido do ambiente A4. Enquanto isso, o ambiente A5 é o que possui a menor média. Além disso, pode-se observar que além de possuir a maior média o ambiente A1 possui o menor coeficiente de variação. Essas comparações ficam fáceis ao analisar o boxplot da Figura 7, onde fica mais claro as diferenças entre os ambientes. Além disso, observa-se que o ambiente A3 possui dois pontos de *outliers* acima do limite superior.

Tabela 2: Medidas descritivas de produtividade (sacos/hectare) para cada ambiente em estudo

Ambiente	Mín	1º Quartil	Mediana	Média	3º Quartil	Máx	Desvio Padrão	CV
A1	34,36	87,00	118,30	116,50	148,10	197,70	38,16	0,33
A2	17,27	48,06	76,85	87,45	126,50	180,60	44,71	0,51
A3	17,87	65,82	91,02	98,60	129,20	241,60	43,07	0,44
A4	13,76	79,15	111,60	107,10	132,90	211,20	41,66	0,39
A5	20,42	50,82	90,56	82,37	119,00	137,20	37,13	0,45
A6	8,93	57,07	97,08	93,46	126,00	184,70	43,42	0,46

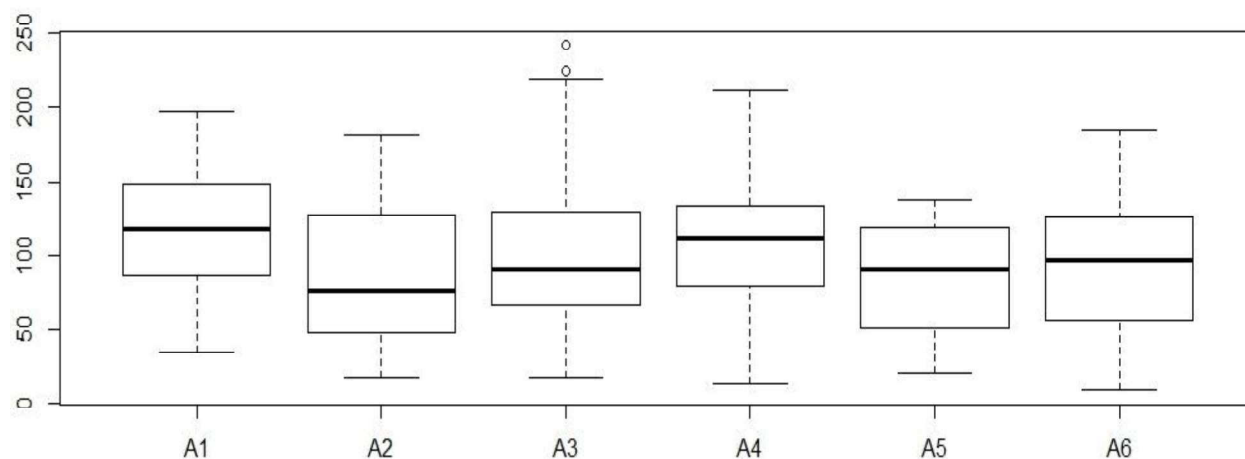


Figura 7: Gráfico boxplot para a produtividade (sacos/hectare) de cada ambiente.

Analisando as medidas descritivas para cada genótipo, como segue na Tabela 3, nota-se que o genótipo com maior média de produtividade é o G4 seguido do G2, com 132,60 sacos/hectare e 131,90 sacos/hectare, respectivamente. Com produtividade média de 60,54 sacos/hectare, o genótipo G6 é o que possui a menor média. Os coeficientes de variação ficaram todos entre 23% e 47%, sendo que estes extremos são referentes aos genótipos G2 e G7, respectivamente. Através do gráfico de boxplot da Figura 8, observa-se pontos de *outliers* em alguns genótipos, G2 com um ponto acima do limite superior e um abaixo do limite inferior, G3 com dois pontos excedendo o limite superior, e G4 com dois pontos abaixo do limite inferior.

Tabela 3: Medidas descritivas para a produtividade (sacos/hectare) de cada genótipo em estudo.

Genótipos	Mín	1º Quartil	Mediana	Média	3º Quartil	Máx	Desvio Padrão	CV
G1	19,51	86,49	116,10	115,10	140,60	211,20	37,52	0,33
G2	62,11	113,20	131,80	131,90	142,40	224,40	30,24	0,23
G3	35,59	89,87	113,40	114,50	136,40	241,60	38,23	0,33
G4	15,66	118,50	132,90	132,60	155,90	186,60	32,51	0,25
G5	8,93	46,36	64,07	63,26	78,13	113,40	25,58	0,40
G6	14,44	42,46	59,35	60,54	76,57	129,20	25,77	0,43
G7	11,65	48,96	65,46	68,80	92,91	141,80	32,09	0,47

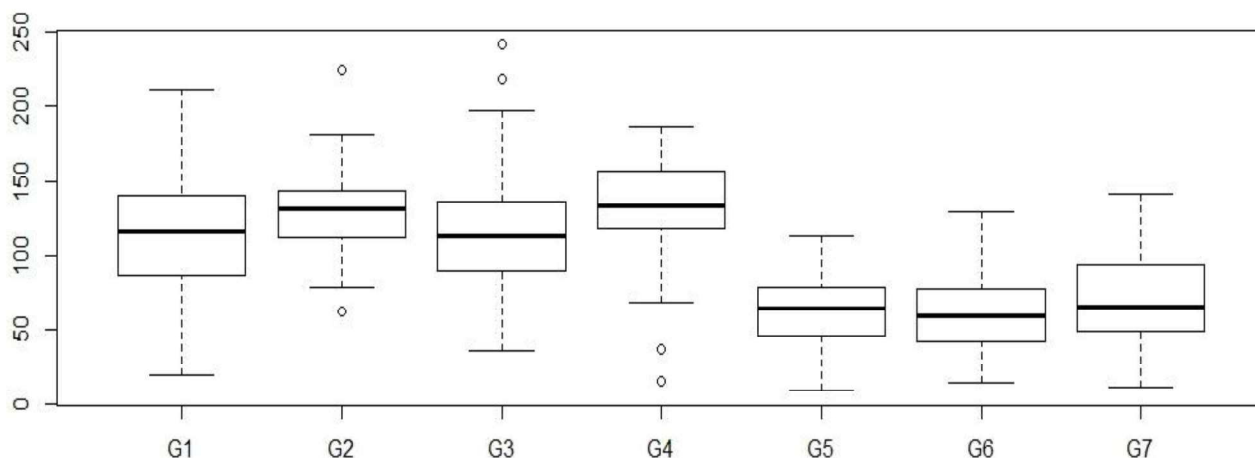


Figura 8: Gráficos boxplot para a produtividade (sacos/hectare) de cada genótipo.

A Tabela 4 apresenta uma matriz de médias da produtividade de cada genótipo em cada um dos ambientes. Através dessa tabela é possível analisar a variação das produtividades dos genótipos entre os ambientes, por exemplo, nota-se que o genótipo G1 possui as melhores médias de produtividade nos ambientes A1 e A3 (119,94 e 119,68 sacos/hectare, respectivamente), e a pior produtividade em A6, 99,93 sacos/hectare. Entretanto, para G3 o ambiente A6 está entre as três melhores médias juntamente com A1 e A4. Além disso, pode-se observar interações simples e complexas. Por exemplo, o genótipo G5 possui uma média de produtividade maior que a do G6 no ambiente A5, porém ao mudar para o ambiente A6, o genótipo G5 responde negativamente, enquanto o G6 positivamente, ocorrendo uma inversão de posições, caracterizando uma interação complexa. Para o caso de interação simples, tem-se o exemplo dos genótipos G6 e G7 nos ambientes A1 e A2, onde observa-se que os genótipos respondem em proporções diferentes à mudança de ambiente, porém o genótipo G7 mantém uma média de produtividade maior que a do G6.

Tabela 4: Matriz de médias de produtividade (sacos/hectare) para cada genótipo em cada ambiente.

	A1	A2	A3	A4	A5	A6
G1	119,94	108,78	119,68	114,60	111,84	99,93
G2	119,84	128,99	159,72	125,28	130,04	114,32
G3	123,73	80,21	110,86	117,73	80,78	112,95
G4	145,71	132,11	137,78	130,28	104,19	105,14
G5	61,62	49,97	76,26	86,19	53,20	34,88
G6	67,41	43,77	67,25	53,40	39,51	55,22
G7	116,39	63,55	63,66	74,31	50,82	11,67

A primeira parte do modelo AMMI, a parte aditiva, constitui-se de um modelo misto, com efeito aleatório em Rep(Ambiente), sendo este a repetição (ano) em cada ambiente analisado.

$$\text{Produtividade} = \text{Ambiente} + \text{Rep}(\text{Ambiente}) + \text{Genótipo} + \text{Ambiente} * \text{Genótipo} \quad (2)$$

A partir da ANOVA (Tabela 5) foi constatada diferença significativa em todas as fontes de variação do modelo, inclusive para a interação entre genótipos e ambientes, considerando significância de 5%. Além disso, para análise de resíduos foi feito um gráfico Normal Q-Q (Figura 9) e o teste de Shapiro-Wilk, onde apesar do gráfico apresentar alguns pontos nas extremidades distante da curva, obteve-se um valor p de 0,3368, indicando uma normalidade dos resíduos.

Tabela 5: Análise de variância do modelo AMMI em estudo.

	Gl	Soma dos Quadrados	Quadrado Médio	F	Valor-p
Ambientes	5,00	64.811,00	12.962,00	2,58	0,0494
Ano(Ambiente)	27,00	135.596,00	5.022,00	5,16	< 0,0001
Genótipos	6,00	414.668,00	69.111,00	71,05	< 0,0001
Amb * Gen	24,00	35.883,00	1.495,00	1,54	0,0492
Resíduos	54,00	636.148,00	973,00		

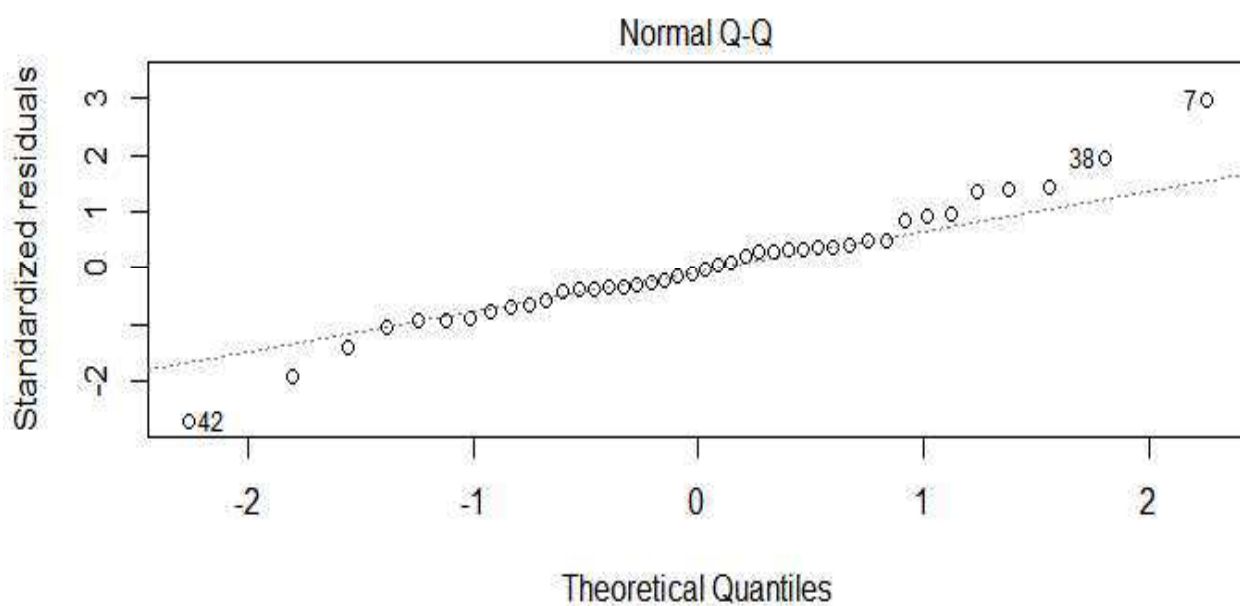


Figura 9: Gráfico Normal Q-Q para os resíduos padronizados.

Compondo a parte multiplicativa do modelo, a Tabela 6 traz a análise de componentes principais. Pelos resultados expostos na tabela, nota-se que apenas a primeira componente é significativa, com 5% de significância, explicando 56,70% da variação. Sendo assim, foi selecionado o modelo $AMMI_1$.

Tabela 6: Análise de componentes principais do modelo AMMI em estudo.

	(%)	(%) Acum.	GI	Soma dos Quadrados	Quadrado Médio	F	Valor-p
PC1	56,70	56,70	10,00	23.583,54	2.358,35	2,42	0,008
PC2	27,10	83,80	8,00	11.284,66	1.410,58	1,45	0,172
PC3	10,90	94,70	6,00	4.518,77	753,13	0,77	0,594
PC4	3,70	98,40	4,00	1.554,73	388,68	0,40	0,809
PC5	1,60	100,00	2,00	665,60	332,80	0,34	0,712

A Figura 10 traz um gráfico biplot com os escores da PC1 *versus* a produtividade, com o intervalo de confiança para a média dos escores dos genótipos $[-2,56; 2,56]$ na cor vermelha. A partir deste gráfico, pode-se ver que dentre os 7 genótipos em análise, os genótipos G1, G3, G4, G5 e G6, por estarem situados dentro do intervalo de confiança, podem ser considerados como estáveis. No entanto, apesar de serem estáveis, não se indicaria os genótipos G5 e G6, pois possuem uma produtividade média bem abaixo da média geral, sendo também os dois genótipos com menores médias de produtividade. O genótipo G7, além de possuir uma média de produtividade abaixo da média geral, possui um escore muito alto, ou seja, apresenta diferentes resultados de produtividade em diferentes ambientes, se tornando um genótipo com um comportamento desfavorável ao considerar estes dois fatores. Já o genótipo G2, apesar de ficar fora do intervalo de confiança, possui a maior média de produtividade, portanto ao avaliar sua adaptação aos ambientes, pode-se ver que possui uma ótima adaptação com A3, sendo então um genótipo atrativo quando se cultivado neste ambiente.

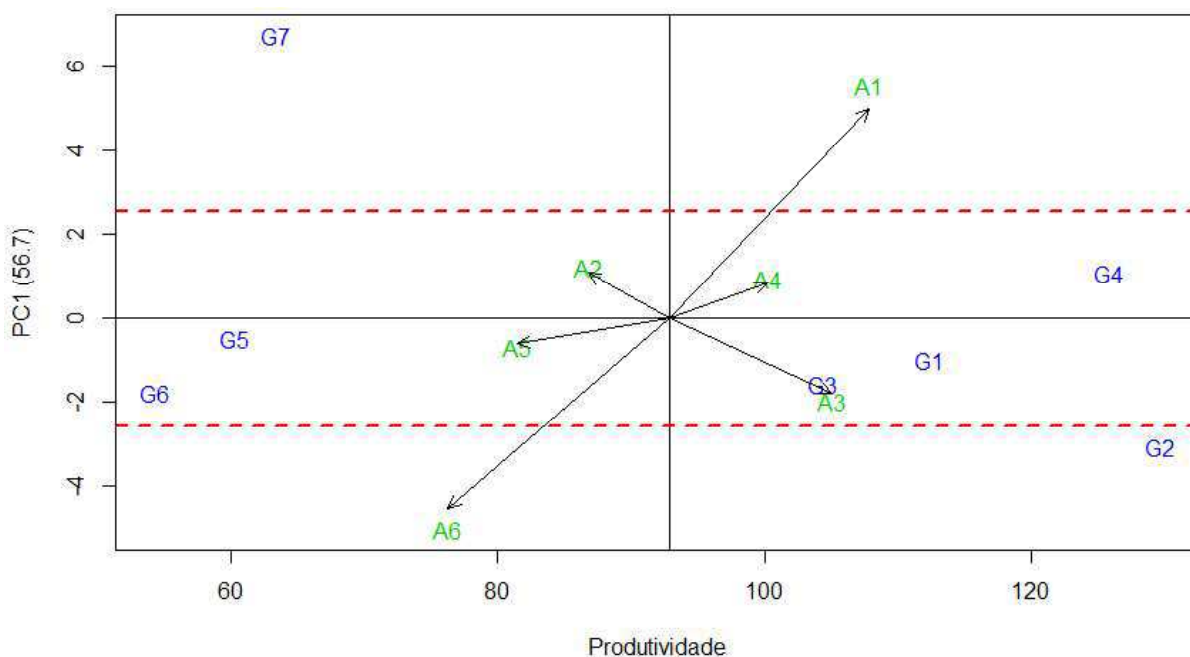


Figura 10: Gráfico biplot do modelo AMMI com intervalo de confiança (95%) para os escores dos genótipos em estudo.

No contexto de adaptabilidade, foi possível observar a adaptabilidade de cada genótipo em cada ambiente através do produto dos escores de cada genótipo com cada ambiente, como segue na Tabela 7. A partir destes resultados, quando o sinal do produto é positivo, pode-se concluir que existe um sinergismo adaptativo, porém, quando há um produto de sinal negativo, indica que há uma combinação desfavorável entre genótipo e ambiente. Sendo assim, analisando o genótipo G2, pode-se dizer que ele possui uma adaptação positiva nos ambientes A3, A5 e A6, e uma adaptação negativa com os demais. Essa análise fica mais visual ao observar a distribuição desses escores através do gráfico biplot da Figura 10. Assim, a análise é feita através do cosseno do ângulo formado entre o escore do genótipo e do ambiente, que indica o coeficiente de correlação entre estas duas variáveis. Além disso, de forma rápida, é possível notar se a relação é favorável ou não, observando se os escores do ambiente e genótipo analisado coincidem de estar nos dois quadrantes inferiores ou superiores. Neste contexto, de modo geral, pode-se dizer que os genótipos G4 e G7 possuem uma adaptação favorável nos ambientes A2, A1, e A4, e os genótipos G1, G2, G3, G4, G5 e G6 se adaptam melhor nos ambientes A5, A3 e A6.

Tabela 7: Matriz do produto dos escores de cada genótipo com cada ambiente

	A1	A2	A3	A4	A5	A6
G1	-5,40	-1,17	1,93	-0,91	0,65	4,89
G2	-16,93	-3,65	6,05	-2,85	2,05	15,34
G3	-8,70	-1,88	3,11	-1,47	1,05	7,89
G4	5,97	1,29	-2,13	1,01	-0,72	-5,41
G5	-2,58	-0,56	0,92	-0,44	0,31	2,34
G6	-9,76	-2,11	3,49	-1,64	1,18	8,84
G7	37,41	8,07	-13,37	6,30	-4,52	-33,89

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Através da análise AMMI pôde-se ver que dentre os 7 genótipos estudados, os genótipos G1, G3, G4, G5 e G6 podem ser considerados como estáveis. Portanto, não se indicaria os genótipos G5 e G6, pois apesar de serem estáveis, possuem uma produtividade média bem abaixo da média geral. Foi possível analisar também a adaptabilidade de cada genótipo em cada ambiente por meio do gráfico biplot e da matriz de produtos dos escores. A partir destes resultados, pode-se concluir que os genótipos G4 e G7 possuem uma adaptação favorável nos ambientes A1, A2, e A4, e os genótipos G1, G2, G3, G5 e G6 se adaptam melhor nos ambientes A3, A5 e A6. Dentre os genótipos estáveis, o G4 apresentou a maior média de produtividade, por outro lado, o G2 que está entre os genótipos considerados como não estáveis, além de possuir uma média acima do geral, possui a maior média de produtividade dentre todos os genótipos analisados. Sendo assim, analisando a adaptabilidade deste genótipo, nota-se que ele possui uma combinação favorável com o ambiente A3, tornando-se uma ótima indicação quando cultivado neste ambiente.

6. CONCLUSÃO

Foi possível estratificar os ambientes através do método AMMI utilizado, onde obteve-se a conclusão de que os genótipos G1, G3, G4, G5 e G6 são estáveis, portanto podem ser indicados amplamente. Por outro lado, os genótipos G2 e G7 não foram considerados estáveis. Portanto, analisando a adaptabilidade do genótipo G2, conclui-se que uma boa indicação de ambiente para cultivo é o ambiente A3, e da mesma forma para o genótipo G7, conclui-se que ele terá um comportamento favorável quando produzido no ambiente A2.

REFERÊNCIAS

AGROANALYSIS. **Semente é tecnologia.** Disponível em: <<http://www.agroanalysis.com.br/3/2014/conteudo-especial/semente-e-tecnologia-especial-abrasem>>. Acesso em: 11 de junho de 2016.

AMARAL, D. T.; **Novos projetos, velhas questões: A dimensão ambiental em PAS e PDSS na região nordeste do estado de São Paulo.** Dissertação da pós-graduação em desenvolvimento regional e meio ambiente. Araraquara, 2013.

ARAÚJO, L. B.; **Métodos de correção de autovalores e regressão isotônica nos modelos AMMI.** Dissertação de mestrado (Estatística e Experimentação Agronômica). Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

BUSANELO, C.; **Estudo da Adaptabilidade e estabilidade em híbridos simples e triplos de milho na região sul do Brasil.** Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Santa Maria, Frederico Westphalen, RS, 2012.

COSTA, E. F. N.; **Interação genótipos x ambientes em diferentes tipos de híbridos de milho.** Tese de doutorado (Genética e melhoramento de plantas). Universidade Federal de Lavras. Lavras, 2010.

CRUZ, J. C.; FILHO, I. A. P., **Cultivo do Milho.** Sistemas de Produção. Embrapa. ISSN 1679-012X Versão Eletrônica - 5ª edição, 2009. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho_5_ed/cultivares.htm>. Acesso em: 15 de Abril de 2016.

DUARTE, J. B.; VENKOVSKY, R.; **Interação Genótipos x Ambientes: Uma introdução à análise AMMI.** Sociedade Brasileira de Genética. Ribeirão Preto, 1999.

FARIA, P. N.; **Utilização de técnicas multivariadas na análise de divergência genética via modelo AMMI com reamostragem “bootstrap”.** Tese de doutorado (Estatística e Experimentação Agronômica). Piracicaba, 2012.

FERRAUDO, G. M.; **Comparação de modelos mistos, AMMI e Eberhart-Russel via simulação no estudo da interação genótipo x ambiente em cana de açúcar.** Tese de doutorado (Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Estadual Paulista. Jaboticabal, 2013.

GODOI, R. E. Z.; **Produção de sementes de milho híbrido**. Reportagem de capa - set/out 2008. Disponível em: <<http://www.seednews.inf.br/portugues/seed125/artigocapa125.shtml>>. Acesso em: 20 de janeiro de 2016.

MAPA; **Projeções do Agronegócio: Brasil 2014/15 a 2024/25**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 6ª edição. Brasília, 2015.

MARTIN, T. N. et al.; **Questões relevantes na produção de sementes de milho** –Primeira Parte. Revista da FZVA. Uruguaiana, v.14, n.1, p. 119-138. 2007

MARTINELLI, A. P.; **Método AMMI, GGE biplot, REML/BLUP e análise de fatores de estabilidade e estratificação de ambientes de safrinha para seleção de híbridos de milho**. Dissertação do programa de pós-graduação em agronomia. Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia, 2013.

MENDIBURU, F. **Agricolae: statistical procedures for agricultural research**. R package version 1.1-4. 2013. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/agricolae/agricolae.pdf>>. Acesso em: 17 de março de 2016.

Microsoft Office Professional Plus 2010. **Microsoft Excel**. Redmond, Estados Unidos, 2010. Disponível em: <<http://www.microsoft.com>>.

NUNES, J. L. S.; **Tecnologia de sementes - Produção de sementes de milho**. Disponível em: <<http://www.agrolink.com.br/sementes/TecnologiaSementes/SementesMilho.aspx>>. Acesso em: 14 de maio de 2016.

PESKE, S. T., **Sementes de Milho**. Revista SeedNews. Edição maio/junho 2014. Ano XVIII - N. 3. Disponível em: <http://www.seednews.com.br/_html/site/content/reportagem_capa/index.php?edicao=92>. Acesso em: 26 de Março de 2016.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna, Áustria: R Foundation for Statistical Computing, 2013. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/>>. Acesso em: 17 de março de 2016.

SELEME, R, B. **A evolução da biotecnologia na cultura do milho no Brasil**, Dupont Pioneer, 2013. Disponível em: <<http://www.pioneersementes.com.br/media-center/artigos/157/a-evolucao-da-biotecnologia-na-cultura-do-milho-no-brasil>>. Acesso em: 20 de maio de 2016.

SQUILASSI, G. M.; **Interação de genótipos com ambientes**. Aracaju: Embrapa, 2003. Disponível em <<http://www.cpatc.embrapa.br>>. Acesso em: 01 de Abril de 2016.

ANEXO A – Rotina utilizada no Software R.

```
## Pacote

library(agricolae)

## Base de dados

dados<-read.table("TCC_.txt",header=TRUE, dec=".")

attach(dados)

## Estatística Descritiva

summary(Produtividade)

hist(Produtividade)

shapiro.test(Produtividade)

tapply(Produtividade, Ambiente, summary)

boxplot(Produtividade~Ambiente)

tapply(Produtividade, Genotipo, summary)

boxplot(Produtividade~Genotipo)

## AMMI

model<-AMMI(Ambiente, Genotipo, Ano, Produtividade, MSE=0, console=TRUE, PC=TRUE)

model$ANOVA

model$PC

model$biplot

## Biplot PC1 vs Produtividade

plot(model,0,1,gcol=60,ecol=99,)

abline(h=2.5641, col="red", lty = 2, lwd = 2) # LS do IC para os escores do genótipo

abline(h=-2.5641, col="red", lty = 2, lwd = 2) # LI do IC para os escores do genótipo
```