

HERALDO NAMORATO DE SOUZA

**ANÁLISE AMMI E SREG DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X
AMBIENTES EM MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2004

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

S729a
2004

Souza, Heraldo Namorato de

Análise AMMI e SREG da interação genótipos x ambientes em milho / Heraldo Namorato de Souza. – Viçosa : UFV, 2004.

xi, 106f. : il. ; 29cm.

Orientador: Glauco Vieira Miranda
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 101-106

1. Milho – Interação genótipo-ambiente. 2. Marcadores genéticos. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 633.153

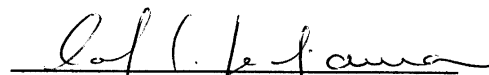
HERALDO NAMORATO DE SOUZA

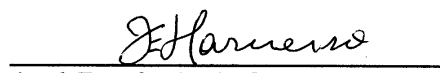
**ANÁLISE AMMI E SREG DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X
AMBIENTES EM MILHO**


Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.


APROVADA: 29 de março de 2004.


Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)


Prof. Carlos Sigueyuki Sedyama
(Conselheiro)


José Eustáquio de Souza Carneiro
(Membro)


Plínio César Soares
(Membro)


Prof. Glauco Vieira Miranda
(Orientador)

A Deus.

À minha esposa, Paula Márcia.

Ao meu filho, Filipe.

Aos meus pais, Sebastião Gonçalves de Souza e Neide Namorato de Souza.

Às minhas irmãs, Janaína, Silvana e Isabela.

Aos meus amigos.

Dedico.

AGRADECIMENTO

A Deus, pelo dom da vida e da inteligência, pelo auxílio de sempre em todos os momentos da minha vida, alegres ou tristes, concedeu-me força e vitória nas lutas enfrentadas e possibilitou-me alcançar mais este importante objetivo.

Ao povo brasileiro, que mantendo a escola pública e gratuita, do básico ao universitário por meio do pagamento dos impostos, me permitiu a conquista das oportunidades oferecidas.

À Universidade Federal de Viçosa, pelo acolhimento e, em especial, ao Departamento de Genética e Fitotecnia, pela oportunidade de realização deste Curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio financeiro por meio da concessão da bolsa.

À EMBRAPA-CNPMS, na pessoa do pesquisador Luiz André Corrêa, por disponibilizar os dados para a realização do trabalho de tese.

Ao professor Glauco Vieira Miranda, por ter acreditado em mim, pela dedicada e competente orientação, pelos ensinamentos transmitidos, pelo enorme incentivo, pela amizade, pela confiança, pela paciência e pelo exemplo de amor à pesquisa.

Ao professor Cosme Damião Cruz, por aceitar ser meu conselheiro, pela valiosa colaboração durante a realização do trabalho de dissertação e pelos ensinamentos como admirável professor.

Ao professor Carlos Sigukeyuki Sedyama, por aceitar ser meu conselheiro, pelos ensinamentos e pela compreensão das dificuldades encontradas.

Ao professor José Eustáquio de Souza Carneiro e ao pesquisador da EPAMIG - Viçosa, Plínio César Soares, por terem aceitado participar da banca examinadora.

A todos os professores que contribuíram para o meu crescimento profissional e humano.

Às secretárias do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Maria da Conceição L. Vieira e Rita de Cássia R. Cruz, que sempre me deram o apoio necessário.

Aos funcionários da Fitotecnia, José Roberto, Gino e Carlinhos, pela disposição e pelo comprometimento demonstrado na execução das atividades.

A todos os demais funcionários da UFV.

Aos colegas e estagiários do Programa Milho, no período de 2001 a 2003: Lauro, Leandro, Aurélio, Fidelis, Fernando, Birigui, Marcelo, Marcasso, Julien, Joice, Ronaldinho, Ricardo, Bárbara e Adilson, pelo companheirismo e pela colaboração que tornou o trabalho agradável.

A todos os amigos e colegas do curso que, certamente, contribuíram, direta ou indiretamente, para a conclusão deste objetivo.

Ao colega Dr. Carlos Alberto Osório Martins, pelo apoio no período inicial do curso, pela motivação, pelos aconselhamentos, pela amizade, pelo companheirismo e pela disposição de sempre me ajudar, desde os tempos de Escola Agrícola.

Aos colegas de república, Vilmar, Márcio, e Catalunha, pelo convívio democrático, motivador e alegre.

O meu profundo reconhecimento e a minha sincera gratidão, hoje e sempre.

BIOGRAFIA

HERALDO NAMORATO DE SOUZA, filho de Sebastião Gonçalves de Souza, ferroviário, e Neide Namorato de Souza, dona-de-casa, nasceu em 4 de março de 1967, no município de Cataguases, Estado de Minas Gerais.

Cursou o primário na Escola Estadual “Professora Carmelita Guimarães, em Cataguases, MG.

Em 1982, ingressou no ensino profissionalizante de Técnico em Agropecuária na Escola Agrotécnica Federal de Rio Pomba-MG, concluindo-o em 1984.

Em 1985, iniciou o curso superior na Universidade Federal de Viçosa, colando grau em março de 1990 como Engenheiro-Agrônomo. Na UFV, desenvolveu atividades de iniciação científica na área de Olericultura.

De 1990 até 2001, atuou como Engenheiro-Agrônomo na empresa Pioneer Sementes, em Itumbiara, Goiás, exercendo atividades de Técnico de Campo e em Unidade de Beneficiamento de Sementes Comercial e Básica, sendo por último Coordenador de Campo de Semente Básica.

Em 2001, iniciou o Programa de Pós-Praduação, em nível de Mestrado, em Genética e Melhoramento, sob a orientação do professor Glauco Vieira Miranda, defendendo tese em dia 29 de mês de março de 2004.

Em maio de 2003, ingressou por Concurso Público, na Petrobrás, trabalhando na Fábrica de Fertilizantes Nitrogenados, atuando como Engenheiro-Agrônomo em atividades de Assistência Técnica.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3.1. Instalação dos ensaios.....	11
3.2. Modelos estatísticos.....	13
3.2.1. Análise individual	13
3.2.2. Análise conjunta.....	17
3.3. Interação genótipos x ambientes e análise dos ambientes.....	21
3.3.1. Decomposição da interação em partes simples e complexa	22
3.3.2. Estratificação de ambientes	23
3.3.2.1. Estratificação de ambientes pelo método tradicional (interação genótipos X ambientes não-significativa)	23
3.3.2.2. Estratificação de ambientes por análise de fatores	24
3.4. Análises da adaptabilidade e estabilidade de comportamento dos cultivares	26

	Página
3.4.1. Método de Eberhart e Russell (1966)	26
3.4.2. Método AMMI (<i>Additive Main Effects and Multiplicative Interaction</i>)	29
3.4.2.1. Ajuste do modelo	32
3.4.2.1.1. Ajuste dos efeitos principais por ANOVA.....	33
3.4.2.1.2. Ajuste da interação G x A por DVS	35
3.4.2.2. Seleção do Modelo AMMI	36
3.4.2.2.1. Testes estatísticos para os componentes da $SQ_{G \times A}$	36
3.4.2.2.2. Predição de respostas genóticas por ambiente	38
3.4.2.3. Representação gráfica em biplot	40
3.4.3. Método SREG (<i>Sites Regression</i>) – GGE (<i>Genotype and Genotype-Environment Interaction</i>) biplot	42
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4.1. Considerações gerais sobre híbridos de milho de ciclo precoce avaliados em Minas Gerais.....	46
4.1.1. Produtividade de grãos	46
4.2. Interação genótipos x ambientes e análise dos ambientes.....	47
4.2.1. Estratificação de ambientes pelo método tradicional.....	54
4.2.2. Decomposição da interação G x A significativa em partes simples e complexa.....	57
4.2.3. Estratificação de ambientes por análise de fatores	61
4.3. Adaptabilidade e estabilidade de comportamento dos cultivares	65
4.3.1. Método de Eberhart e Russell (1966)	65
4.3.2. Método AMMI (<i>Additive Main Effects and Multiplicative Interaction</i>)	73
4.3.3. Método SREG (<i>Sites Regression</i>) – GGE (<i>Genotype and Genotype-Environment interaction</i>) Biplot	84
4.4. Considerações finais.....	95
4.4.1. Safra 1988/1999.....	95
4.4.2. Safra 1999/2000.....	97
5. CONCLUSÕES	99
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	101

RESUMO

SOUZA, Heraldo Namorato de, M. S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2004. **Análise AMMI e SREG da Interação Genótipos X Ambientes em Milho**. Orientador: Glauco Vieira Miranda. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Carlos Siqueyuki Sedyama.

A avaliação de cultivares e a identificação de mega-ambientes são os objetivos mais importantes em ensaios de avaliação de cultivares. Com este propósito foram avaliados, nas safras 1998/1999 e 1999/2000, os dados de produtividade de milho precoce do Ensaio Nacional no Estado de Minas Gerais, objetivando não apenas o conhecimento do desempenho dos cultivares comerciais e pré-comerciais, mas, principalmente, avaliar por meio da comparação das metodologias multivariadas AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) e SREG (*Sites Regression*) de análise de interação genótipos x ambientes. Estas metodologias também possuem propriedades de estratificação de ambientes e de avaliação de adaptabilidade. Realizou-se comparação com outras metodologias tradicionais e com metodologia multivariada recém-proposta por Murakami (2001), com base na análise de fatores. O desempenho dos cultivares foi analisado mediante a utilização de análises de variância, metodologias de adaptabilidade e estabilidade. As análises AMMI e SREG apresentaram como vantagens o fato de explicarem uma maior parcela da soma de quadrados da interação $G \times A$ e possibilitar

uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística. Apesar de possuírem propriedades metodológicas de análise semelhantes, os resultados diferiram, na maioria das vezes, entre as análises AMMI e SREG. A análise SREG por incorporar o efeito de genótipo e por este na maioria dos casos estar altamente correlacionado com os escores do primeiro componente principal, possui a vantagem de permitir a avaliação gráfica direta do efeito de genótipo. O desenho de setores no biplot apresentado por Yan et al. (2000) e a análise SREG identificam com melhor propriedade a existência de mega-ambientes graficamente, prestando-se ao zoneamento agrônomico. Como limitações das análises AMMI e SREG podem-se citar o requisito de dados balanceados, a explicação de apenas uma pequena porção da total da soma de quadrados G ou $G + G \times A$, respectivamente, e a perda da medida de incerteza, pois não permitem o cálculo de uma hipótese em particular. A metodologia para estratificação de ambientes com base na técnica multivariada de análise de fatores mostrou-se eficiente em reunir locais pela similaridade de desempenho dos cultivares. Os agrupamentos de ambientes formados pela estratificação ambiental e a capacidade de discriminação de genótipos foram em parte coincidentes pelas metodologias utilizadas na avaliação dos dados. Dadas as condições de realização dos ensaios, alguns cultivares se destacaram por sua produtividade média, por seus resultados nas análises de estabilidade e pela adaptabilidade. Na safra 1998/1999, os genótipos P 30F33 e P 3041 se notabilizaram pelas suas produtividades e estabilidade através dos ambientes de avaliação. Na safra 1999/2000, o destaque foi o genótipo 98 HS 16B. Os ambientes Patos de Minas 2 e Uberlândia 2 se destacaram pela coincidência no agrupamento pela unanimidade das metodologias utilizadas, levando a inferir o forte caráter de homogeneidade edafoclimática pela proximidade geográfica, altitudes semelhantes e de localização nos Cerrados. Também a homogeneidade de manejo agrícola, praticada para estes dois ambientes, teve importância. As análises AMMI e SREG apresentaram propriedades importantes e adequadas ao estudo da interação genótipo x ambientes, sendo recomendadas suas utilizações pelos melhoristas de plantas.

ABSTRACT

SOUZA, Heraldo Namorato de, M.S., Universidade Federal de Viçosa, March 2004. **AMMI and SREG analyses of the genotype X environment interaction in maize.** Adviser: Glauco Vieira Miranda. Committee Members: Cosme Damião Cruz and Carlos Sigueyuki Sedyama.

The evaluation and identification of mega-environments are the major objectives in cultivar evaluation trials. Thus, the Minas Gerais National Trials data on early maize productivity were evaluated during 1998/1999 and 1999/2000, aiming not only to understand the performance of commercial and pre-commercial cultivars but especially to evaluate them by comparing the multivariate AMMI methodologies (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) and SREG (*Sites Regression*) of genotype x environments interaction analysis. Such methodologies also have environment stratification and adaptability evaluation properties. Comparison was made to other traditional methodologies and to the multivariate methodology recently proposed by Murakami (2001), based on factor analysis. Cultivar performance was analyzed by using variance analyses, and adaptability and stability methodologies. The AMMI and SREG analyses had the advantages of explaining a greater portion of the square sum of G x A interaction and allowing an easy graphic interpretation of the statistical analysis results. Despite having similar analysis methodological properties, the AMMI and SREG analyses

results differed most of the times; the latter for incorporating the genotype effect and since, in most cases, it is highly correlated with the scores of the principal first component, having the advantages of allowing the direct graphic evaluation of the genotype effect. The sector design in the biplot presented by Yan et al. (2000) and the SREG analysis could better identify the existence of mega-environments graphically, being suitable for agronomical zoning. The AMMI and SREG analyses presented the following disadvantages: the requirement of balanced data, the explanation of only a small portion of the total sum of the squares G or $G + G \times A$, respectively, and loss of uncertainty measurement, since it did not allow the calculation of a hypothesis in particular. The methodology applied for environment stratification based on factor analysis multivariate technique was found to be efficient in grouping locations based on cultivar performance similarity. The environment groupings formed by environmental stratification and genotype discrimination capacity coincided in part with the methodologies applied to data evaluation. Given the assay performance conditions, some cultivars stood out for their average productivity and stability and adaptability analysis results. In the 1998/1999 harvests, the genotypes P 30F33 and P 3041 presented outstanding productivities and stability in the evaluated environments. In the 1999/2000 harvest, the genotype 98 HS 16B was the most outstanding. The environments Patos de Minas 2 and Uberlândia 2 stood out for coinciding in the grouping for unanimous methodology application, leading to infer the strong character of edaphoclimatic homogeneity due to geographic proximity, similar altitudes and locations in the cerrados. Homogeneity of the agricultural management practiced in these two environments was also important. The AMMI and SREG analyses presented important properties adequate to the study of genotype x environment interaction, their application being thus recommended by plant breeders.

1. INTRODUÇÃO

O entendimento das influências do genótipo e do ambiente na interação genótipos x ambientes ($G \times A$) é importante em todas as fases de um programa de melhoramento, incluindo a suposição de um ideótipo, o estabelecimento da população-base, a seleção da produtividade e as outras características de interesse e recomendação de cultivares.

A obtenção de genótipos produtivos com menor interação com o ambiente tem sido um dos objetivos perseguidos pelos melhoristas, na busca do desenvolvimento de novos cultivares, com garantia de produtividade superior através de ambientes contrastantes (locais, épocas, anos etc.).

A interação $G \times A$ constitui a principal dificuldade para seleção de genótipos nas gerações segregantes e a recomendação de cultivares para grandes regiões geográficas. Nas primeiras fases de seleção do programa de melhoramento, as avaliações dos genótipos são geralmente realizadas em um só local e, conseqüentemente, as estimativas da variância genética são acrescidas do componente de variância da interação $G \times A$. Nas fases finais do melhoramento, os ensaios são conduzidos em vários ambientes que podem ser as combinações de vários locais, anos e ou épocas. Desta forma, é possível isolar o componente de variância da interação $G \times A$, porém a intensidade de seleção é elevada, uma vez que já se encontra nas fases finais do programa de melhoramento, fazendo com que o ganho genético seja de pequena magnitude. Assim, os efeitos principais de genótipos e ambientes não podem

ser interpretados de forma isolada e deve-se considerar a interação $G \times A$ (Mandel, 1971; Kang e Magari, 1996).

O entendimento das causas de interação $G \times A$ pode ser usado para estabelecer os objetivos do melhoramento, identificar a condição ideal de teste e formular a recomendação regional de cultivares com melhor adaptação (Yan et al., 2000).

Com o objetivo de diminuir o efeito da interação $G \times A$, estudos da estratificação ambiental devem ser realizados para conhecimento das regiões com que se está trabalhando, propiciando recomendações de cultivares mais adequados. No entanto, a estratificação não é a solução definitiva, pois sempre existirá interação, mesmo de pequena magnitude, devido a fatores incontroláveis, como temperatura, chuvas, pragas e doenças etc. (Murakami, 2001).

Também conforme Murakami, (2001), as metodologias para análises de estabilidade e adaptabilidade fornecem informações que possibilitam conhecer a estabilidade e adaptabilidade de genótipos para condições gerais ou específicas (favoráveis ou desfavoráveis). Esse fato restringe a análise dos genótipos a essas situações e não oferecem meios para se fazer inferências para outras condições ambientais intermediárias. Numa rede de ensaios, certamente há diversos ambientes, de modo que apenas a classificação favorável ou desfavorável simplifica demasiadamente as reais situações. No entanto, metodologias que realizam estratificação ambiental não fazem análises de estabilidade e adaptabilidade e, assim, não se aproveitam das informações da estratificação ambiental de forma a obter uma análise integrada do banco de dados.

Este trabalho foi realizado com objetivo principal de utilizar as metodologias de análise AMMI e SREG apresentada por Yan et al. (2000), com a análise de adaptabilidade e estabilidade desenvolvida por Murakami (2001) e as metodologias tradicionais estratificação ambiental pelo método convencional, com base na interação genótipos \times ambientes não-significativa; quantificar e caracterizar o tipo (simples ou complexo) da interação genótipos \times ambientes. As metodologias foram avaliadas considerando as suas capacidades de discriminação de genótipos e agrupamento dos ambientes por meio da estratificação ambiental, com base nas respostas diferenciais dos

genótipos nos ambientes. Em segundo lugar, buscou-se, com este trabalho, conhecer o desempenho do comportamento produtivo de cultivares comerciais de milho de ciclo precoce no Estado de Minas Gerais.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Ensaio com várias combinações de locais e épocas, portanto, ambientes distintos, são conduzidos anualmente em várias partes do mundo por instituições públicas de melhoramento de plantas e por companhia de sementes. O objetivo primário é identificar cultivares superiores para uma região específica para serem cultivados em safras futuras nestes mesmos ambientes, e avaliar sua estabilidade nestes ambientes antes de seu lançamento comercial. O objetivo secundário é compreender o comportamento ambiental da região específica e, em particular, determinar se esta região pode ser subdividida em diferentes locais. A existência destes locais tem sido a principal conclusão dos estudos em pesquisa com ensaios em vários ambientes e são pré-requisitos importantes para avaliação e recomendação de cultivares (Yan e Hunt, 1998).

Dados de pesquisa são de alto custo econômico e preciosos pelos valores informativos de seus conteúdos, porém raramente são completamente utilizados devido à limitação da capacidade de interpretação das metodologias à disposição. Assim, a utilização de imagens gráficas como ferramentas são altamente desejáveis, senão absolutamente necessárias, para o completo entendimento de grandes bancos de dados com complexas interconexões e interações.

Embora várias metodologias tenham sido propostas ao longo dos últimos trinta anos, visando mitigar os desafios impostos pela interação $G \times A$,

os pesquisadores atuais continuam buscando instrumentos estatísticos ainda mais eficientes nessa tarefa. Entre os métodos tradicionais, alguns permitem estratificar a população de ambientes em sub-regiões, dentro das quais a interação não se mostre significativa, denotando a chamada estratificação ambiental, chamada de zoneamento agrônômico por Duarte e Vencovsky, (1999), permitindo, assim, recomendações regionalizadas (Brasil, 1990; Duarte e Zimmermann, 1991).

Outros métodos procuram identificar os genótipos com menor contribuição para a interação $G \times A$, chamados de genótipos estáveis e que poderiam ser recomendados para toda a população de ambientes, desde que mostrem também um desempenho médio desejável. Nessa última categoria, são de maior uso os métodos de regressão linear simples (Finlay e Wilkinson, 1963; Eberhart e Russell, 1966; Silva e Barreto, 1985; Cruz et al., 1989).

Numerosos métodos têm sido usados na busca do entendimento da $G \times A$ (van Eeuwijk et al., 1996). Estes métodos podem ser categorizados dentro de duas principais estratégias. A primeira estratégia envolve análise de regressão fatorial da matriz $G \times A$ (a matriz de produtividade após a remoção dos efeitos principais de genótipo e ambientes) *versus* fatores ambientais ou características genéticas ou combinações destas características (Baril et al., 1995, citados por Yan e Hunt, 2001a). A segunda estratégia envolve correlação ou análise de regressão entre escores de genótipo e ambiente, derivados de análise de componentes principais da matriz de covariância da interação $G \times A$.

Frensham et al. (1998) e Vargas et al. (1998; 1999), usaram métodos que pertenciam à primeira estratégia. Frensham et al. (1998), usaram a primeira estratégia quando analisaram dez anos de dados de avaliação de cultivares de aveia (*Avena sativa* L.) na Austrália, incorporando várias co-variâncias genéticas dentro de um modelo mixto. Os autores observaram que a interação do tipo de planta (altura de planta e tipo de grão) com o ambiente explicaram 50% da interação $G \times A$ observada.

Vargas et al. (1998) usaram o procedimento de regressão dos mínimos quadrados parciais nos estudos das causas da interação $G \times A$ em vários bancos de dados de ensaios em vários ambientes. Este procedimento envolve regressão parcial da matriz interação $G \times A$ *versus* algumas variáveis derivadas da análise de componentes principais de características explicativas ou variáveis ambientais. O procedimento de regressão parcial foi introduzido por

Vargas et al. (1998) para evitar o problema de multicolinearidade existente quando se utilizam grandes números de variáveis explicativas.

A segunda estratégia está associada com o uso de biplots, cujo uso é motivado pelo surgimento de novos procedimentos aplicados às análises estatísticas e também pela pouca eficácia das análises usuais. Biplots são úteis por sumarizar padrões de respostas que existem em dados originais (Gabriel, 1971; 1978). Os gráficos biplots são representações de escores de genótipos e ambientes do primeiro componente principal *versus* escores de genótipos e ambientes do segundo componente principal.

Dentre as novas análises estatísticas propostas para a interpretação da interação $G \times A$ com base no uso de biplots, a análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) se destaca pelo maior conjunto de interpretações técnicas disponíveis na análise (Duarte e Vencovsky, 1999). A análise AMMI interpreta interação $G \times A$ como componente multiplicativo e a submete à análise por componentes principais. Seu biplot é chamado por GE biplot. por Yan et al. (2000).

A análise AMMI é mais parcimoniosa que o modelo de análise de variância convencional em descrever interação $G \times A$ e fornece melhor escopo para modelar e interpretar interação $G \times A$ que a regressão linear simples com base nas médias ambientais, pois a interação $G \times A$ pode ser modelada em mais de uma dimensão (Vargas et al., 1999).

Apesar do uso generalizado, os métodos com base em regressão possuem limitações que têm sido freqüentemente relatadas na literatura (Duarte e Vencovsky, 1999). Crossa (1990) argumenta que a análise de regressão linear não é informativa se a linearidade falhar, e é altamente dependente do grupo de genótipos e ambientes incluídos e tende a simplificar modelos de resposta, explicando a variação devida à interação, em uma única dimensão, quando na realidade ela pode ser multidimensional, tornando-se bastante complexa. Acrescenta-se, aqui, o fato destes procedimentos, em geral, não informarem sobre interações específicas de genótipos com ambientes (se positivas ou negativas), não possibilitando explorar vantajosamente os efeitos da interação. Crossa (1990) sugere que a aplicação de métodos multivariados pode ser útil para melhor explorar as informações contidas nos dados.

Zobel et al. (1988), citados por Duarte e Vencovsky, (1999), também reforçam a tese de que procedimentos univariados, como a análise de variância (ANOVA), possuem limitações em detectar interação de fatores, mesmo em situações de elevada magnitude em termos de soma de quadrados. Exemplificam casos em que a soma de quadrados de interação $G \times A$ atinge 20 a 50% da soma de quadrados total e, mesmo assim, o quadrado médio da interação $G \times A$ não atinge significância estatística a 5% de probabilidade. Acrescentam que a regressão linear também explica, na maioria das vezes, apenas uma pequena porção da soma de quadrados de $G \times A$. Ademais, enquanto o método AMMI captou 71% dessa soma de quadrados, a análise pela regressão linear de Finlay e Wilkinson (1963) só o fez para 7,9%. Concluíram, então, que só uma análise apropriada permitiria captar padrões agrônômica e estatisticamente importantes presentes na interação $G \times A$, e que o método AMMI mostrou-se bastante promissor nesse sentido.

Os trabalhos precursores da análise AMMI são atribuídos, conforme citações de Gauch e Zobel (1996) e de De Cauwer e Ortiz (1998), especialmente a Fisher e Mackenzie (1923), Gilbert (1963), Gollob (1968) e Mandel (1969; 1971). Entre as denominações iniciais recebidas pela metodologia estão: FANOVA, MI, ACP duplamente centrada e análise biplot.

Aplicações na agricultura foram estimuladas, um pouco mais tarde, por Kempton (1984), utilizando-as na análise de ensaios com trigo e, em seguida, por Gauch (1985; 1986). Zobel et al. (1988), estudando a interação $G \times A$ em ensaios com soja, *Glycine max* (L.) Merril. e Gauch (1988), introduziram-na ao aplicá-la adicionalmente na análise de dados de experimentos, para garantir maior precisão e eficiência à análise.

A análise AMMI combina, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação $G \times A$. Gauch e Zobel (1996) informam que essa análise pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, como na realização de zoneamento agrônômico, com fins de recomendação regionalizada e seleção de locais de teste. Zobel et al. (1988) sustentam que o método AMMI permite uma análise mais detalhada da interação $G \times A$, garante a seleção de genótipos produtivos (capazes de capitalizar interações positivas com ambientes), propicia estimativas mais

precisas das respostas genóticas e possibilita uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística.

Quando informações de variáveis ambientais externas como informações meteorológicas ou caracterização de solos estão disponíveis e também características genóticas ou fenotípicas como dados fisiológicos, precocidade, suscetibilidade a doenças, marcadores genéticos, dentre outras, podem ser correlacionadas com os escores genóticos e ambientais estimados pelo AMMI. As informações destas regressões podem ser sobrepostas no biplot AMMI juntos com escores genóticos e ambientais (van Eeuwijk, 1995), de forma que a interpretação da produtividade de grãos explicada pela interação $G \times A$ é possível. Porém, as informações de variáveis ambientais externas não podem ser diretamente utilizadas no modelo AMMI.

Neste sentido, trabalhos utilizando o modelo AMMI foram realizados por Gauch e Zobel (1996), em que estudaram a interação entre ciclo de genótipos e fotoperíodo, na busca de uma modelagem que explicasse interação $G \times A$.

Em outro trabalho, van Oosterom et al. (1993) concluíram que a interação ciclo *versus* déficit hídrico foi responsável pela interação $G \times A$, observada em cevada (*Hordeum vulgare* L.), em ensaios em vários locais conduzidos na Síria e África.

Posteriormente, outros estudos mostraram que a interação ciclo *versus* estresse hídrico e calor em milheto [*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.], na Índia (van Oosterom et al., 1996), e interações da ciclo *versus* estresse por baixa temperatura e altura de planta *versus* estresse hídrico para trigo, na Itália, (Annicchiarico e Perenzin, 1994) foram responsáveis pela interação $G \times A$ observada. Outros exemplos nesta categoria foram citados por Gauch e Zobel (1996) e van Eeuwijk (1996), propondo um método que impõe a co-variância entre genótipos e ambientes no biplot GE, de forma que algumas causas de interação $G \times A$ possam ser visualizadas. Recentemente, este procedimento foi adotado por Vargas et al. (1999) no estudo das causas da interação $G \times A$ em trigo.

Embora as estratégias possam diferir em amplos aspectos, é comum verificar que os diferentes métodos levam a conclusões semelhantes para um conjunto de dados específicos. Por exemplo, Baril et al. (1995) compararam regressão fatorial e os escores, com base na análise AMMI em batata-inglesa (*Solanum tuberosum* L.), de um conjunto de dados, e obtiveram a mesma

conclusão para a interação entre ciclo e estresse por frio ou calor na explicação da interação $G \times A$ na produtividade de batata-inglesa. Usando o método de van Eeuwijk (1996), método de regressão pelos mínimos quadrados parciais e o método de regressão fatorial, Vargas et al. (1999), também obtiveram conclusões similares. Portanto, demonstra-se que a qualidade dos dados é mais importante que o método de análise no entendimento da interação $G \times A$.

Se informações adicionais de características dos cultivares (características genóticas e fenotípicas), outros modelos estatísticos, incluindo modelos de regressão fatorial (Denis, 1988; van Eeuwijk et al., 1996) e regressão por mínimos quadrados parciais (Aastveit e Martens, 1986; Talbot e Wheelwright, 1989; Vargas et al., 1998) podem ser usados para determinar qual destas variáveis ambientais ou características dos cultivares influenciam a interação $G \times A$ para a produtividade de grãos.

Kempton (1984) foi o primeiro a aplicar os princípios básicos que norteiam a análise GGE no estudo da interação cultivar *versus* fungicida. Porém, foi Yan et al. (2000) que propuseram, de forma direcionada e estruturada, a análise GGE (*Genotype e Genotype-Environment Interaction*) para o uso no estudo da interação $G \times A$.

A análise GGE consiste na modificação da análise AMMI originalmente proposta. A análise GGE agrupa o efeito de genótipo, que é um efeito aditivo, com a interação $G \times A$, efeito multiplicativo e submetem estes, os efeitos, à análise de componentes principais, chamada de SREG (*Sites Regression*). Seu biplot é chamado de GGE biplot, conforme descrição de Yan et al. (2000).

A metodologia GGE biplot tem sido reconhecida como uma metodologia revolucionária na abordagem com análise gráfica bidimensional para melhoramento e pesquisa genética, incluindo, também, análise de estabilidade e adaptabilidade na recomendação de cultivares, destacando-se das demais técnicas pela sua alta eficiência estatística na explicação da interação $G \times A$. Esta técnica integra a análise de variância com componentes principais e demonstra eficiência superior na explicação de uma maior proporção da soma de quadrados da interação, quando comparada com a análise de variância e regressão conjunta.

GGE biplot pode auxiliar na interpretação de dados do tipo interação $G \times A$ para qualquer característica, sendo a de maior importância, a

produtividade; genótipo x marcador genético; combinação de todos citados acima; QTL x ambiente; local x fator físico; dialelos; genótipos hospedeiros x raças de patógenos; quaisquer outros dados de experimentos fatoriais que envolvem dois fatores ou matriz de dados bidimensionais.

Murakami (2001) apresentou metodologia inovadora de agrupamentos de ambientes com base na análise de fatores. O critério sugerido para agrupamentos dos ambientes é baseado nas cargas fatoriais finais, conforme descrito por Johnson e Wichern (1992). Esta nova metodologia foi pioneira em utilizar a técnica de análise de fatores no estudo da interação genótipos x ambientes, notadamente, na estratificação ambiental, constituindo um marco na biometria aplicada ao melhoramento genético com enorme contribuição para a genética quantitativa.

Conforme Murakami (2001), a técnica de análise de fatores foi inicialmente desenvolvida por psicólogos. Durante anos adquiriu linguagem e técnica própria e seu uso foi limitado em razão da complexidade dos cálculos envolvidos. Porém, com o desenvolvimento computacional, esta técnica tem sido retomada, abrangendo as mais diversas áreas.

Segundo Yan et al. (2000), embora as abordagens metodológicas das análises difiram entre si, diferentes métodos de análises, usualmente, levam às mesmas ou semelhantes conclusões para um dado conjunto de dados analisados. Os mesmos autores afirmaram que a qualidade dos dados experimentais é mais importante que o método de análise, constituindo a maior limitação no entendimento da interação $G \times A$.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Instalação dos ensaios

O trabalho foi baseado nos dados obtidos da Rede Nacional de Avaliação de Cultivares de Milho, realizado pelo Ensaio Nacional de Milho nos anos agrícolas de 1998/1999 e 1999/2000, utilizando cultivares com período de maturação classificado como de ciclo precoce, nos municípios do Estado de Minas Gerais. Os Ensaio Nacionais de Milho são coordenados pela Embrapa Milho e Sorgo, com representantes da ABRASEM (Associação Brasileira dos Produtores de Sementes) e da pesquisa oficial, e sua condução no campo é feita cooperativamente.

Foram avaliados 42 cultivares na safra 1998/1999, em ensaios instalados em dez municípios. Em 1999/2000 foram avaliados 49 genótipos em nove ambientes. A relação dos ambientes e suas características estão apresentadas nas Tabelas 1 e 2.

Os delineamentos experimentais utilizados foram o látice retangular de 7 x 6, na safra 1998/1999, e látice quadrado 7 x 7, na safra 1999/2000.

Todos os ensaios tiveram duas repetições; as parcelas foram constituídas de duas fileiras de 5 m com 0,90 m entre linhas e o estande final foi de aproximadamente 50.000 plantas por hectare.

Tabela 1 – Relação dos locais dos ensaios em Minas Gerais, instituições realizadoras e safras

Locais	Instituições Realizadoras	Safras
Capinópolis (CA)	Universidade Federal de Viçosa (UFV)	1988/1999 e 1999/2000
Coimbra (CO)	UFV	1988/1999 e 1999/2000
Indianópolis (ID)	FT Pesquisas e Sementes (FT)	1988/1999
Inhaúma (IH)	Santa Helena Sementes (SH)	1988/1999 e 1999/2000
Janaúba (J)	Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS)	1988/1999 e 1999/2000
Lavras (L)	Universidade Federal de Lavras (UFLA)	1988/1999 e 1999/2000
Patos de Minas - 1 (P1)	Agromen Sementes Agrícolas Ltda. (AGROMEN)	1988/1999
Patos de Minas - 2 (P2)	Sementes Ribeiral – (SR) e Aventis, em 1999/20000	1988/1999 e 1999/2000
Ponte Nova (PN)	UFV	1988/1999
Sete Lagoas (SL)	CNPMS	1988/1999 e 1999/2000
Uberlândia - 1 (U1)	Novartis Seeds Ltda. (NS)	1988/1999 e 1999/2000
Uberlândia - 2 (U2)	Mitla Pesquisa Agrícola Ltda. (Mitla) e Aventis, em 1999/2000	1988/1999 e 1999/2000

Tabela 2 – Relação dos locais dos ensaios em Minas Gerais, altitude e vegetação nativa predominante

Locais	Altitudes (m)	Biomias
Capinópolis (CA)	620	Cerrado
Coimbra (CO)	720	Floresta Tropical Expansão da Mata Atlântica
Indianópolis (ID)	809	Cerrado
Inhaúma (IH)	746	Cerrado
Janaúba (J)	530	Transição Cerrado/Caatinga
Lavras (L)	940	Cerrado bastante alterado pelo Homem
Patos de Minas - 1 (P1)	872	Cerrado
Patos de Minas - 2 (P2)	872	Cerrado
Ponte Nova (PN)	431	Floresta Tropical Expansão Mata Atlântica
Sete Lagoas (SL)	740	Cerrado
Uberlândia - 1 (U1)	832	Cerrado
Uberlândia - 2 (U2)	832	Cerrado

Os dados de produtividade dos locais Patos de Minas – 1, Patos de Minas – 2 e Uberlândia – 2, na safra 1998/1999, e Patos de Minas 2, Uberlândia – 2 e Janaúba, na safra 1999/2000, originalmente, foram coletados em espiga e posteriormente foram convertidos para produtividade em grãos, utilizando o fator de correção de 0,82.

Os tratos culturais, compreendendo adubação de plantio, adubação de cobertura, controle de plantas daninhas, controle de pragas e outras práticas, foram realizados de acordo com a recomendação e costume da região onde os ensaios foram realizados.

A relação das empresas e os cultivares participantes nos ensaios são apresentados na Tabela 3.

Os dados de produtividade, em grãos, com umidade variando de 10 a 13% na base seca, obtidos nos ensaios, foram utilizados nas análises.

3.2. Modelos estatísticos

Foi considerado como sendo de efeitos fixos as fontes de variação genótipos e ambientes e de efeito aleatório a fonte de variação blocos nas análises de variâncias.

Foi utilizado o programa estatístico SAS, versão 8, para a realização das análises individuais e análises conjuntas.

3.2.1. Análise individual

O modelo estatístico utilizado na safra 1998/1999 foi o modelo com base na análise de variância individual em látice retangular (ANOVALR), com p parcelas de $p(p+1)$ genótipos, em p blocos, segundo Cochran e Cox (1957), adaptado de Silva et al. (1999), para látice retangular, usando a quarta análise proposta por estes autores. A análise foi realizada como delineamento em blocos casualizados (DBC) completos, utilizando-se as médias ajustadas dos genótipos da análise com recuperação da informação interblocos, e tendo como quadrado médio do resíduo a variância efetiva média desta mesma análise com recuperação da informação interblocos.

Tabela 3 – Relação de empresas produtoras de sementes com os respectivos cultivares de milho, utilizados no ano agrícola de 1998/1999 e 1999/2000

Ensaio	Empresas	Cultivares
1998/1999	Agrisan	983-P
	Agro Maiz	HATA 3052
	Agrocere	AG 5011, AG 5016 e AG 8014
	Agroeste	AS 3466 e AS 523
	Agromen	AGROMEN 2E2
	Braskalb	XL 355, XL 357 e XL 550
	Cargil	C 701, C 747, CX 9610 e CX 9856
	Colorado	CO 32 e CO 34
	COODETEC	CD 3121
	Dina Milho Carol	DINA 1000 e DINA 657
	EMBRAPA	BRS 3060-A, HT 47 C, HT 7105-3 e HT 971011
	Mitla	MTL 9729 e MTL 9877
	Novartis	G 182 C, G 186 C e NB 6077
	Pioneer	P 30F33, P 30F45, P 3041 e P 3071
	R & G Sementes	R&G 01E
	Santa Helena Sementes	SHS 4040 e SHS 5060
	Semeali	XB 7011 e XB 8010
Zeneca	Z 8392, Z 8466, Z 8410 e Z 8420	
1999/2000	Agrocere	AG 6690 e MTC 817 U
	Agroeste	AS 1533 e AS 3466
	Agromen	AGROMEN 2E2
	Cargil	MTC 833 N, C444 e C747
	Colorado	OC 705, CO 32, CO 34 e CO E 9743
	COODETEC	CD 3121, CDX 97SO1 e CDX 99 TO 5
	Dina Milho Carol	DINA 1000 e DINA 500
	EMBRAPA	97 HT 15bC, 97 HT 18bC, 98 HT 19 A, BRS 3150, HT 2628-9, HT 7105-3, HT 97 1011 e 98 HS 16B
	Mitla	AX 4646, AX 2560 e AX 3565
	Novartis	NB 5318 e NB 7228
	Planagri	PL 6403, PL 6440 e PL 6443
	Pioneer	P 3041, P 30F33 e P 30R07
	R & G Sementes	R&G 01E
	Santa Helena Sementes	SH-50 Ex556, SH-70 Ex309, SHS 4040 e SHS 5060
	Semeali	XB 7012, XB 8010
Zeneca	Z 8410, Z 8420, Z 8486, Z 8460, Z 8490 e Z 8392	

O esquema da análise de variância (ANOVALR) encontra-se na Tabela 4.

Tabela 4 – Esquema da análise de variância individual para látice retangular em cada local, para o ano agrícola 1998/1999

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições		SQR	V_b	
Genótipos	$p^2 + p - 1$	SQG (Ajust.)*	Q_2	Q_2/Q_1
Blocos	rp			
Resíduo Intra-Bloco	$(r-1)(p^2-1)-k$	QMRIB	V_r	
Resíduo (Efetivo) considerando DBC	$(r-1)(p^2+p-1)$	QMRDBC	Q_1	
Total	$rp^2 + rp - 1$			

As médias dos genótipos ajustadas foram submetidas à análise considerando o delineamento em blocos casualizados.

O modelo estatístico para o DBC foi

$$Y_{ik} = m + G_i + B_k + e_{ik}$$

em que

Y_{ik} é o valor ajustado do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos), na repetição k ($k = 1, 2, \dots, r$ repetições);

m é uma constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada para dado ambiente;

G_i é o efeito fixo do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos);

B_k é o efeito aleatório da repetição r ; e

e_{ik} é o erro aleatório associado à observação Y_{ik} .

Sob duas restrições $\sum_{i=1}^g \hat{G}_i = 0$ e $\sum_{k=1}^r \hat{B}_k = 0$ e tendo os seguintes estimadores:

- média estimada ajustada: $\hat{m} = \frac{Y_{..}}{gr}$

- efeito de genótipo ajustado: $\hat{G}_i = \frac{Y_{i.}}{r} - \hat{m}$; e

- efeito de blocos: $\hat{B}_k = \frac{Y_{.k}}{g} - \hat{m}$.

As somas dos quadrados foram obtidas por meio das expressões a seguir, conforme Silva et al. (1999).

$$Q_2 = \frac{SQG(ajust.)^*}{g-1}$$

em que

$$SQG(ajust.)^* = r \left[\sum_i \hat{m}_i^2 - \frac{\left(\sum_i \hat{m}_i \right)^2}{g} \right], \text{ com}$$

r é o número de repetições;

g é o número de genótipos;

\hat{m}_i média ajustada do genótipo i , obtida da análise do látice com recuperação da informação interblocos; e

Q_1 é a variância efetiva média, da análise do látice com recuperação da informação interblocos (V_r'), que é dada por

$$Q_1 = V_r' = \left\{ 1 + \left[\frac{r}{(r-1)(p+1)} - \frac{(V_b - V_r)}{V_b} \right] \right\} \cdot V_r$$

em que

p é o número de parcelas em cada bloco;

V_b é o quadrado médio da análise intrablocos, correspondente à fonte de variação blocos dentro de repetições (ajustado); e

V_r é o quadrado médio do resíduo intrablocos.

- Eficiência relativa do delineamento em látice

A eficiência relativa dos experimentos montados em látice da análise com recuperação da informação interblocos, em relação aos blocos casualizados completos, foi calculada pela fórmula:

$$Ef(\%) = \frac{V_r}{V_r'} 100$$

O modelo estatístico utilizado na safra 1999/2000 foi a análise de variância individual em látice quadrado (ANOVALQ) de $p \times p$ genótipos, em p blocos, de p parcelas, segundo Cochran e Cox (1957) e Silva et al. (1999), usando a quarta análise utilizada por estes autores. Sendo a análise realizada como delineamento em blocos casualizados completos, utilizando-se as médias ajustadas dos genótipos da análise com recuperação da informação interblocos, e tendo como quadrado médio do resíduo a variância efetiva média desta mesma análise com recuperação da informação interblocos.

O esquema da análise de variância (ANOVALQ) encontra-se na Tabela 5.

Tabela 5 – Esquema da análise de variância individual para látice quadrado em cada local, para o ano agrícola 1999/2000

FV	GL	SQ	QM	F
Repetições	$r - 1$	SQR	V_b	
Genótipos	$p^2 - 1$	SQG (Ajust.)	Q_2	Q_2/Q_1
Blocos/repetição	$r(p - 1)$			
Resíduo intrablocos	$(p - 1)(rp - p - 1)$	QMRIB	V_r	
Resíduo (efetivo) considerando DBC	$(p^2 - 1)(r - 1)$	QMRDBC	Q_1	
Total	$rp^2 - 1$			

Utilizou-se o mesmo modelo estatístico para o DBC, as mesmas expressões para o látice quadrado no cálculo das somas de quadrados, variâncias e eficiência relativa em relação ao DBC para ANOVALR.

3.2.2. Análise conjunta

Utilizou-se como critério para agrupamento dos ensaios, a fim de proceder a análise conjunta e reunir em um mesmo grupo, aqueles ensaios

cujos quadrados médios residuais que não ultrapassem uma relação aproximada do maior pelo menor de 7:1, garantindo grau adequado de homogeneidade das variâncias dos erros (Pimentel-Gomes, 1987).

Para a análise de variância conjunta do látice retangular para o ano agrícola 1998/1999, foi utilizado o modelo 4, proposto para látice quadrado por Regazzi et al. (1999), adaptando-se para látice retangular, sendo realizada como blocos casualizados completos, utilizando as médias ajustadas dos tratamentos da análise do látice com recuperação da informação interblocos, e tendo como quadrado médio do resíduo a média dos resíduos (variância efetiva média), das análises individuais, desta mesma análise, considerando efeito fixo para genótipo e ambiente e efeito aleatório para bloco. Segundo Regazzi et al. (1999), esta é uma alternativa de análise aproximada muito utilizada pelos melhoristas de plantas.

Os esquemas das análises de variância conjunta encontram-se nas Tabelas 6 e 7.

Tabela 6 – Esquema da análise de variância conjunta para látice retangular, para o ano agrícola 1998/1999

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Rep./Locais	$a(r-1)$	SQB/A	Q5	$s^2 + gs_{b/a}^2$
Ambientes	$a-1$	SQA	Q4	$s^2 + gs_{b/a}^2 + rfg_a$
Blocos/Rep./Local (Ajust.)*	$ar(p-1)$			
Genótipos (Ajust.)	$g-1$	SQTrat. (Ajust.)	Q3	$s^2 + raf_g$
G x A	$(g-1)(a-1)$	SQTrat x A	Q2	$s^2 + rf_{ga}$
Resíduo Médio	$a(k^2(r-1) - p + 1)$		Q1	s^2
Total	$agr - 1$			

* apenas para demonstrar que os graus de liberdade foram utilizados na recuperação da informação interblocos, produzindo as médias ajustadas dos genótipos usadas no modelo DBC.

Tabela 7 – Esquema da análise de variância conjunta para látice quadrado, para o ano agrícola 1999/2000

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Rep./Locais	$a(r-1)$	SQB/A	Q5	$s^2 + gs_{b/a}^2$
Ambientes	$a-1$	SQA	Q4	$s^2 + gs_{b/a}^2 + r g f_a$
Blocos/Rep./Local (Ajust.)	$ar(p-1)$			
Genótipos (Ajust.)	$g-1$	SQTrat. (Ajust.)	Q3	$s^2 + r a f_g$
G x A	$(g-1)(a-1)$	SQTrat x A	Q2	$s^2 + r f_{ga}$
Resíduo Médio	$a(p-1)(rp-p-1)$		Q1	s^2
Total	$agr-1$			

* apenas para demonstrar que os graus de liberdade foram utilizados na recuperação da informação interblocos, produzindo as médias ajustadas dos genótipos usadas no modelo DBC.

As médias ajustadas dos genótipos em cada ambiente foram submetidas à análise conjunta, considerando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + G_i + A_j + B/A_{jk} + e_{ijk}$$

em que

Y_{ijk} é o valor ajustado do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos), no ambiente j ($j = 1, 2, \dots, a$ ambientes) e na repetição k ($k = 1, 2, \dots, r$ repetições);

m é uma constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada;

G_i é o efeito fixo do genótipo ajustado i ($i = 1, 2, \dots, g$ genótipos);

A_j é o efeito fixo do ambiente j ($j = 1, 2, \dots, a$ ambientes);

GA_{ij} é o efeito da interação do i -ésimo genótipo com o j -ésimo ambiente;

B/A_{jk} é o efeito do k -ésimo bloco dentro do j -ésimo ambiente; e

e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} .

As somas dos quadrados foram obtidas por meio das expressões a seguir:

$$SQA = r \left[\frac{1}{g} \sum_{j=1}^a \hat{m}_{.p}^2 - \frac{\hat{m}_{..}^2}{ga} \right];$$

$$SQG(\text{ajust.})^* = r \left[\frac{1}{a} \sum_{i=1}^g \hat{m}_{i.}^2 - \frac{\hat{m}_{..}^2}{ga} \right];$$

$$SQG \times A = SQG, A - SQG(\text{ajust.})^* - SQA, \text{ com}$$

$$SQG, A = r \left[\sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^a \hat{m}_{ij}^2 - \frac{\hat{m}_{..}^2}{ga} \right],$$

em que

\hat{m} é a média ajustada do genótipo i no ambiente j .

O quadrado médio do resíduo desta análise (Q1) é a média aritmética ponderada dos quadrados médios dos resíduos das análises individuais.

No presente trabalho, no qual os resíduos das análises individuais para cada local j ($j = 1, 2, \dots, a$) têm o mesmo número de graus de liberdade, tem-se que:

$$Q_1 = \left(\sum_{j=1}^a Q_j^* \right) / a,$$

em que

Q_j^* é a variância efetiva média, da análise do látice com recuperação da informação interblocos para o local j dada por:

$$Q_j^* = \left\{ 1 + \left[\frac{r}{(r-1)(p+1)} \cdot \frac{(V_b - V_r)}{V_b} \right] \right\} \cdot V_r$$

em que

V_b é o quadrado médio, da análise intrablocos, correspondente à fonte de variação blocos dentro de repetições (ajustado); e

V_r é o quadrado médio do resíduo intrablocos.

Nas análises individuais, onde ocorreu $V_b < V_r$, tomou-se $V_b - V_r = 0$.

O quadrado médio das repetições dentro de locais (Q5) foi calculado como a média dos quadrados médios de repetições das análises individuais (V_b), que, por sua vez, foram obtidos a partir das médias não ajustadas dos tratamentos. Desse modo, sua única finalidade é a de permitir um teste aproximado da significância do quadrado médio dos ambientes (Pacheco, 1997).

O modelo estatístico da análise conjunta, as expressões nos cálculos das somas de quadrados, variâncias e eficiências relativas utilizados no látice quadrado para o ano agrícola 1999/2000 são as mesmas utilizadas para o látice retangular ano agrícola 1998/1999, conforme o modelo 4, proposto para látice quadrado, por Regazzi et al. (1999).

3.3. Interação genótipos x ambientes e análise dos ambientes

Para que a interação genótipos x ambientes possa ser detectada, é necessário que os diferentes genótipos sejam avaliados em dois ou mais ambientes contrastantes. O teste F, significativo para interação genótipos x ambientes, indica que o grupo de genótipos apresenta comportamento diferenciado em, pelo menos, um dos ambientes, mas não revela qual é responsável pela interação. Assim, o conhecimento do comportamento dos genótipos e dos ambientes é de fundamental importância para o estabelecimento de subgrupos de ambientes, cuja interação seja nula ou mínima, para que a recomendação de cultivares seja feita com maior segurança possível.

3.3.1. Decomposição da interação em partes simples e complexa

A interação de natureza simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, enquanto a de natureza complexa é dada pela falta de correlação de comportamento entre genótipos, indicando a inconsistência da superioridade dos genótipos com a variação ambiental, ou seja, o mesmo genótipo com desempenho superior em um ambiente, mas não será em outro, tornando difícil a indicação de cultivares ou mesmo a realização de seleção (Cruz e Regazzi, 1997). O predomínio da interação do tipo complexo dificulta a seleção e, ou, a indicação de genótipos devido à inconsistência da superioridade dos genótipos nos ambientes. Assim, medidas que controlem ou amenizem os efeitos dessa interação devem ser tomadas para que as recomendações tenham maior confiabilidade (Ramalho et al., 1993).

A decomposição da interação em partes simples e complexa foi realizada segundo as metodologias propostas por Robertson (1959) e Cruz e Castoldi (1991). A partição do quadrado médio da interação genótipos x ambientes (QMGxA), proposta por Robertson (1959), foi dada pela expressão:

$$QMGxA = \text{simples (S)} + \text{complexa (C)}$$

em que

$$S = \frac{1}{2} \left(\sqrt{Q'_1} - \sqrt{Q'_2} \right)^2 \text{ e } C = (1-r) \sqrt{Q'_1 Q'_2}$$

sendo Q'_1 e Q'_2 os quadrados médios de genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e r a correlação entre médias de genótipos nos dois ambientes.

A decomposição proposta por CRUZ e CASTOLDI (1991) estabelece que a parte complexa seja obtida pela expressão $\sqrt{(1-r)^3 Q'_1 Q'_2}$. Os autores acreditam ponderar, de modo mais eficiente, a contribuição da correlação e da diferença de variabilidade genotípica nos ambientes, sendo, portanto, mais adequada.

3.3.2. Estratificação de ambientes

A estratificação de ambientes pela análise de interação genótipos x ambientes é uma das estratégias amplamente utilizadas pelos melhoristas.

3.3.2.1. Estratificação de ambientes pelo método tradicional (interação genótipos X ambientes não-significativa)

Este método consiste em estimar a soma de quadrados para interação entre genótipos e pares de ambientes e agrupar aqueles cuja interação seja não-significativa. Estabelecido o primeiro par de ambientes, o método prossegue com a estimação da soma de quadrados entre genótipos e grupos de três ambientes, e assim sucessivamente. O teste de significância do efeito de interação na formação dos grupos é realizado usando o valor F, como pode ser verificado em Cruz e Regazzi (1997). A estimativa da soma de quadrados entre genótipos e pares de ambientes ($SQGA_{jj'}$), em nível de média de parcelas, pode ser obtida, de modo prático, conforme descrito em Cruz e Regazzi (1997), pela fórmula:

$$SQGA_{jj'} = q_{jj'} = \frac{1}{2} \left[d_{jj'}^2 - \frac{1}{g} (Y_{.j} - Y_{.j'})^2 \right], \text{ sendo } d_{jj'}^2 = \sum_i (Y_{.ij} - Y_{.ij'})^2$$

em que

$d_{jj'}^2$, expressa o quadrado da distância euclidiana entre os ambientes j e j', com base no comportamento médio dos g cultivares.

A estimativa da soma de quadrados entre genótipos e três ambientes é

$$\text{obtida por } SQGA_{(jj'k)} = \frac{2}{n} (q_{jj'} + q_{jk} + q_{j'k}) = \frac{2}{n} (S_{jj'k})$$

em que

n = número de ambientes considerados na interação; e

$S_{jj'k}$ = somatório das somas de quadrados da interação entre genótipos e combinações, dois a dois, dos ambientes j, j' e k.

E, de modo análogo, são determinadas as outras somas de quadrados entre genótipos e ambientes. O teste F, para verificar a significância das interações, é dado por:

$$F = \left[\frac{q_{jj'}}{(n-1)(g-1)} \right] / \frac{QMR}{r}$$

em que

- n = número de ambientes considerados no grupo;
- g = número de genótipos;
- r = número de repetições; e
- QMR = quadrado médio do resíduo da análise conjunta.

3.3.2.2. Estratificação de ambientes por análise de fatores

A análise de fatores é uma técnica multivariada que permite reduzir um número elevado de variáveis originais observadas em pequeno número de variáveis abstratas, os fatores, que podem ser independentes ou correlacionados, e cada fator reúne variáveis originais fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente correlacionadas com as dos outros fatores (Johnson e Wichern, 1992). Desse fato, a análise de fatores pode estabelecer subgrupos de ambientes de tal modo a haver altas correlações da variável produtividade de grãos dentro de subgrupos e baixa ou nenhuma entre subgrupos. Sob essas pressuposições, foi proposta a utilização da análise de fatores como alternativa auxiliar na estratificação ambiental.

O modelo de análise de fatores é

$$Y_j = I_{j1}F_1 + I_{j2}F_2 + \dots + I_{jm}F_m + e_j,$$

em que

Y_j é a produtividade de grãos no local $j = 1, 2, \dots, a$;

I_{jk} é a carga fatorial para a j -ésima variável associada ao k -ésimo fator,

sendo

$k = 1, 2, \dots, m;$

F_k é o k -ésimo fator comum; e

e_j é o fator específico.

A carga fatorial inicial representa a correlação entre a variável j e o fator k , de modo que $I_{jk} = I_{ij}^2 V_{ij}^2$,

sendo

I_{ij}^2 o i -ésimo autovalor maior que 1 obtido da matriz de correlações fenotípicas; e

V_{ij} o j -ésimo elemento do i -ésimo autovetor.

A fração da variância de Y_j explicada pelos fatores chama-se *comunalidade*, e é representada por $C_j = I_{j1}^2 + I_{j2}^2 + \dots + I_{jm}^2$. A análise de fatores procura explicar o máximo da variação em Y_j com o menor número possível de fatores, tornando e_j mínimo. De maneira geral, tem-se determinado o número de fatores finais igual ao número de autovalores superiores à unidade existente na matriz de correlações fenotípicas das variáveis padronizadas. Neste trabalho, estabeleceu-se o número de fatores finais como igual ao número de autovalores maiores que 1. No entanto, nos casos em que a proporção da variabilidade, explicada pelos autovalores maiores que 1 foi baixa consideraram-se mais outros fatores até obter proporção adequada de variabilidade, geralmente maior que 80% da variação total.

O agrupamento de ambientes foi baseado nas cargas fatoriais finais, conforme descrito por Johnson e Wichern (1992). Cargas fatoriais superiores ou iguais a 0,70 e de sinal positivo indicam ambientes com alto padrão de similaridade e são agrupadas dentro de cada fator; cargas fatoriais baixas ($\leq 0,5$) não se agrupam, e cargas fatoriais com valores intermediários não garantem nenhuma definição de agrupamento.

Os dados foram processados com o auxílio do programa GENES (Cruz, 1997; Cruz, 2001).

3.4. Análises da adaptabilidade e estabilidade de comportamento dos cultivares

3.4.1. Método de Eberhart e Russell (1966)

A metodologia de Eberhart e Russell (1966) baseia-se na análise de regressão linear, que mede a resposta de cada genótipo às variações ambientais. Os coeficientes de regressão de cada genótipo em relação ao índice ambiental e os desvios dessa regressão proporcionam, respectivamente, estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (Cruz e Regazzi, 1997). O modelo de regressão adotado foi dado por

$$Y_{ij} = b_{0i} + b_{1i}I_j + d_{ij} + \bar{e}_{ij}$$

em que

Y_{ij} média de produtividade de grãos (kg/ha) do genótipo i , no ambiente j ;

$b_{0i} = Y_{i.}$ é a constante da regressão e representa a média geral do genótipo i ;

$b_{1i} = \frac{\sum_j Y_{ij}I_j}{\sum_j I_j^2}$ é coeficiente da regressão linear que mede a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente;

$I_j = \frac{1}{g} \sum_i Y_{ij} - \frac{1}{ag} Y_{..}$ índice ambiental codificado, em que se verifica

$\left(\sum_j I_j = 0 \right)$, sendo a ambientes e g genótipos;

d_{ij} desvio da regressão; e

\bar{e}_{ij} erro experimental médio.

As somas de quadrados são obtidas pelo método de mínimos quadrados, de modo que os estimadores sejam

$$C = \text{correção} = \frac{Y_{i.}^2}{a}$$

$$SQ_{(\text{total da regressão})} = SQ(A / G_i) = r \left(\sum_j Y_{ij}^2 - \frac{(Y_{i.})^2}{a} \right)$$

$$SQ_{(\text{regressão})i} = \frac{r \left(\sum_j Y_{ij} l_j \right)^2}{\sum_j l_j^2}$$

$$SQ(A \text{ linear}) = SQA = \sum_i SQ(\text{regressão})_i$$

$$SQ(A/G) = SQA + SQGA = \sum_i SQ(A / G_i)$$

$$SQ_{(\text{desvio})i} = SQ_{(\text{total da regressão})} - SQ_{(\text{regressão})i}$$

$$SQ(A/G \text{ desvio}) = SQ(A \text{ desvio}) + SQ(GA \text{ desvio}) = \sum_i SQ(\text{desvio})_i$$

$$SQ(GA \text{ linear}) = SQGA = \frac{r \sum_i \left(\sum_j Y_{ij} l_j \right)^2}{\sum_j l_j^2} - SQA$$

$$\hat{s}_{di}^2 = \frac{\sum_j \hat{d}_{ij}^2}{(a-2)} = \frac{QMD_i - QMR}{r}, \text{ sendo}$$

$$QMD_i = \frac{r}{a-2} \left[\sum_j Y_{ij}^2 - \frac{Y_{i.}^2}{a} - \frac{\left(\sum_j Y_{ij} l_j \right)^2}{\sum_j l_j^2} \right]$$

Para o cálculo do desvio da regressão (R_i^2 (%)) utiliza-se a expressão

$$R_i^2 (\%) = \frac{SQ_{(\text{regressão})i}}{SQ_{(\text{total da regressão})}} \cdot 100$$

O esquema da análise de variância com a decomposição da soma de quadrados de ambientes/genótipos encontra-se na Tabela 8.

Tabela 8 – Análise de variância com a decomposição da soma de quadrados de ambientes/genótipos segundo o método de Eberhart e Russell (1966)

FV	GL	SQ
Blocos/Ambientes	$a(r-1)$	-
Genótipos (G)	$g-1$	-
Ambientes (A)	$a-1$	SQA
G x A	$(a-1)(g-1)$	SQGA
A/G	$g(a-1)$	SQA + SQGA
A linear	1	SQAI
GA linear	$g-1$	SQGAi
Desvio combinado (A/G)	$g(a-2)$	SQDc
Desvio/G ₁	$a-2$	SQD ₁
Desvio/G ₂	$a-2$	SQD ₂
...
Desvio/G _g	$a-2$	SQD _c
Resíduo	$a(r-1)(g-1)$	SQR

Assim, pela metodologia destes autores, é considerado que um genótipo com coeficiente de regressão superior a 1,0 tem comportamento consistentemente melhor em ambientes favoráveis, enquanto um que apresenta coeficiente de regressão inferior a 1,0 é tido como de desempenho relativamente melhor em ambientes desfavoráveis. A magnitude e a significância da variância dos desvios da regressão dão uma estimativa da previsibilidade do material genético.

Eberhart e Russell (1966) consideram como genótipo ideal aquele que apresenta alta produção média, coeficiente de regressão igual a 1,0 e desvios da regressão tão pequenos quanto possíveis.

Quanto à adaptabilidade, classificam-se em:

a) genótipos com adaptabilidade geral ou ampla: são aqueles com b_{1j} igual a 1;

b) genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis: são aqueles com b_{1j} maior que 1; e

c) genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis: são aqueles com b_{1j} menores que 1.

A estabilidade é avaliada pelo componente de variância atribuído aos desvios da regressão (s_{di}^2), sendo verificados os seguintes tipos de genótipos:

- a) genótipos com estabilidade ou previsibilidade alta: são aqueles com s_{di}^2 igual a 0;
- b) Genótipos com estabilidade ou previsibilidade baixa: são aqueles com s_{di}^2 maiores que 0.

3.4.2. Método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*)

A análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) combina num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos e de ambientes e componentes multiplicativos para o efeito da interação (Duarte e Vencovsky, 1999). Assim, a resposta média de um genótipo i , num ambiente p , é dada por:

$$Y_{ij} = \mathbf{m} + G_i + A_j + \sum_{K=1}^n \mathbf{I}_k \mathbf{g}_{ik} \mathbf{a}_{jk} + \mathbf{r}_{ij} + \mathbf{e}_{ij} \quad (2)$$

com GA_{ij} modelado por: $\sum_{K=1}^n \mathbf{I}_k \mathbf{g}_{ik} \mathbf{a}_{jk} + \mathbf{r}_{ij}$.

Sob as restrições: $\sum_i G_i = \sum_j A_j = \sum_i (GA)_{ij} = \sum_j (GA)_{ij} = 0$, além da média geral (\mathbf{m}) e do erro experimental médio \mathbf{e}_{ij} , os demais termos do modelo resultam da chamada *Decomposição por Valores Singulares* (DVS) da matriz de interações: $GA_{(gxa)} = [GA_{ij}]$. A matriz de interações é obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais, por ANOVA, aplicada à matriz de médias $Y_{(gxa)} = [Y_{ij}]$. Assim, \mathbf{I}_k é o k -ésimo valor singular de GA (escalar) e $\mathbf{e}_{k(gx1)}$ e $\mathbf{a}'_{k(1xa)}$ são os respectivos valores singulares (vetor coluna e vetor linha) associada a \mathbf{I}_k (Good, 1969; Mandel, 1971; Piepho, 1995). Logo, \mathbf{g}_{ik} e \mathbf{a}_{jk} são os elementos relacionados ao genótipo i e ao ambiente j dos vetores

$\hat{e}_{k(gx1)}$ e $\hat{a}'_{k(1xa)}$, respectivamente. O índice k ($k = 1, 2, \dots, m$; onde $m = \min\{g-1, a-1\}$, é o posto de GA) tomado até n no somatório ($n < m$), determina uma aproximação de mínimos quadrados para a matriz GA pelo n primeiros termos da DVS (Good, 1969; Gabriel, 1978); deixando o resíduo adicional denotado por r_{ij} . Para $n = m$ não se tem mais a aproximação e sim a decomposição exata da matriz implicando em r_{ij} nulo.

Os componentes aditivos e multiplicativos podem ser escritos da seguinte forma:

$$Y_{ij} = \underbrace{m + G_i + A_j}_{\text{parte aditiva}} + \underbrace{\sum_{k=1}^m I_k g_{ik} a_{jk}}_{GA_{ij}: \text{multiplicativa}} + e_{ij}$$

$$Y_{ij} = m + G_i + A_j + \sum_{k=1}^n I_k g_{ik} a_{jk} + \sum_{k=n+1}^m I_k g_{ik} a_{jk} + e_{ij}$$

com $n < m$ e $\sum_{k=n+1}^m I_k g_{ik} a_{jk} = r_{ij}$.

Sob o ponto de vista da análise de componentes principais, além dos termos já definidos anteriormente, tem-se ainda as seguintes correspondências:

I_k é a raiz quadrada do k -ésimo autovalor das matrizes $(GA)(GA)'$ e $(GA)'(GA)$ (de iguais autovalores não nulos) $\rightarrow I_k^2$ é o k -ésimo autovalor;

g_{ik} é o i -ésimo elemento (relacionado ao genótipo i) do k -ésimo autovetor de $(GA)(GA)'$ associado a I_k^2 ; e

a_{jk} é o j -ésimo elemento (relacionado ao ambiente j) do k -ésimo autovetor de $(GA)'(GA)$ associado a I_k^2 .

Note-se que o termo GA_{ij} (interação no modelo tradicional) é agora descrito como uma soma de m parcelas, cada uma resultante da multiplicação de I_k expresso na mesma unidade de Y_{ij} por um efeito genotípico g_{ik} e um

efeito ambiental a_{jk} ambos adimensionais. O termo I_k traz uma informação relativa à variação devida à interação $G \times A$, na k -ésima parcela, de forma que a soma das m parcelas recompõe toda a variação $\left(SQ_{G \times A} = \sum_{k=1}^m I_k^2 \right)$. Os efeitos g_{ik} e a_{jk} representam os pesos do genótipo i e do ambiente j , naquela parcela da interação $\left(I_k^2 \right)$.

Pela abordagem AMMI não se busca recuperar toda a $SQ_{G \times A}$, mas apenas a parcela mais fortemente determinada por genótipos e ambientes (linhas e colunas da matriz GA), ou seja, o padrão (parte determinística ou sistemática). Assim, a interação do genótipo i com o ambiente j é descrita por:

$$\sum_{k=1}^n I_k g_{ik} a_{jk}, \text{ descartando-se o resíduo adicional } r_{ij} \text{ dado por: } \sum_{k=n+1}^m I_k g_{ik} a_{jk}.$$

Aqui, como na *análise por componentes principais* (ACP), esses eixos captam, sucessivamente, porções cada vez menores da variação presente na matriz GA ($I_1^2 \geq I_2^2 \geq I_3^2 \dots \geq I_m^2$). Por isso, o método AMMI é visto como um procedimento capaz de separar *padrão* e *ruído* na análise da

$$SQ_{G \times A} : \sum_{k=1}^n I_k g_{ik} a_{jk} \text{ e } \sum_{k=n+1}^m I_k g_{ik} a_{jk}, \text{ respectivamente (Weber et al., 1996).}$$

Por padrão entende-se a lei geral de formação da matriz e que governa a interação $G \times A$, explicada pelos n primeiros termos da DVS ou eixos da ACP. O exame desses eixos possibilita a identificação de fatores ambientais e genéticos mais diretamente relacionados à interação. A porção ruído, presente em GA , mas não fortemente determinada por genótipos e ambientes (linhas e colunas da matriz), é descartada, buscando-se melhorar a capacidade preditiva do modelo. Isso traz benefícios diretos à seleção de genótipos (Zobel et al., 1988). Estes aspectos são tidos como vantagens do método AMMI em relação àqueles mais tradicionais. Acrescenta-se o fato de a análise AMMI considerar isoladamente e de forma multiplicativa, os efeitos de interação (causa da não-aditividade nos efeitos principais).

3.4.2.1. Ajuste do modelo

O ajuste do modelo por quadrados mínimos é obtido, para dados balanceados, em duas etapas seqüenciais (Zobel et al., 1988): i) os efeitos principais, na parte aditiva (média geral, efeitos genotípicos e ambientais) são ajustados por uma análise de variância comum (univariada), aplicada à matriz de médias $Y_{(gxa)}$, resultando em um resíduo de não-aditividade, isto é, na interação $G \times A$, dada por GA_{ij} ; essa interação, constituinte de parte multiplicativa do modelo, é, em seguida, analisada pela DVS da matriz de interações $GA_{(gxa)} = [GA_{ij}]$, ou por ACP.

A opção por DVS é por ser possível estimar simultaneamente os parâmetros multiplicativos do modelo a partir da matriz GA , enquanto por ACP são necessárias duas análises, aumentando o trabalho e as chances de equívocos na interpretação dos resultados. Isso ocorre porque a extração separada dos componentes principais para genótipos e ambientes pode resultar em escores com sinais trocados, o que compromete seriamente a interpretação das relações adaptativas dos genótipos aos ambientes. A análise AMMI centra-se na decomposição da soma de quadrados dos elementos da matriz $GA_{(gxa)} = (SQ_{G \times E})$, o que é obtido na forma direta por DVS. Por ACP, voltada mais para a identificação de variáveis complexas de alto poder discriminatório (as componentes principais), isso seria obtido indiretamente, pelas duas análises, por meio do desdobramento das variâncias totais associadas às variáveis genótipos e ambientes, ou seja, $\sum_{i=1}^g s_i^2 = \sum_{k=1}^m I_k^2$ e,

$$\sum_{j=1}^a s_j^2 = \sum_{k=1}^m I_k^2 \text{ respectivamente, ambos chegando ao mesmo resultado.}$$

Por outro lado, a ACP, as variáveis (ambientes ou genótipos) de maiores pesos nos últimos autovetores são consideradas de menor importância para o estudo da $G \times A$. Normalmente, consideram-se os últimos autovetores da matriz de correlação inferior a 0,7.

O caráter multivariado da análise AMMI difere um pouco do inerente à maioria das aplicações de técnicas multivariadas. Aqui, as medidas experimentais referem-se a um único caráter biológico que recebe, num

determinado momento, um tratamento estatístico multivariado. Na maior parte dos casos, os dados são provenientes de vários caracteres, buscando-se por exemplo, por meio de técnicas como a ACP, encontrar combinações lineares dessas variáveis que melhor descrevem a variabilidade dos indivíduos.

Na análise AMMI, com base em um único caráter (variável) estudado, os componentes principais dos genótipos são obtidos da transformação do conjunto dos j ambientes com dados originais e são funções lineares destes ambientes. Além disso, são independentes entre si. Analogamente, os componentes principais dos ambientes são obtidos da transformação do conjunto dos g genótipos originais e são funções lineares destes genótipos, mantendo a independência entre si.

A essência da análise por componentes principais é capturar o padrão de maior importância nos dados, usando um dos menores números de graus de liberdade dentre as demais análises.

3.4.2.1.1. Ajuste dos efeitos principais por ANOVA

A primeira etapa da análise AMMI consiste em uma análise de variância comum aplicada à matriz de médias $Y_{(g \times a)}$. O modelo subjacente a essa etapa é:

$$Y_{ij} = \mathbf{m} + G_i + A_j + e_{ij}$$

em que e_{ij} agora, representa o resíduo da não-aditividade dos efeitos principais, equivalendo-se ao termo GA_{ij} do modelo de análise de variância tradicional.

As soluções de quadrados mínimos ordinários para o sistema de equações normais correspondentes, sob as restrições $\sum_i G_i = \sum_j A_j = 0$, são dadas por:

$$\hat{\mathbf{m}} = \bar{Y}_{..}; \hat{G}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}; \hat{A}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$$

com

$$\bar{Y}_{..} = \sum_{i,j} \bar{Y}_{i,j} / ga; \bar{Y}_{i.} = \sum_j \bar{Y}_{i,j} / a; \text{ e } \bar{Y}_{.j} = \sum_i \bar{Y}_{i,j} / g.$$

A aproximação de quadrados mínimos \hat{Y}_{ij} e seu respectivo resíduo, correspondente ao termo geral da interação GA_{ij} , ambos invariantes, são dados por:

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}; \text{ e}$$

$$\hat{e}_{ij} = Y_{ij} - \hat{Y}_{ij} \Leftrightarrow \hat{G}\hat{A}_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$$

A partir desse último resultado pode-se construir a matriz de interações $GA_{(gxa)}$, objeto de estudo da segunda etapa da análise AMMI.

As somas de quadrados para cada fonte de variação são obtidas conforme o modelo de análise de variância tradicional.

O desdobramento da soma de quadrados e dos graus de liberdade associados à interação $G \times A$ (sob ênfase neste trabalho), pode ser feito de várias formas, sendo esta SQ, em geral, de elevada magnitude (pelo menos 20% da SQG). Segundo Gauch e Zobel (1996), a busca de partições mais adequadas torna-se ainda mais interessante. O objetivo final sempre é identificar algum padrão importante, que, uma vez incorporado no modelo, possa trazer uma melhoria na sua capacidade preditiva (Gauch e Zobel, 1988). . O que o método AMMI faz representa apenas uma dessas maneiras alternativas de promover esse desdobramento. A análise procura capturar padrões presentes na estrutura dos dados que possam contribuir para melhor explicar a resposta diferencial dos genótipos, quando cultivados em diversos ambientes.

3.4.2.1.2. Ajuste da interação G x A por DVS

Sujeitando a matriz GA à DVS, ela poderá ser escrita como uma soma de p matrizes de posto unitário, o que permite ilustrar a propriedade de partição da soma de quadrados dos elementos da matriz GA :

$$GA = l_1 g_1 a_1' + l_2 g_2 a_2' + \dots + l_m g_m a_m'$$

$$\begin{bmatrix} B=[b_{ij}] \\ (gxa) \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} B1=[b1_{ij}] \\ (gxa) \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} B2=[b2_{ij}] \\ (gxa) \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} Bm=[bm_{ij}] \\ (gxa) \end{bmatrix}$$

$$\sum_{i,j} b_{ij}^2 = \sum_{i,j} GA_{ij}^2 = \sum_{i,j} b1_{ij}^2 + \sum_{i,j} b2_{ij}^2 + \dots + \sum_{i,j} bm_{ij}^2 = SQ_{GxA}$$

$$\sum_k I_k^2 = \sum_{i,j} \hat{G}\hat{A}_{ij}^2 = I_1^2 + I_2^2 + \dots + I_m^2 = \sum_k SQ_{IPCAk} = SQ_{GxA}$$

Como GA , por construção, uma matriz de desvios centrados e, portanto, com média nula, a soma de quadrados de seus elementos reproduz exatamente a SQ_{GxA} . Assim, essa soma de quadrado é desdobrada em componentes relativos a cada termo da DVS, ou a cada eixo de interação da ACP. Observa-se, ainda, que, para obter os desdobramentos dessa soma de quadrados não é necessário encontrar as p matrizes parciais, mas, é suficiente encontrar os valores singulares de GA ou, equivalentemente, os autovalores de $(GA)'(GA)$ ou de $(GA)(GA)'$. A soma de quadrados relativa ao k -ésimo termo ou eixo de interação equivale ao quadrado do valor singular correspondente (o autovalor I_k^2): $SQ_{GxA[IPCAk]} = I_k^2$. Ademais, dada as propriedades desse tipo de decomposição, as m parcelas obtidas para a SQ_{GxA} são ortogonais e, portanto, independentes.

Tomando-se de forma acumulativa os sucessivos termos dos desdobramentos obtêm-se as aproximações cada vez melhores para a SQ_{GxA} original. Porém, sendo $I_1^2 \geq I_2^2 \geq I_3^2 \dots \geq I_m^2$, é possível que alguns primeiros termos já sejam suficientes para descrever uma alta proporção dessa soma de

quadrado. Isso pode permitir a seleção de um modelo consumindo poucos graus de liberdade e com boa capacidade para descrever a variabilidade devido à interação. Logo, o modelo AMMI procura explicar a $SQ_{G \times A}$ por meio de uma aproximação de posto n para a matriz GA com $n < m$, ou seja, o objetivo da análise é descrever a interação $G \times A$ por um número reduzido de eixos ($n = 1$ a 3) resultando em um modelo informativo, mas que consuma poucos graus de liberdade. Com isso, espera-se que o modelo seja capaz de: *i*) captar o padrão subjacente à interação, ou seja, a possível lei geral que governa o fenômeno; e *ii*) descartar os ruídos presentes nos dados e sem interesse agrônômico, os quais só prejudicam a capacidade preditiva do modelo. Essa separação em padrão e ruído pode também ser expressa em termos de soma de quadrados, da seguinte forma:

$$SQ_{G \times A} = \sum_{k=1}^m I_k^2 = \left(\sum_{k=1}^n I_k^2 \right) + \left(\sum_{k=n+1}^m I_k^2 \right) = (SQ_{G \times A}[\text{padrão}]) + (SQ_{G \times A}[\text{ruídos}])$$

Dependendo do número n de termos (eixos singulares ou componentes principais) para descrever o padrão da interação, o modelo é chamado: AMMI0, AMMI1, ..., AMMIF, gerando uma família de modelos AMMI. Em AMMI ajusta-se apenas o primeiro eixo da interação e assim por diante até AMMIF, o modelo completo de médias. Se todos os eixos dessa decomposição forem retidos, o modelo consumirá muitos graus de liberdade, apesar do ajuste perfeito à matriz de médias. O objetivo é resumir grande parte da interação $G \times A$ em apenas uns poucos eixos ($SQ_{G \times A}[\text{padrão}]$), resultando na seleção de um modelo AMMI reduzido, que descarta um resíduo adicional ($SQ_{G \times A}[\text{ruídos}]$).

3.4.2.2. Seleção do Modelo AMMI

3.4.2.2.1. Testes estatísticos para os componentes da $SQ_{G \times A}$

Os critérios adotados para a definição do número de eixos a serem retidos, de maneira a explicar o padrão relacionado à interação, têm sido

objetos de várias pesquisas (Gollob, 1968; Mandel, 1971; Gauch, 1988; Gauch e Zobel, 1988; Piepho, 1994; Piepho, 1995). Quaisquer desses critérios, à semelhança da ACP, levam em consideração, pelo menos indiretamente, a proporção da $SQ_{G \times A}$ acumulada até o n -ésimo eixo $\left(\frac{\sum_{k=1}^n I_k^2}{SQ_{G \times A}} \right)$.

Um dos procedimentos usuais consiste em determinar os graus de liberdade associados à parcela da $SQ_{G \times A}$ relacionada a cada membro da família de modelos AMMI. Obtém-se, então, o quadrado médio (QM) correspondente a cada parcela ou modelo. Em seguida, é obtido um teste F, avaliando-se a significância de cada componente em relação ao $QM_{\text{Erro Médio}}$. Isso resulta em uma tabela de análise de variância semelhante ao tradicional, com desdobramentos para a fonte de variação $G \times A$. Considerando-se tratar de um desdobramento ortogonal da soma de quadrados da interação, assume-se por este procedimento, que o quociente entre o quadrado médio um dos componentes da interação, e o quadrado médio do erro segue uma distribuição F, com os correspondentes graus de liberdade, desde que garantida uma aproximação normal para a variável resposta original. Assim, o ponto de parada que determina a seleção do modelo (AMMI0, AMMI1, ..., ou AMMIF) baseia-se na significância do teste F para os sucessivos termos da interação. O resíduo AMMI, reunindo os demais últimos termos da $SQ_{G \times A}$ descartados, também pode ser testado de maneira a assegurar seu caráter desprezível.

Gauch e Zobel (1996) mencionam a existência de vários sistemas para atribuir graus de liberdade a um modelo AMMI, entre os quais, o de Gollob (1968). Os autores alertam que infelizmente não há boa concordância entre esses sistemas, de forma que a escolha por um deles acaba recaindo sobre considerações de natureza prática e teórica. O sistema aproximado de Gollob (1968) é muito fácil de ser aplicado, requerendo uma aritmética trivial, visto que $GL_{IPCA_n} = g + a - 1 - 2n$. Provavelmente por isso, esse sistema tenha sido grandemente utilizado enquanto outros exijam extensas simulações.

A Tabela 9 apresenta a estruturação da análise conjunta completa pelo sistema de Gollob.

Tabela 9 – Análise conjunta completa, obtida a partir de médias, segundo o sistema de Gollob

FV	Graus de Liberdade	Soma de Quadrado
Genótipos (G)	$g - 1$	SQ_G
Ambientes (A)	$a - 1$	SQ_A
Interação G x A	$(g - 1)(a - 1)$	$SQ_{G \times A}$
CP 1	$g + a - 1 - (2.1)$	I_1^2
CP 2	$g + a - 1 - (2.2)$	I_2^2
...
CP m	$g + a - 1 - (2.m)$	I_m^2
Erro médio _r	$ga(r - 1)$	$SQ_{\text{Erro Médio}}$
Total	$gar - 1$	SQ_{TOTAL}

3.4.2.2.2. Predição de respostas genotípicas por ambiente

Uma vez selecionado o membro da família de modelos (AMMI0, AMMI1, ..., ou AMMIF) que melhor descreva a estrutura dos dados, é possível prever a resposta de cada genótipo em cada ambiente (\hat{Y}_{ij}) com base no modelo escolhido:

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_i + \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..} + \sum_{k=1}^n \mathbf{1}_{ik} \mathbf{g}_{ik} \mathbf{a}_{jk}$$

em que n é o número de eixos ou componentes principais, selecionados para descrever o padrão da interação G x A ($n \leq m$).

Se AMMI0 for o modelo selecionado, nenhum eixo de interação (último termo da expressão) deve ser incluído na predição. Assim, de uma maneira mais específica, a expressão anterior assume as seguintes formas, conforme o modelo escolhido:

Modelo AMMI selecionado	Expressão da resposta esperada do genótipo i no ambiente j (\hat{Y}_{ij})
AMMI0	$\hat{Y}_{ip} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..}$
AMMI1	$\hat{Y}_{ip} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + \mathbf{1}_1 \mathbf{g}_{i1} \mathbf{a}_{j1}$
AMMI2	$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + \mathbf{1}_1 \mathbf{g}_{i1} \mathbf{a}_{j1} + \mathbf{1}_2 \mathbf{g}_{i2} \mathbf{a}_{j2}$
...	...
AMMIF	$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + \mathbf{1}_1 \mathbf{g}_{i1} \mathbf{a}_{j1} + \mathbf{1}_2 \mathbf{g}_{i2} \mathbf{a}_{j2} + \dots + \mathbf{1}_m \mathbf{g}_{im} \mathbf{a}_{jm}$

Se a seleção cair sobre AMMIF (modelo completo com todos os termos multiplicativos) a resposta esperada equivale à média da casela relativa ao genótipo i no ambiente j ; ou seja, a média das r repetições do genótipo naquele ambiente, o que pode ser facilmente verificado:

$$\hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + \hat{G}\hat{A}_{ij}; \text{ pois } \sum_{k=1}^m \mathbf{1}_k \mathbf{g}_{ik} \mathbf{a}_{jk} = \hat{G}\hat{A}_{ij};$$

$$\text{Mas, } \hat{G}\hat{A}_{ij} = \bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..};$$

$$\text{logo: } \hat{Y}_{ij} = \bar{Y}_{i.} + \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}_{..} + (\bar{Y}_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..}) = \bar{Y}_{ij}.$$

Deve ficar claro, portanto, que um modelo AMMI não se restringe à descrição da interação, pois sempre contempla também os efeitos principais. É possível, sim, não incluir termo algum de interação (AMMI0), quando nenhum deles se mostrar significativo. Entretanto, na maior parte das pesquisas em genética e melhoramento de plantas, a interação $G \times A$ é significativa, de maneira que pelo menos um termo multiplicativo normalmente deve ser incluído na predição de respostas.

Estimativas dessa natureza são tidas como mais precisas do que as próprias médias obtidas das repetições de cada genótipo em cada ambiente. A razão disso, segundo Gauch (1990) está no simples fato de o método AMMI considerar e usar mais dados. Numa abordagem tradicional, esse tipo de estimativa considera apenas o que Gauch (1992) denomina de dados diretos, enquanto uma estimativa AMMI incluiu também os chamados dados indiretos.

Gauch e Zobel (1988) mostram que uma análise AMMI com dados não repetidos, quando associada à validação cruzada para a seleção do modelo, é preditivamente mais precisa do que as médias de tratamentos obtidas de duas repetições. Este benefício aumenta com o tamanho do ensaio (aumentando o número de genótipos e ambientes) e quanto maior o nível de perturbação (ruído) presente nos dados. Segundo esses autores, isso sugere que, em situações apropriadas, esse tipo análise pode reduzir a quantidade de repetições requeridas em torno de duas a cinco vezes, permitindo elevar o número de genótipos a serem avaliados.

3.4.2.3. Representação gráfica em biplot

A vantagem do método AMMI está na possibilidade de representar, em um único gráfico, os efeitos de interação para cada genótipo e cada ambiente. O gráfico denominado biplot (Gabriel, 1971), baseia-se na aproximação DVS de uma matriz, por outra de posto inferior. Para permitir a construção do gráfico o posto da matriz aproximada deverá, na realidade, ser igual a um, dois ou três, resultando em um biplot em uma, duas ou três dimensões, respectivamente.

A denominação biplot vem do fato de representar as linhas e colunas num mesmo gráfico e não da dimensão do espaço de representação. Também não é sinônimo de AMMI, pois não é exclusivo desta análise, não se refere a qualquer modelo estatístico particular, mas apenas um gráfico contendo duas categorias de pontos, genótipos e ou ambientes, chamados de marcadores.

O AMMI2 também chamado de GE biplot por Vargas e Crossa (2000), também desenvolveram vários programas com base no SAS (1999) para se obter a análise AMMI2, no qual introduziram as modificações, como: inclusão de desenho do polígono externo e linhas perpendiculares aos seus lados para formar setores de genótipos e locais com o genótipo vencedor no vértice do polígono formando setores.

As principais propriedades de interesse do biplot são:

i) Marcadores próximos de zero, isto é, com escores baixos, são próprios de genótipos e, ou, ambientes que contribuíram pouco ou quase nada para a interação, caracterizando-se como estáveis.

ii) A proximidade de um genótipo a um ambiente estável será de maior confiança, pois tal classificação será determinada basicamente pelos efeitos genotípicos, com interação reduzida.

iii) Marcadores próximos aos eixos são determinadores deste eixo.

iv) Os vetores de genótipos e ambientes são desenhados a partir da origem do gráfico para os pontos finais, determinados por seus escores. O cosseno do ângulo entre vetores de genótipos e, ou, ambientes, informam sobre a correlação linear aproximada entre eles. Ângulo de 0° (marcadores colineares), indica correlação de +1, sugerindo alta correlação. Ângulo de 90° ou -90° (perpendicular) indica correlação de 0, informando independência entre eles; e ângulo de 180° indica correlação de -1. Ângulos menores que 90° e maiores que 270° indicam existência de resposta positiva do genótipo para este ambiente. Respostas negativas são indicadas por ângulos entre 90° e 270° (e Burgueño et al., 2000; Burak, 2001). A exata determinação não é determinada porque o biplot descreve a inter-relação entre todos os genótipos e ambientes com base no padrão geral dos dados. O coeficiente de correlação somente descreve a relação entre duas variáveis quaisquer.

v) O comprimento de um vetor marcador relaciona-se à variância associada ao vetor e, conseqüentemente, ao caráter correspondente.

vi) O comprimento do vetor diferença entre dois marcadores é a distância euclidiana entre os dois marcadores. Dando idéia de similaridade e dissimilaridade entre genótipos ou entre ambientes, consistindo na estratificação ambiental visualizada graficamente.

vii) O produto do i -ésimo marcador de linha e um j -ésimo marcador de coluna reproduzem uma aproximação para o i, j -ésimo elemento da matriz $G \times A$. Isto é, o produto dos escores de um dado genótipo e de um dado ambiente fornece uma estimativa do efeito da interação $G \times A$ para aquela combinação.

viii) Para cada par de genótipos e ambientes com os respectivos sinais dos escores de mesmo sinal interagirão positivamente, evidenciando um sinergismo adaptativo a ser aproveitado na seleção.

ix) Aqueles pares de genótipos e ambientes com sinais opostos interagirão negativamente, sugerindo um certo grau de antagonismo, uma combinação desfavorável de genótipo e ambiente.

x) Ao utilizar o modelo AMMI0 para o biplot com as médias nas abscissas e o primeiro eixo principal nas ordenadas, e apresentar uma disposição horizontal dos marcadores para genótipos e ambientes ao longo das abscissas, evidencia-se a predominância de efeitos principais, ou seja, o conjunto de dados pode mostrar apenas efeitos aditivos sem interação nenhuma. Por outro lado, uma disposição ao longo das ordenadas evidencia uma variação determinada basicamente por efeitos de interação, sem qualquer ação aditiva dos efeitos principais.

xi) Se os pontos dos marcadores para genótipos e ambientes se dispuseram ao longo da linha bissetriz dos quadrantes ímpares, ou seja, 45° com o eixo das abscissas, recomenda-se o uso de um modelo de regressão linear, por exemplo, o de Eberhart e Russell (1966). Se apenas os genótipos estiverem assim alinhados o modelo deverá ajustar, além dos efeitos principais, regressões lineares das respostas genotípicas \mathbf{b}_j sobre índices de qualidade ambiental; por exemplo, $I_j = \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..} = A_j$, ou seja, $Y_{ij} = \mathbf{m} + G_i + A_j + \mathbf{b}_j A_j + \mathbf{d}_{ij} + \mathbf{e}_{ij}$. Se, porém, esta disposição for verificada somente para ambientes, o modelo deverá ser: $Y_{ij} = \mathbf{m} + G_i + A_j + \mathbf{b}_j G_i + \mathbf{d}_{ij} + \mathbf{e}_{ij}$. Nesse caso, ajustam-se respostas ambientais \mathbf{b}_j sobre índices genotípicos $G_i = \bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$. Porém, quando os pontos se dispersam no biplot, nenhum modelo simplificado poderá ajustar convenientemente os dados, de forma que a análise AMMI mostra-se apropriada (Gauch, 1992).

3.4.3. Método SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment Interaction*) biplot

Yan et al. (2000) propuseram a análise GGE (*Genotype and Genotype-Environment Interaction*) biplot para a interpretação gráfica da interação genótipos x ambientes, com base no modelo SREG (*Sites Regression*), sugerido por Cornelius et al. (1996) e Crossa e Cornelius (1997):

$$Y_{ij} = \bar{y}_{.j} + \sum_{k=1}^n \mathbf{l}_k \mathbf{x}_{ik} \mathbf{h}_{jk} + \mathbf{e}_{ij}$$

Baseia-se no fato de que apesar das características agronômicas relacionadas à produção serem obtidas da combinação do efeito do genótipo (G), do ambiente (A) e da interação genótipos x ambientes ($G \times A$), a análise GGE biplot considera que somente os efeitos de G e $G \times A$ são relevantes e devem ser considerados simultaneamente na avaliação de cultivares. Os eixos dos gráficos da referida análise são os dois primeiros componentes principais (autovetores) da análise multivariada e representam a maior parte da variância dos dados, tomando como fixo o ambiente, isto é, a variação da produtividade é devida exclusivamente aos efeitos G e $G \times A$. Assim, esta análise identifica quais cultivares são superiores nos vários ambientes.

A análise GGE biplot se baseia no modelo simplificado com dois componentes principais (Yan et al., 2000):

$$Y_{ij} - \bar{y}_{.j} = I_1 x_{i1} h_{j1} + I_2 x_{i2} h_{j2} + e_{ij}$$

em que

Y_{ij} é a média de produtividade do cultivar i no ambiente j ;

$\bar{y}_{.j}$ é a média geral dos cultivares no ambiente j ;

$I_1 x_{i1} h_{j1}$ é o primeiro componente principal (CP1);

$I_2 x_{i2} h_{j2}$ é o segundo componente principal (CP2);

I_1 e I_2 são os autovalores (raízes características) associados ao CP1 e CP2, respectivamente;

x_{i1} e x_{i2} são os escores do primeiro e segundo componentes principais, respectivamente, para o cultivar i ;

h_{j1} e h_{j2} são os escores do primeiro e segundo componentes principais, respectivamente, para o ambiente j ; e

e_{ij} é o erro ij associado ao modelo.

O GGE biplot é gerado locando x_{i1} e x_{i2} e h_{j1} e h_{j2} de maneira que, respectivamente, cada cultivar ou cada ambiente é representado por um ponto no biplot.

As interpretações em termos das relações vetoriais genótipos e ambientes e ambientes e genótipos e ambientes apresentadas para a análise AMMI são igualmente válidas para a análise GGE biplot.

O GGE biplot mostra que o genótipo ideal deve ter alto valor de CP1 (alta média de produtividade) e próximo de zero para o CP2 (mais estável). O local de teste ideal é aquele com alto valor de CP1 (maior poder de discriminação de cultivares) e próximo de zero para o CP2 (mais representativo da média ambiental geral). Assim, pode-se afirmar que o primeiro componente principal representa produtividade e o segundo componente principal representa a estabilidade. Tais propriedades tendem a ocorrer quando os CP1 dos cultivares são altamente correlacionados com efeitos de cultivares (Burgueño et al., 2000).

O modelo propõe a conexão com segmentos de retas, os escores dos cultivares mais distantes da origem no biplot, formando vértices dos lados externos de um polígono. Este polígono é subdividido em setores por meio de retas a partir da origem e perpendiculares aos lados externos do polígono. Os locais/épocas dentro de cada setor formam um subconjunto específico. O genótipo localizado no vértice do setor é o de melhor desempenho nos locais/épocas incluídos no setor. Se todos os ambientes localizarem dentro de um mesmo setor, então este genótipo é melhor do que todos os genótipos em todos os ambientes. Se dois genótipos estão espacialmente localizados próximos, eles possuem provavelmente a produtividade similar para todos ou a maioria dos ambientes. Locais/épocas localizados mais distantes da origem discriminam melhor os cultivares do que aqueles localizados próximos à origem.

Os polígonos formados indicam a presença ou ausência de interação genótipo ambiente cruzada, envolvendo os genótipos mais responsivos, e está sugerindo a existência ou ausência de mega-ambientes entre os locais/épocas analisados.

Mega-ambiente é definido como um grupo de locais/épocas que possuem o mesmo melhor cultivar em comum e que exista repetibilidade durante os anos. Conseqüentemente, para um dado mega-ambiente existe um cultivar de melhor desempenho para todos os locais/épocas quando avaliados por vários anos. Mega-ambiente pode ser simples ou complexo. Simples,

quando há ausência de interação genótipo ambiente cruzada para todos os locais/épocas, e complexa quando envolve interação genótipo ambiente cruzada que não se repete durante os anos. Para o simples, um ou poucos locais/épocas seriam suficientes para uma efetiva avaliação de cultivares e o ambiente a escolher será aquele que agrupar com maior repetibilidade em avaliações de, no mínimo, quatro anos. Para o complexo, distintos locais/épocas testes são requeridos para selecionar cultivares superiores dentro de toda a região, durante os anos (Yan e Rajcan, 2002).

A análise GGE biplot permite visualizar:

- desempenho de diferentes genótipos em um ambiente;
- adaptação relativa de um genótipo em diferentes ambientes;
- comparar dois genótipos em diferentes ambientes;
- identificação do melhor genótipo para cada ambiente;
- estratificação de ambientes;
- desempenho médio e estabilidade dos genótipos; e
- habilidade de discriminação e representatividade dos ambientes.

Todos os procedimentos de análise gráfica descrevendo a maneira de interpretar as informações gráficas estão exaustivamente descritos na apresentação do método SREG feita por Yan (1999), Yan et al. (2000) e Yan & Hunt (2002).

Yan et al. (2000) verificaram a quase perfeita correlação entre os escores do CP1 e os efeitos de genótipos, constituindo a base da metodologia GGE biplot apresentada pelos autores, justificando a sugestão do modelo aplicado. CP1 também representa a interação $G \times A$ de natureza simples. Já o CP2 representa a interação $G \times A$ de natureza complexa, conforme os mesmos autores.

As análises foram realizadas utilizando algoritmo desenvolvido por Vargas e Crossa (2000), para o modelo SREG, com base no SAS (1999), gerando GGE biplot.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Considerações gerais sobre híbridos de milho de ciclo precoce avaliados em Minas Gerais

4.1.1. Produtividade de grãos

Patos de Minas 1, na safra 1988/1999, apresentou dados de produtividade de grãos idênticos para vários genótipos, levou a suspeitar da confiabilidade da aquisição de dados, mesmo assim decidiu-se manter este ambiente na análise desta safra.

Quanto à eficiência relativa dos experimentos montados em látice da análise individual com recuperação da informação interblocos, em relação aos blocos casualizados completos observou-se, em média, reduzido ganho de +8,91%, variando de -7,78% para Inhaúma e +36,61% para Coimbra, para os dados da safra 1988/1999 (Tabela 10 e 11). Para a safra 1999/2000, o ganho, em média, foi de +6,57%, variando de -9,78% para Sete Lagoas e +27,77% para Capinópolis (Tabelas 12 e 13).

Nas Tabelas 10 a 11 e 12 a 13 podem ser observados os dados da safra 1988/1999 e 1999/2000, respectivamente, com as médias ajustadas dos genótipos em cada ambiente. Analisando os dados apresentados, constatou-se

que no desempenho por local existem genótipos com maior destaque que outros.

Na safra 1988/1999, os ambientes com maiores médias foram Coimbra e Patos de Minas 1, e com menores médias foram Capinópolis e Janaúba. Na safra 1999/2000, a maior média foi em Sete Lagoas e a menor em Uberlândia 2.

Tomando-se como base o comportamento geral dos cultivares (média geral dos ensaios), os cinco cultivares que apresentaram maior produtividade de grãos, nos ensaios da safra 1988/1999 (Tabelas 10 e 11) foram P 30F33 (9.051,82 kg/ha), P 3041 (8.615,48 kg/ha), MTL 9729 (8.447,84 kg/ha), Z 8420 (8.411,54 kg/ha) e HT 47 C (8.400,66 kg/ha).

Na safra 1999/2000 (Tabelas 12 e 13), os cinco cultivares que apresentaram maiores produtividades foram 98 HS 16B (8.349,82 kg/ha), AG 6690 (7.867,30 kg/ha), P 3041 (7.594,52 kg/ha), NB 7228 (7.557,89 kg/ha) e Z 8420 (7.551,78 kg/ha). Os ensaios instalados em Uberlândia 2 e Uberlândia 1 apresentaram menores médias de produtividade. Vale ressaltar que a safra 1999/2000 apresentou resultados, em média, inferiores aos apresentados pela safra 1988/1999, apesar de serem superiores à produtividade média do Estado de Minas Gerais (3.994 kg/ha) e do Brasil (3.057 kg/ha), segundo IBGE (2004).

Nota-se que o híbrido P 3041, seguido de Z 8420, apresentaram as melhores classificações em termos de médias de produtividade nos ensaios da safra 1988/1999 e 1999/2000, resultado que constitui indícios de prosperidade destes cultivares para o estado de Minas Gerais.

4.2. Interação genótipos x ambientes e análise dos ambientes

A avaliação da produtividade de grãos (kg/ha) de cultivares de milho, em vários locais, permitiu a realização da análise conjunta e o conhecimento do efeito da interação genótipos x ambientes (locais) nos ensaios da safra 1988/1999 e 1999/2000. Em todas as análises conjuntas foram detectados efeitos significativos de cultivares, ambientes e interação cultivares x ambientes (Tabelas 14 e 15, respectivamente), indicando haver cultivar(es) de milho apresentando comportamento(s) diferenciado(s) em, pelo menos, um dos ambientes avaliados.

Tabela 10 – Locais, média geral, médias das produtividades de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, coeficiente de variação (CV) e eficiência relativa dos experimentos em relação ao DBC (Ef, %), referentes ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Genótipos	Capinópolis	Coimbra	Indianópolis	Inhaúma	Janaúba
P 30F33	4967,61b	11710,92a	10936,53 a	8506,05 a	7856,42 a
P 3041	5689,60a	10727,79a	8842,05a	7985,23 a	7816,96 a
MTL 9729	5449,82a	10099,64b	9354,76a	9847,22 a	6091,95 b
Z 8420	5731,74a	10508,91a	8536,93a	9063,45 a	6612,57 a
HT 47 C	4598,23b	10697,70a	9579,86a	6840,42 b	6339,23 a
DINA 1000	4446,19b	11036,45a	9187,80a	9636,05 a	6812,25 a
30F45	6068,90a	10435,27a	8108,39a	7360,46 b	7290,70 a
Z 8466	5816,03a	11142,13a	8328,44a	8738,61 a	5529,99 b
CX 9610	6274,37a	9633,25 b	8953,25a	8844,42 a	6477,98 a
HT 7105-3	5619,36a	10316,19a	8868,15a	7324,26 b	6394,78 a
CO 34	5635,64a	11309,43a	8840,54a	7935,04 a	6834,08 a
BRS 3060-A	4371,86b	10873,16a	9057,18a	5687,62 b	5948,21 b
DINA 657	5075,62 b	11458,86 a	7956,90 a	8660,83 a	6352,62 a
CO 32	5902,24 a	9991,98 b	8904,74 a	8356,11 a	5811,18 b
SHS 5060	5115,21 b	10180,56 b	9397,63 a	8127,44 a	5808,80 b
XL 357	5347,78 a	11235,27 a	6297,74 c	8965,04 a	6460,45 a
G 186 C	5070,06 b	9915,34 b	8140,05 a	7277,96 b	6190,88 b
P 3071	4935,11 b	9421,09 b	8713,84 a	6691,50 b	6628,65 a
C 747	4636,80 b	9386,80 b	8749,53 a	7531,85 b	6518,61a
XL 550	3807,68 b	10707,66 a	7938,39 a	7133,71 b	7119,74 a
XB 8010	5938,96 a	10828,27 a	7420,35 b	8011,16 a	6371,10 a
AG 8014	4737,63 b	9602,18 b	8136,28 a	7236,07 b	7023,09 a
983-P	5203,01 a	10104,24 b	8017,86 a	8974,69 a	5862,60 b
AG 5011	3780,87 b	10348,46 a	7995,84 a	7663,08 b	6373,38 a
G 182 C	4908,93 b	9317,85 b	7100,93 b	7361,87 b	6363,92 a
AS 3466	4428,05 b	10840,74 a	7415,32 b	9224,62 a	5752,48 b
SHS 4040	5231,52 a	9306,70 b	8233,29 a	7675,85 b	6371,98 a
Z 8392	5915,65 a	9416,34 b	5684,99 c	7858,29 b	6022,08 b
C 701	5853,71 a	9621,27 b	8381,77 a	6564,69 b	6356,82 a
XL 355	5759,84 a	10237,44 a	6102,32 c	9035,48 a	5858,51 b
HT 971011	4664,07 b	10659,60 a	7391,70 b	8368,63 a	6966,04 a
AG 5016	4467,13 b	9958,39 b	7195,86 b	6806,13 b	6100,38 b
Z 8410	4864,83 b	10684,87 a	6949,97 b	6752,30 b	4830,03 b
CD 3121	5300,07 a	9016,44 b	7935,65 a	5992,85 b	5383,57 b
CX 9856	4462,92 b	10588,99 a	6926,55 b	6444,25 b	6735,39 a
AGROMEN 2E2	6068,90 a	9405,88 b	8491,30 a	6665,58 b	5543,42 b
XB 7011	5576,38 a	11681,69 a	5097,87 c	6923,49 b	6156,89 b
NB 6077	4945,03 b	8255,27 b	6741,93 b	6901,27 b	5820,22 b
MTL 9877	4427,16 b	10030,16 b	6908,26 b	7814,23 b	5528,05 b
R&G 01E	5218,34 a	8773,03 b	7490,35 b	7490,03 b	5823,02 b
AS 523	4399,96 b	9292,40 b	7371,26 b	7234,73 b	6074,81 b
HATA 3052	4553,28 b	9604,88 b	7464,35 b	6658,49 b	5420,92 b
CV (%)	10	5	7	13	7
Média Ambiental	5125,38	10199,13	7979,68	7718,36	6277,02
Ef (%)	100,06	136,61	100,67	92,22	117,75

* Grupos de médias seguidas pelas mesmas letras, na vertical, não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Tabela 11 – Locais, média geral, médias das produtividades de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, coeficiente de variação (CV) e eficiência relativa dos experimentos em relação ao DBC (Ef, %), referentes ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Genótipos	Patos de Minas 1	Patos de Minas 2	Sete Lagoas	Uberlândia 1	Uberlândia 2	Média
P 30F33	10523,23 a	9331,88 a	11094,41 a	7088,41 b	8502,69 a	9051,82
P 3041	10204,34 a	8093,26 b	11152,44 a	8039,67 a	7603,45 a	8615,48
MTL 9729	9794,35 b	9737,22 a	9658,98 a	6406,38 b	8038,06 a	8447,84
Z 8420	10523,23 a	8035,53 b	10082,71 a	7520,70 a	7499,66 a	8411,54
HT 47 C	9976,57 a	9317,61 a	11528,11 a	7005,76 b	8123,09 a	8400,66
DINA 1000	10386,56 a	8130,59 b	9063,29 a	7290,45 b	7986,60 a	8397,62
30F45	11388,78 a	8423,52 b	9625,33 a	6826,16 b	7219,96 a	8274,75
Z 8466	10249,90 a	7348,69 c	9335,15 a	8050,48 a	7347,80 a	8188,72
CX 9610	10341,01 a	7390,97 c	8703,43 a	7116,15 b	7968,07 a	8170,29
HT 7105-3	10249,90 a	8707,27 b	9493,47 a	6574,08 b	7786,41 a	8133,39
CO 34	9293,24 b	7734,33 c	9798,33 a	5407,83 c	7518,66 a	8030,71
BRS 3060-A	9612,13 b	9248,15 a	10683,74 a	6476,99 b	7983,27 a	7994,23
DINA 657	10432,12 a	6484,77 d	9508,92 a	6840,22 b	7074,34 a	7984,52
CO 32	10158,79 a	8592,90 b	8299,99 a	5713,04 c	7792,35 a	7952,33
SHS 5060	10523,23 a	7634,98 c	8282,52 a	6288,44 b	8094,32 a	7945,31
XL 357	10887,67 a	7094,47 c	9324,75 a	7277,76 b	6186,73 a	7907,76
G 186 C	9885,46 a	8048,13 b	9243,04 a	7964,42 a	7316,62 a	7905,20
P 3071	10659,89 a	8018,32 b	9301,96 a	7037,56 b	7506,62 a	7891,45
C 747	10249,90 a	8650,00 b	8932,32 a	6421,40 b	7507,80 a	7858,50
XL 550	10249,90 a	7140,98 c	10133,64 a	7042,25 b	7024,93 a	7829,89
XB 8010	9885,46 a	7497,30 c	9330,41 a	5450,67 c	6797,12 a	7753,08
AG 8014	10295,45 a	7811,56 c	8293,68 a	6847,96 b	7256,32 a	7724,02
983-P	9657,68 b	7014,91 c	9438,92 a	5756,02 c	7156,65 a	7718,66
AG 5011	9384,35 b	8307,15 b	8685,44 a	6678,25 b	7109,34 a	7632,62
G 182 C	10432,12 a	7940,16 b	8675,94 a	7756,21 a	6393,14 a	7625,11
AS 3466	8792,13 b	7784,76 c	8387,97 a	6581,75 b	6653,95 a	7586,18
SHS 4040	9885,46 a	6661,45 d	8416,60 a	6431,21 b	7323,10 a	7553,71
Z 8392	9657,68 b	8266,72 b	8870,94 a	8114,73 a	5646,59 a	7545,40
C 701	8746,58 b	7048,70 c	8502,12 a	6917,61 b	7353,37 a	7534,66
XL 355	9885,46 a	5332,97 e	9320,34 a	7645,69 a	6001,85 a	7517,99
HT 971011	10386,56 a	7289,98 c	7893,68 a	4580,77 d	6637,71 a	7483,87
AG 5016	9612,13 b	7796,70 c	9401,92 a	6311,16 b	6573,46 a	7422,33
Z 8410	9293,24 b	7353,26 c	7844,78 a	8624,22 a	6358,66 a	7355,62
CD 3121	9019,91 b	7682,62 c	8745,30 a	7195,89 b	7001,48 a	7327,38
CX 9856	9338,80 b	8000,00 b	8687,01 a	5850,75 c	6237,18 a	7327,18
AGROMEN 2E2	10386,56 a	7046,20 c	7651,81 a	4516,45 d	7361,75 a	7313,78
XB 7011	10204,34 a	6936,95 c	9220,60 a	5759,32 c	5351,92 a	7290,95
NB 6077	9612,13 b	7639,60 c	8694,66 a	7516,53 a	6206,80 a	7233,34
MTL 9877	9247,69 b	7533,18 c	9542,55 a	4851,02 d	6235,26 a	7211,76
R&G 01E	8473,25 b	7137,78 c	8673,27 a	5692,54 c	6881,74 a	7165,33
AS 523	8883,24 b	7269,65 c	9167,25 a	4969,50 d	6625,19 a	7128,80
HATA 3052	9429,91 b	7379,09 c	7682,40 a	4675,06 d	6861,10 a	6972,95
CV (%)	5	5	9	7	9	Média Geral
Média Ambiental	9907,15	7759,39	9151,76	6597,89	7097,74	7781,35
Ef (%)	104,95	112,51	115,53	108,15	100,67	108,91

* Grupo de médias seguidas pelas mesmas letras, na vertical, não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Tabela 12 – Locais, média geral, médias das produtividades de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, coeficiente de variação (CV) e eficiência relativa dos experimentos em relação ao DBC (Ef, %), referentes ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Genótipos	Capinópolis	Coimbra	Inhaúma	Janáuba	Lavras
98 HS 16B	7709,91 a	6285,18 a	8979,36 a	8883,24 a	10491,33 a
AG 6690	7244,48 a	6388,31 a	9316,15 a	9247,69 a	9315,42 a
P 3041	7758,26 a	6877,51 a	8211,58 b	8746,58 a	9432,72 a
NB 7228	7807,56 a	7930,16 a	8350,09 b	7516,59 b	7257,42 a
Z 8420	6584,12 b	7465,95 a	8885,40 a	7471,04 b	8954,43 a
BRS 3150	6800,91 a	6691,99 a	5856,85 d	8063,25 a	8944,37 a
XB 7012	7530,66 a	6288,17 a	9950,17 a	8974,35 a	9475,31 a
NB 5318	6961,23 a	6236,62 a	7954,06 b	7881,03 a	8224,50 a
Z 8486	6463,64 b	8445,58 a	8174,26 b	7471,04 b	8060,44 a
DINA 1000	7473,13 a	6587,24 a	8335,50 b	7516,59 b	6093,83 a
Z 8460	5442,58 b	7522,83 a	8402,18 b	6969,93 b	8612,31 a
P 30F33	7652,24 a	5902,18 a	8878,53 a	8336,58 a	8462,93 a
C747	7865,55 a	7330,24 a	7129,66 c	7516,59 b	8223,86 a
CD 3121	7273,60 a	7168,52 a	8326,67 b	8382,14 a	8562,29 a
R&G 01A	7017,78 a	5797,02 a	7243,32 c	7744,37 b	8161,08 a
AS 1533	6058,01 b	5121,23 a	8811,82 a	8245,47 a	8186,87 a
97 HT 15bC	6094,07 b	8030,44 a	9465,07 a	7607,70 b	8140,33 a
Z 8392	7181,78 a	7079,23 a	8402,59 b	7471,04 b	8573,37 a
SH-70 Ex309	7346,74 a	7624,97 a	8003,34 b	7152,15 b	8965,67 a
AX 4646	6095,96 b	7826,97 a	8418,30 b	8427,69 a	6725,47 a
HT 2628-9	6487,18 b	6504,54 a	6155,10 d	7061,04 b	7569,25 a
CO E 9743	6357,65 b	6762,54 a	8900,03 a	7471,04 b	6731,54 a
98 HT 19 A	6677,10 b	5844,76 a	7507,37 b	8518,80 a	8196,15 a
AX 2560	6430,25 b	5713,92 a	7892,68 b	6605,49 b	7758,59 a
AX 3565	6326,07 b	5847,89 a	8149,68 b	7106,60 b	7119,29 a
MTC 817 U	6028,21 b	6321,10 a	6984,60 c	8564,36 a	8514,48 a
AGROMEN 2E2	6841,78 a	6345,30 a	7554,52 b	7926,59 a	7699,47 a
C444	6617,60 b	5516,08 a	6159,81 d	8518,80 a	7680,37 a
SH-50 Ex556	6609,90 b	6131,08 a	7918,89 b	8473,25 a	9013,58 a
SHS 5060	7578,58 a	4222,41 a	7492,19 b	7653,26 b	8584,17 a
AS 3466	5766,48 b	5612,54 a	9556,38 a	7243,26 b	6770,91 a
P 30R07	6116,20 b	5971,98 a	6505,06 c	7243,26 b	8202,54 a
XB 8010	7662,23 a	7263,51 a	7586,92 b	7471,04 b	7306,89 a
Z 8410	6154,02 b	6225,10 a	7649,70 b	7243,26 b	7590,10 a
DINA 500	5907,29 b	6521,21 a	6272,66 d	6514,38 b	7901,35 a
97 HT 18bC	7329,20 a	5590,95 a	8580,11 b	7334,37 b	6390,99 a
CO 34	7942,46 a	3478,61 a	7853,83 b	7835,48 a	7291,65 a
HT 7105-3	5927,50 b	3539,63 a	5742,86 d	8382,14 a	8552,49 a
Z 8490	6417,10 b	5259,79 a	9440,66 a	7516,59 b	5145,18 a
CO 32	7036,99 a	3593,93 a	8036,87 b	6833,27 b	7108,76 a
CDX 97SO1	7743,11 a	7533,86 a	7122,68 c	6149,94 b	7679,24 a
HT 97 1011	5747,41 b	5804,01 a	7903,38 b	8473,25 a	6886,22 a
MTC 833 N	5347,20 b	6328,91 a	4341,46 d	7698,81 b	7453,19 a
SHS 4040	6676,32 b	5661,97 a	6853,52 c	6651,04 b	6508,93 a
OC 705	6451,59 b	5770,79 a	5685,19 d	7334,37 b	8336,20 a
CDX 99 TO 5	6746,85 b	5533,25 a	6932,22 c	6651,04 b	5862,30 a
PL 6443	5382,79 b	4953,60 a	6889,19 c	7379,93 b	7516,45 a
PL 6403	5577,38 b	4051,19 a	6949,86 c	7106,60 b	6874,95 a
PL 6440	4964,39 b	4931,08 a	5643,58 d	6149,94 b	5906,12 a
CV (%)	9	22	8	9	15
Média Geral	6677,82	6151,75	7701,14	7647,68	7816,64
Ef (%)	127,77	106,43	111,38	100,2	101,45

* Grupo de médias seguidas pelas mesmas letras, na vertical, não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Tabela 13 – Locais, média geral, médias das produtividades de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, coeficiente de variação (CV) e eficiência relativa dos experimentos em relação ao DBC (Ef, %), relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Genótipos	Patos de Minas 2	Sete Lagoas	Uberlândia 1	Uberlândia 2	Média
98 HS 16B	8386,80 a	10116,57 a	7696,89 b	6599,09 a	8349,82
AG 6690	7327,39 a	10833,23 a	6484,98 c	4648,03 a	7867,30
P 3041	6493,46 b	10605,45 a	6015,00 c	4210,09 b	7594,52
NB 7228	8149,29 a	8033,25 b	9098,02 a	3878,58 b	7557,89
Z 8420	7059,00 b	9622,13 a	7083,54 c	4840,39 a	7551,78
BRS 3150	7961,88 a	10388,79 a	6671,75 c	5856,30 a	7470,68
XB 7012	5733,26 c	9633,24 a	5523,47 d	4011,27 b	7457,77
NB 5318	7425,42 a	8094,36 b	7944,71 b	5453,06 a	7352,78
Z 8486	7105,44 b	8888,80 b	7177,64 c	4236,64 b	7335,94
DINA 1000	6764,98 b	11022,11 a	6934,00 c	5257,95 a	7331,71
Z 8460	6860,69 b	10222,12 a	6130,47 c	5613,15 a	7308,48
P 30F33	7415,31 a	8777,69 b	6906,77 c	3037,92 b	7263,35
C747	7374,33 a	9533,24 a	6330,47 c	3889,92 b	7243,76
CD 3121	5992,54 c	8177,70 b	6073,25 c	4761,22 b	7190,88
R&G 01 ^a	7609,86 a	9899,90 a	6898,50 c	4334,10 b	7189,55
AS 1533	7170,23 a	9944,35 a	6772,97 c	4136,35 b	7160,81
97 HT 15bC	6330,98 b	9122,13 b	5414,11 d	4058,18 b	7140,33
Z 8392	6723,31 b	8166,59 b	6586,50 c	3618,16 b	7089,18
SH-70 Ex309	5871,97 c	9583,24 a	5273,43 d	3600,65 b	7046,91
AX 4646	5573,14 c	11094,33 a	5492,88 d	3486,78 b	7015,72
HT 2628-9	6451,09 b	10766,56 a	6323,29 c	5170,23 a	6943,14
CO E 9743	6740,26 b	8016,59 b	5842,90 d	5006,69 a	6869,91
98 HT 19 A	5919,57 c	8922,13 b	6526,46 c	3635,21 b	6860,84
AX 2560	7700,22 a	8511,03 b	6623,20 c	4508,40 a	6860,42
AX 3565	6973,05 b	9961,01 a	6909,22 c	3347,97 b	6860,09
MTC 817 U	6461,11 b	8266,58 b	4620,27 e	5908,39 a	6852,12
AGROMEN 2E2	5772,70 c	9911,01 a	5739,58 d	3620,19 b	6823,46
C444	6201,50 b	9466,57 a	6659,83 c	4134,35 b	6772,77
SH-50 Ex556	5273,42 c	9088,80 b	4940,78 e	3214,54 b	6740,47
SHS 5060	5975,67 c	8588,80 b	6039,24 c	4337,12 b	6719,05
AS 3466	6793,08 b	8399,92 b	5601,05 d	4398,94 b	6682,51
P 30R07	5966,38 c	11427,66 a	5774,18 d	2685,90 b	6654,79
XB 8010	4658,35 d	9788,79 a	4777,59 e	3331,21 b	6649,61
Z 8410	6692,38 b	7611,04 b	7299,28 c	3347,66 b	6645,84
DINA 500	7485,84 a	8066,59 b	6748,91 c	4119,41 b	6615,29
97 HT 18bC	5477,70 c	9505,46 a	5260,44 d	4031,98 b	6611,24
CO 34	6527,52 b	7822,14 b	6888,99 c	3658,03 b	6588,74
HT 7105-3	5848,80 c	10399,90 a	6039,30 c	4570,71 a	6555,92
Z 8490	5670,47 c	9555,46 a	4881,15 e	3448,38 b	6370,53
CO 32	6529,36 b	8733,25 b	5507,79 d	3953,17 b	6370,37
CDX 97SO1	4029,28 d	8355,47 b	4470,02 e	3653,60 b	6304,13
HT 97 1011	4744,55 d	10172,12 a	3472,84 e	2661,94 b	6207,30
MTC 833 N	6320,87 b	9455,46 a	4388,37 e	4085,36 b	6157,74
SHS 4040	5645,62 c	8622,14 b	4465,47 e	2895,27 b	5997,81
OC 705	4034,38 d	7788,81 b	4752,09 e	3288,38 b	5937,98
CDX 99 TO 5	4533,49 d	7405,48 b	4795,01 e	4044,47 b	5833,79
PL 6443	4082,22 d	8161,03 b	3566,94 e	2808,83 b	5637,89
PL 6403	4141,74 d	6955,49 b	4414,47 e	4091,19 b	5573,65
PL 6440	4523,50 d	7783,26 b	4555,02 e	3324,43 b	5309,03
CV (%)	8	9	10	16	Média Geral
Média Geral	6255,17	9168,73	5926,39	4098,16	6827,02
Ef (%)	105,57	90,22	93,2	122,9	106,57

* Grupo de médias seguidas pelas mesmas letras, na vertical, não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Tabela 14 – Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

FV	GL	QM	F	Probabilidade
Rep./Locais	10	3952351,98209		
Ambientes	9	219068103,02476	55,42728**	<0,0001
Blocos/Rep./Local (Ajust.)	100			
Genótipos (Ajust.)	41	4165754,92281	9,84383**	<0,0001
G x A	369	1126112,46099	2,66105**	<0,0001
Resíduo Médio	310	423184,2651		
Total	839			

** significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Tabela 15 – Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

FV	GL	QM	F	Probabilidade
Rep./Locais	9	1997886,07249		
Ambientes	8	207804063,05910	104,01197**	<0,0001
Blocos/Rep./Local (Ajust.)	108			
Genótipos (Ajust.)	48	6572907,44747	8,94186**	<0,0001
G x A	384	1562283,85695	2,12535**	<0,0001
Resíduo Médio	324	735071,43237		
Total	881			

** significativos, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Para o agrupamento dos ensaios, a fim de proceder à análise conjunta o critério utilizado foi reunir em um mesmo grupo os ensaios cujos quadrados médios residuais que não ultrapassem uma relação aproximada do maior pelo menor de 7:1, garantindo grau adequado de homogeneidade. A fim de atender este critério foram eliminados os ensaios de Lavras e Ponte Nova na safra 1998/2000 e mantidos todos os ambientes na safra 1999/2000, conforme demonstrado nas Tabelas 16 e 17.

Tabela 16 – Valores de quadrado médio residual (QMR) para produtividade de cultivares de milho (kg/ha), relação entre o maior e o menor quadrado médio residual (Maior/Menor) e eficiência relativa do látice em relação ao delineamento em blocos casualizados (Ef. DBC), com base na produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, nos diferentes locais, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Local	QMR	(Maior/Menor)
Patos de Minas 2	164125,9954	1
Janaúba	228727,6413	1,39
Patos de Minas - 1	272743,2603	1,66
Uberlândia - 1	275065,0920	1,68
Capinópolis	322288,6072	1,96
Indianópolis	353254,7096	2,15
Uberlândia - 2	532818,6065	3,25
Coimbra	768714,7418	4,68
Sete Lagoas	836090,3091	5,09
Inhaúma	960284,0302	5,85
Ponte Nova	1427426,296	8,70
Lavras	1503190,8310	9,16

Tabela 17 – Valores de quadrado médio residual (QMR) para produtividade de cultivares de milho (kg/ha), relação entre o maior e o menor quadrado médio residual (Maior/Menor) e eficiência relativa do látice em relação ao delineamento em blocos casualizados (Ef. DBC), com base na produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, nos diferentes locais, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Local	QMR	(Maior/Menor)
Patos de Minas - 2	283427,8895	1
Uberlândia - 1	366589,5638	1,29
Capinópolis	408373,0298	1,44
Uberlândia - 2	509214,5344	1,80
Janaúba	512829,1111	1,81
Sete Lagoas	644165,6809	2,27
Inhaúma	790928,4435	2,79
Lavras	1510297,8640	5,331
Coimbra	2099855,98	7,408783884

4.2.1. Estratificação de ambientes pelo método tradicional

A estratificação de ambientes pela análise de interação genótipos x ambientes é uma das metodologias bastante utilizadas pelos melhoristas, com a finalidade de contornar os inconvenientes proporcionados pela interação. Porém, mesmo com esse procedimento, uma parte da interação sempre existirá em função de fatores imprevisíveis que ocorrem de ano a ano, como temperatura, precipitações, pragas, doenças etc.

Na Tabela 18 é apresentada a formação de grupos de ambientes, cuja interação é não-significativa para os ensaios da safra 1988/1999.

Tabela 18 – Valores de quadrado médio da interação G x A dividido pelo número de repetições, F calculado (Fcal), F tabelado (Ftab), a 5% de probabilidade e agrupamento de locais (Amb.), segundo o método de estratificação ambiental tradicional, com base na produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

QMI/r	Fcal	Ftab (5%)	Ambientes
96193,328381	0,454617	1,42	Grupo 1: ID e U2
274574,518126	1,297659	1,31	Grupo 2: ID, U2 e P2
200771,179435	0,948859	1,42	Grupo 3: J e P1
289681,084094	1,369054	1,42	Grupo 5: Ca e P1
			CO
			IH
			SL
			U1

Os locais Indianópolis, Uberlândia 2 e Patos de Minas 2 formam um grupo cuja interação é não-significativa. Os locais Janaúba, Patos de Minas 1 formam outro grupo cuja interação é não-significativa. Patos de Minas 1 apresentou interação não-significativa com Capinópolis e Janaúba, classificando-se como ambiente intermediário entre Janaúba e Capinópolis, apesar de estarem situados geograficamente bem distantes, cerca de 319 km em linha reta de Capinópolis e mais de 500 km de Janaúba, possuírem altitudes diferentes e pertencerem a regiões edafoclimáticas distintas.

Coimbra, Inhaúma, Sete Lagoas e Uberlândia 1 caracterizaram-se como ambientes isolados, não apresentando interações não-significativas com os demais locais.

Os locais Indianópolis e Uberlândia 2 foram os mais similares nos ensaios da safra 1988/1999, fato esperado pela reduzida distância geográfica existente entre estes dois ambientes, aproximadamente 41 km medidos em linha reta. Porém, apesar de Uberlândia 1 estar situado próximo a estes dois ambientes anteriormente citados, não apresentou interação não-significativa, possivelmente pela condição de manejo cultural diferente da empregada nos outros dois ambientes, ou uma mancha de solo com característica peculiar; enfim, alguma variável ambiental que imprimiu um comportamento diferente neste ambiente.

Na safra 1999/2000, conforme Tabela 19, os locais Patos de Minas 2, Uberlândia 1 e Uberlândia 2 se agruparam com base na interação não-significativa entre eles.

Tabela 19 – Valores de quadrado médio da interação $G \times A$ dividido pelo número de repetições, F calculado (F_{cal}), F tabelado (F_{tab}), a 5% de probabilidade e agrupamento de locais (Amb.), segundo o método de estratificação ambiental tradicional, com base na produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

QMI/r	Fcal	Ftab (5%)	Ambientes
218772,554866	0,595242	1,39	Grupo 1: P2 U1
439222,952077	1,195048	1,29	Grupo 2: P2 U1 U2
411812,555588	1,120469	1,39	Grupo 3: J L
423471,906426	1,152193	1,39	Grupo 4: CA J
503285,605423	1,369352	1,39	Grupo 5: J U2
			CO
			IH
			SL

Janaúba também apresentou interação não-significativa com Lavras, Capinópolis e Uberlândia 2, formando grupos únicos com cada um destes ambientes, apesar de estarem consideravelmente distantes de Janaúba. Talvez pelo fato de Janaúba se situar numa região de transição entre Cerrado

e Caatinga, isto lhe imprime maior versatilidade de influências ambientais, se comportando com maior flexibilidade. Pode-se concluir que Janaúba é um ambiente intermediário, sendo o que melhor representa os locais Lavras, Capinópolis e Uberlândia 2 no ensaio da safra 1999/2000.

Coimbra, Inhaúma e Sete Lagoas não se agruparam com quaisquer outros locais, comportando-se como ambientes isolados.

Os ambientes Patos de Minas 2, Uberlândia 1 e Uberlândia 2 se agruparam de forma lógica, pois, geograficamente, estão próximos uns aos outros, cerca de 185 km, possuem altitudes semelhantes e se localizam nos Cerrados, apresentando coerência, demonstrando homogeneidade das condições climáticas e também das práticas culturais durante a safra 1999/2000 para esta região. Desse modo, experimentos instalados em qualquer um dos locais, dentro do grupo formado, poderiam ser utilizados como representativos da região estudada, sem necessidade de se instalarem experimentos em todos os locais da região.

Os ambientes Patos de Minas 2 e Uberlândia 1 foram os mais similares dentre todos os ambientes. Uberlândia 1, que no ensaio da safra 1988/1999 se caracterizou como ambiente isolado, possivelmente demonstrando alguma alteração de manejo cultural ocorrida durante a referida safra, isolando-o dos demais ambientes vizinhos geograficamente.

Observa-se que os ambientes com altitudes na faixa 800 m situados na região dos Cerrados (Indianópolis, Uberlândia 2 e Patos de Minas 2) foram agrupados juntos na safra 1988/1999 e Patos de Minas 2, Uberlândia 1 e Uberlândia 2 agruparam-se na safra 1999/2000, comprovando a prática corrente de se regionalizar a recomendação de cultivares de acordo com a altitude (Correia, 2001), tendo como limite divisor das altitudes a faixa de 700 a 800 m. Vale ressaltar que Patos de Minas 1 não se agrupou com os referidos ambientes na safra 1988/1999, talvez pela baixa confiabilidade de aquisição de dados ocorrido neste ambiente.

Coimbra, Inhaúma e Sete Lagoas demonstraram ser ambientes isolados em ambas as safras, com tendência de possuírem características com certo grau de estabilização que os individualizam dos demais, a serem averiguados com dados de outras safras. Inhaúma e Sete Lagoas apesar de distarem apenas 14 km, não se agruparam nas safras 1988/1999 e 1999/2000,

possivelmente caracterizando uma diferença de manejo cultural empregada pela empresa Santa Helena Sementes e o Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, do que uma condição ambiental edafoclimática peculiar. Coimbra, por outro lado, se caracterizou peculiarmente por se situar numa região distinta das demais em termos de relevo, vegetação natural Floresta Tropical com expansão da Mata Atlântica, enfim, imprimindo um ambiente diferente dos demais.

Patos de Minas 2 e Uberlândia 2 formaram um grupo único tanto na safra 1988/1999 e na safra 1999/2000, demonstrando que tanto um como outro poderiam ser usados. Também fica caracterizada a influência similar do manejo cultural dos ensaios conduzidos pela empresa Aventis, refletindo a igualdade das práticas agronômicas que estes dois ensaios foram conduzidos por esta instituição de pesquisa.

Não houve inconsistência de resultados tão expressiva entre as safras 1988/1999 e 1999/2000 como outros autores têm relatado (Silva, 1981; Carneiro, 1998; Murakami, 2001). Uma provável explicação para este fato talvez seja o uso apenas de 2 anos de ensaios e também a presença de locais não comuns entre as safras, que no caso foram os locais Indianópolis e Patos de Minas 1, presentes apenas na safra 1988/1999.

Como explicação para as inconsistências de resultados entre anos, Silva (1981) atribui a existência da interação genótipos x anos. Carneiro (1998) não constatou que nem mesmo um único par de ambientes permaneceu unido nos três anos de sua avaliação.

Conclui-se, então, que o estabelecimento de sub-regiões, de acordo com o comportamento de genótipos nos ambientes, apesar de ser estatisticamente fácil, é de pouca consistência, quando baseados em apenas poucos anos de análise.

4.2.2. Decomposição da interação G x A significativa em partes simples e complexa

A interação do tipo complexo indica falta de consistência de superioridade do cultivar com a variação ambiental, ou seja, houve cultivares

apresentando maior produtividade de grãos num ambiente do que em outro e vice-versa.

Na safra 1988/1999 (Tabela 20), verificou-se que os pares de ambientes onde a interação foi não-significativa, apenas o par Indianópolis x Uberlândia 2 foi do tipo simples e em maior grau de todo o ensaio. Todos os demais apresentaram do tipo complexo.

A grande maioria dos pares de ambientes apresentou interação significativa do tipo complexo, confirmando o não-agrupamento detectado pelo processo de estratificação ambiental pelo método tradicional.

Apesar do par de ambiente Indianópolis x Patos de Minas 2 apresentar interação significativa, eles se agruparam com Uberlândia 2 no processo de estratificação de ambientes. A explicação para este fato é por apresentar interação do tipo simples em nível relativamente alto, 40,7% (Cruz e Castoldi, 1991), com correlação moderada, 0,568. Ao analisar pelo aspecto de distância geográfica, seria de esperar que o par se agrupasse, pois se encontram relativamente próximos uns dos outros, estão localizados nos Cerrados e possuem altitudes semelhantes.

Na safra 1999/2000 (Tabela 21), também se verificou que a maioria dos pares de ambientes onde a interação foi não-significativa, e apenas o par Patos de Minas 2 x Uberlândia 1 foi do tipo interação $G \times A$ simples, porém não tão expressiva, 58,85%, segundo Cruz e Castoldi (1991).

A grande maioria dos pares de ambientes apresentou interação significativa e do tipo complexo, explicando o não-agrupamento pelo processo de estratificação ambiental.

Apesar de o par de ambiente Uberlândia 1 x Uberlândia 2 apresentar interação significativa, eles se agruparam com Patos de Minas 2 no processo de estratificação de ambientes. Diferentemente da safra 1988/1999, eles não apresentaram interação do tipo simples em nível considerável, apresentando o valor de 28,33% (Cruz e Castoldi, 1991), com correlação significativa, porém não tão elevada, 0,42. Pelo aspecto de distância geográfica, seria de esperar que o par se agrupasse, pois se encontram situados no mesmo município de Uberlândia.

Tabela 20 – Pares de ambientes, quadrado médio da interação G x Ajj' (QMGAjj'), correlação de Pearson entre ambientes e porcentagem da parte simples resultante da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes, segundo as metodologias propostas por Robertson (1959) e Cruz e Castoldi (1991), com base na produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Pares de Ambientes (jj')	QMGAjj' (Teste F)	Correlação ($H_0: r = 0$) (<i>Testet</i>)	Parte Simples (%) da Interação GxA	
			Robertson (1959)	Cruz e Castoldi (1991)
CA x CO	537.627,35 **	-0,03 ns	2,76	1,37
CA x ID	822.015,58 **	0,02 ns	14,89	15,62
CA x IH	549.770,62 **	0,24 ns	12,23	23,24
CA x J	399.792,01 **	-0,01 ns	0,01	-0,73
CA x P1	289.681,08 ns	0,27 ns	0,01	14,41
CA x P2	625.699,19 **	-0,15 ns	3,20	-3,89
CA x SL	612.416,96 **	-0,03 ns	5,32	3,70
CA x U1	649.776,55 **	0,13 ns	12,30	18,01
CA x U2	425.613,52 **	0,07 ns	0,85	4,32
CO x ID	839.195,09 **	0,13 ns	6,20	12,56
CO x IH	544.441,96 **	0,35 *	3,47	21,91
CO x J	347.687,95 **	0,34 *	4,70	22,52
CO x P1	361.151,78 **	0,31 *	4,40	20,82
CO x P2	609.543,76 **	0,09 ns	0,06	4,64
CO x SL	389.351,80 **	0,46 **	0,88	27,10
CO x U1	803.937,62 **	0,06 ns	3,22	6,28
CO x U2	512.273,80 **	0,12 ns	0,74	6,79
ID x IH	970.516,98 **	0,14 ns	0,84	8,29
ID x J	571.253,35**	0,37 *	22,17	38,07
ID x P1	659.509,86 **	0,24 ns	19,02	29,52
ID x P2	447.934,33 **	0,57 **	9,68	40,67
ID x SL	656.511,51 **	0,37 *	4,37	24,20
ID x U1	1.138.664,32 **	0,02 ns	0,40	1,61
ID x U2	96.193,33 ns	0,98 **	87,19	98,42
IH x J	586.571,71 **	0,17 ns	12,00	19,87
IH x P1	526.566,74 **	0,27 ns	13,20	25,77
IH x P2	897.909,89 **	-0,06 ns	1,54	-1,56
IH x SL	808.820,19 **	0,09 ns	0,77	5,55
IH x U1	913.250,87 **	0,11 ns	0,06	5,93
IH x U2	635.577,55 **	0,17 ns	6,23	14,46
J x P1	200.771,18 ns	0,49 **	0,00	28,25
J x P2	398.083,77 **	0,27 ns	5,47	19,49
J x SL	310.648,63 *	0,50 **	11,20	37,28
J x U1	655.451,63 **	0,11 ns	12,72	17,68
J x U2	306.287,90 *	0,32 *	1,43	19,00
P1 x P2	472.112,21**	0,13 ns	4,51	11,15
P1 x SL	471.618,31 **	0,21 ns	7,24	17,66
P1 x U1	588.789,36 **	0,22 ns	14,00	23,83
P1 x U2	333.759,95 *	0,27 ns	1,25	15,36
P2 x SL	430.752,85 **	0,42 **	0,35	24,01
P2 x U1	789.542,43**	0,10 ns	2,52	7,71
P2 x U2	279.595,89 ns	0,54 **	2,37	33,96
SL x U1	678.759,02 **	0,27 ns	1,54	15,86
SL x U2	429.556,27 **	0,35 *	3,37	21,94
U1 x U2	762.543,72 **	0,04 ns	6,49	8,20

ns = não-significativo; *e** = significativos, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 21 – Pares de ambientes, quadrado médio da interação G x Ajj' (QMGAjj'), correlação de Pearson entre ambientes e porcentagem da parte simples resultante da decomposição da interação entre genótipos e pares de ambientes, segundo as metodologias propostas por Robertson (1959) e Cruz e Castoldi (1991), com base na produtividade de grãos (kg/ha) de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Pares de Ambientes (jj')	QMGAjj' (Teste F)	Correlação ($H_0: r = 0$) Teste t	Parte Simples (%) da Interação GxA	
			Robertson (1959)	Cruz e Castoldi (1991)
CA x CO	812.611,74 **	0,18 ns	9,41	17,82
CA x IH	687.976,00 **	0,35 *	12,84	29,51
CA x J	423.471,91 ns	0,25 ns	0,17	13,59
CA x L	609.494,12 **	0,31 *	6,90	22,39
CA x P2	696.410,67 **	0,26 ns	8,67	21,49
CA x SL	812.770,47 **	0,09 ns	6,36	10,90
CA x U1	597.369,84 **	0,41 **	11,98	32,14
CA x U2	606.229,61 **	0,10 ns	0,81	6,00
CO x IH	1.040.049,17 **	0,25 ns	0,04	13,32
CO x J	912.697,32**	0,04 ns	10,06	11,67
CO x L	928.960,81 **	0,25 ns	0,55	13,86
CO x P2	979.358,49 **	0,25 ns	0,10	13,26
CO x SL	984.399,82 **	0,23 ns	0,25	12,21
CO x U1	1.039.080,71 **	0,22 ns	0,01	11,75
CO x U2	892.060,14 **	0,16 ns	4,78	12,66
IH x J	716.941,30 **	0,30 *	14,61	28,46
IH x L	1.127.779,50 **	0,11 ns	0,75	6,54
IH x P2	948.536,79 **	0,29 *	0,28	15,92
IH x SL	1.166.643,59 **	0,11 ns	0,42	5,84
IH x U1	996.220,82 **	0,27 ns	0,09	14,75
IH x U2	980.789,14 **	0,10 ns	5,26	10,22
J x L	411.812,56 ns	0,54 **	13,02	40,94
J x P2	699.536,15 **	0,24 ns	10,59	21,86
J x SL	538.316,42 *	0,41 **	11,96	32,23
J x U1	770.819,66**	0,19 ns	11,21	19,94
J x U2	503.285,61 ns	0,22 ns	1,85	13,57
L x P2	733.490,61 **	0,38 **	0,22	21,59
L x SL	874.236,79 **	0,25 ns	0,06	13,16
L x U1	814.204,35 **	0,33 *	0,48	18,82
L x U2	604.663,72 **	0,36**	3,01	22,64
P2 x SL	932.030,94 **	0,24 ns	0,04	12,64
P2 x U1	218.772,55 ns	0,83 **	0,22	58,85
P2 x U2	476.254,48 ns	0,54 **	6,48	36,68
SL x U1	1.125.648,29 **	0,10 ns	0,14	5,45
SL x U2	835.543,50 **	0,15 ns	2,96	10,29
U1 x U2	622.641,82 **	0,42 **	6,26	28,33

ns = não-significativo; *e** = significativos, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

4.2.3. Estratificação de ambientes por análise de fatores

Na análise de fatores realizada nos ensaios da safra 1988/1999, considerando-se a produtividade de grãos (kg/ha) de 42 cultivares de milho e dez ambientes, quatro autovalores apresentaram valores superiores a 1, contribuindo com 72,96% da variação total (Tabela 22). Como quatro fatores contribuíram muito pouco, outro fator foi considerado adicionalmente para que adequada variabilidade fosse conseguida, perfazendo um total de cinco fatores. Assim, 81,10% da variação total foram obtidas, considerando-se os cinco primeiros fatores. Dessa forma, fixaram-se cinco fatores finais para obtenção das cargas fatoriais finais (após as rotações).

Tabela 22 – Estabelecimento de subgrupos de ambientes segundo a metodologia da análise de fatores, considerando 42 genótipos e dez ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Estimativas dos Autovalores			Ambientes	Cargas Fatoriais após a Rotação					Comunidades
Raiz	Raiz (%)	% Acumulada		Fator 1	Fator 2	Fator 3	Fator 4	Fator 5	
3,34	33,36	33,36	CA	-0,01	0,09	0,83	0,12	-0,08	0,72
1,68	16,82	50,19	CO	-0,01	0,73	-0,28	0,06	-0,42	0,79
1,25	12,48	62,67	ID	0,96	0,10	0,05	-0,04	-0,15	0,95
1,03	10,29	72,96	IH	0,09	0,84	0,34	0,02	0,00	0,82
0,81	8,14	81,10	J	0,24	0,10	-0,09	0,04	-0,83	0,77
0,64	6,40	87,5	P1	0,11	0,11	0,41	0,08	-0,77	0,79
0,50	5,04	92,54	P2	0,72	-0,12	-0,28	0,21	-0,16	0,68
0,45	4,54	97,08	SL	0,35	0,27	-0,37	0,44	-0,45	0,72
0,28	2,80	99,88	U1	0,00	0,02	0,15	0,94	-0,05	0,92
0,01	0,12	100,00	U2	0,95	0,11	0,12	-0,03	-0,13	0,95

Analisando as cargas fatoriais finais do primeiro fator (fator 1), verificou-se que a análise de fatores agrupou os ambientes Indianópolis, Uberlândia 2 e Patos de Minas 2, com Patos de Minas 2 com menor carga fatorial (Tabela 22). O ambiente Inhaúma apareceu agrupado com Coimbra no segundo fator. Capinópolis apresentou a maior carga fatorial considerável isoladamente no terceiro fator, Uberlândia 1 no quarto fator. Janaúba e Patos de Minas 1 foram agrupados no quinto fator pelas suas cargas fatoriais consideráveis, porém negativas.

Esses resultados, em parte, coincidem com os obtidos pelo método tradicional de estratificação ambiental discutidos anteriormente (formação de subgrupos cuja interação seja não-significativa, utilizando o teste F), conforme se verifica na Tabela 18, pois o agrupamento detectado entre Capinópolis e Patos de Minas 1 pelo método tradicional não foi detectado pela técnica de análise de fatores. Coimbra e Inhaúma apresentaram-se agrupados na análise de fatores, porém na análise tradicional se comportaram como ambientes isolados.

Para entender e certificar os agrupamentos gerados pela análise de fatores é necessário analisar os resultados das correlações entre ambientes. Conforme consta na Tabela 20, as maiores correlações ocorreram entre os ambientes Indianópolis e Uberlândia 2 ($r = 0,98$), Indianópolis e Patos de Minas 2 ($r = 0,57$) e Patos de Minas e Uberlândia 2 ($r = 0,54$), evidenciando alta correlação entre os ambientes Indianópolis, Uberlândia 2 e Patos de Minas 2 agrupados no primeiro fator. Observa-se também correlação não tão elevada, 0,49, porém significativa a 1%, entre Janaúba e Patos de Minas 1, explicando seu agrupamento no quinto fator, denotando-se particularmente por apresentarem suas cargas fatoriais negativas. Por sua vez, o par Coimbra e Inhaúma, que não se agruparam pelo método tradicional, agruparam-se no segundo fator, apesar de se observar baixa correlação, 0,34, porém significativa pelo teste t, a 5%, explicando o agrupamento detectado pela análise de fatores.

Capinópolis apresentou baixas correlações com todos os ambientes, variando de -0,15 para Patos de Minas 2 a 0,27 para Pato de Minas 1, todas não-significativas; por essa razão, aparece isolado no terceiro fator. Situação semelhante acontece com Uberlândia 1, com baixas correlações variando de 0,02 para Coimbra a 0,27 para Sete Lagoas, ficando isolado no quarto fator.

Sete Lagoas apesar de apresentar correlações significativas com os alguns ambientes não se agrupou com nenhum destes.

Nos ensaios de safra 1999/2000, três autovalores foram superiores a 1, contribuindo com apenas 63,03% da variação total (Tabela 23). Para atingir o mínimo de 80%, cinco autovalores foram considerados, contribuindo com 82,1% da variação total. As cargas fatoriais finais (após as rotações), fixando-se cinco fatores, também podem ser observadas na Tabela 23.

Analisando as cargas fatoriais finais para os ensaios de safra 1999/2000, constatou-se que o primeiro fator (fator 1) agrupou os ambientes Patos de Minas 2, Uberlândia 1 e Uberlândia 2. Os ambientes Sete Lagoas, Inhaúma, Coimbra e Lavras apareceram isolados nos fatores 2, 3, 4 e 5, respectivamente, não formando nenhum subgrupo (Tabela 23).

Tabela 23 – Estabelecimento de subgrupos de ambientes segundo a metodologia da análise de fatores, considerando 49 genótipos e nove ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Estimativas dos Autovalores			Ambientes	Cargas Fatoriais após a Rotação					Comunidades
Raiz	Raiz (%)	% Acumulada		Fator 1	Fator 2	Fator 3	Fator 4	Fator 5	
3,27	36,28	36,28	CA	0,12	-0,24	0,64	0,13	-0,51	0,67
1,28	14,24	50,52	CO	0,12	0,12	0,13	0,95	-0,08	0,85
1,13	12,51	63,03	IH	0,14	0,22	0,85	0,08	0,05	0,65
0,96	10,62	73,65	J	0,09	0,56	0,25	-0,22	-0,64	0,83
0,76	8,45	82,10	L	0,29	0,15	-0,04	0,17	-0,85	0,62
0,68	7,50	89,60	P2	0,90	0,12	0,21	0,10	-0,09	0,85
0,51	5,61	95,21	SL	0,09	0,86	0,04	0,18	-0,11	0,67
0,30	3,33	98,54	U1	0,83	-0,09	0,33	0,09	-0,14	0,83
0,13	1,46	100,00	U2	0,75	0,14	-0,18	0,03	-0,20	0,66

Também estes resultados coincidem em parte com os obtidos pelo método tradicional de estratificação ambiental, discutidos anteriormente (Tabela 19).

Como pode ser observado na Tabela 21, os ambientes Patos de Minas 2 e Uberlândia 1 e Uberlândia 2 apresentaram as maiores correlações, a ponto de serem agrupados pela análise de fatores.

Apesar de Janaúba apresentar correlação significativa, a 1% pelo teste t, com Lavras e Janaúba, significativa a 5% com Sete Lagoas e Inhaúma, porém não tão elevadas, 0,54, 0,41, 0,3 e 0,3, respectivamente, não se agrupou em nenhum fator, o que já ocorreu pelo método tradicional com Lavras. Janaúba também apresentou baixas correlações com os demais ambientes, não sendo detectado pela técnica em nenhum fator, explicado pela interação $G \times A$ predominantemente complexa.

Os ambientes Sete Lagoas, Inhaúma, Coimbra e Lavras tiveram baixas correlações com os demais ambientes e, por isso, não puderam ser alocados em algum subgrupo.

Apesar de a análise de fatores dos dados das safras 1988/1999 e 1999/2000 não terem apresentado os mesmos resultados de estratificação ambiental pelo método tradicional (formação de subgrupos cuja interação seja não-significativa, utilizando o teste F), ela se constituiu em uma metodologia alternativa para análise e estabelecimento de subgrupos de ambientes de acordo com as similaridades (correlações) entre ambientes, de forma que as correlações dentro de cada subgrupo fosse máxima e mínima ou nula entre os subgrupos. De certo modo, houve semelhança na forma de agrupamento, pois, no método tradicional, somente houve o agrupamento para as interações não-significativas, ou seja, onde está havendo maior similaridade (correlação) de ambientes e quando a interação é significativa (falta de correlação de respostas dos genótipos com a variação ambiental), o ambiente não pode ser agrupado, a não ser que a interação seja predominantemente do tipo simples.

As comunalidades (soma dos quadrados das cargas da i -ésima variável dos dois fatores comuns que corresponde à porção da variância da i -ésima variável contribuída pelos cinco fatores comuns) apresentaram valores relativamente altos (superiores a 0,64), indicando, de certa forma, boa qualidade de fatoraçoão, com pequena variância específica.

As comunalidades da análise de fatores para os ensaios das safras 1988/1999 e 1999/2000 apresentaram valor mínimo de 0,64, indicando que a fatoraçoão da matriz de co-variâncias e variâncias, considerando apenas cinco fatores finais, têm baixas variâncias específicas e, portanto, boa fatoraçoão.

Estes dados concordam com as observações de Murakami (2001), de que ao analisar as várias combinações de correlações torna-se bastante trabalhosa quando se tem grande número de ambientes; assim, a análise de fatores simplifica essas análises, bastando, apenas, observar as cargas fatoriais finais. E também, conforme observado pelo mesmo autor, a análise de fatores se presta para fins de estratificação ambiental.

Com base nos resultados obtidos nos ensaios das safras 1988/1999 e 1999/2000, pôde-se concluir que a análise de fatores pode ser empregada,

com sucesso, nos processos de estratificação de ambientes, concordando com o observado com Murakami (2001).

4.3. Adaptabilidade e estabilidade de comportamento dos cultivares

4.3.1. Método de Eberhart e Russell (1966)

Na utilização da metodologia de Eberhart e Russell (1966) observaram-se, nos ensaios das duas safras, efeitos significativos para ambiente linear, indicando a presença de variações significativas nos ambientes para proporcionar alterações nas médias dos genótipos estudados. E $G \times \text{Amb. Linear}$ significativo, indicando a existência de diferenças entre os coeficientes de regressão do grupo dos genótipos avaliados; efeito significativo de desvio combinado das regressões, o que indica falta de linearidade para, pelo menos, uma das equações ajustadas, mesmo apresentando R^2 elevado (Tabelas 24 e 27).

Na safra 1988/1999, seis ambientes (Capinópolis, Janaúba, Uberlândia 1, Uberlândia 2 e Inhaúma), foram considerados desfavoráveis (apresentaram médias inferiores à média geral), sendo os ambientes favoráveis (apresentaram médias superiores à média geral): Indianópolis, Sete Lagoas, Patos de Minas 1 e Coimbra (Tabela 25). A classificação dos ambientes não esteve relacionada tão somente às condições edafoclimáticas, sendo muito importantes o manejo cultural e os aspectos imprevisíveis (temperatura, precipitação, pragas e doenças).

Dos híbridos testados, 12 apresentaram adaptabilidade específica com $b_{ji} \neq 1$, pelo método de Eberhart e Russell (1966), conforme Tabela 24. Dentre os quais, o híbrido P 30F33 se destacou por sua produtividade alta, 9.152 kg/ha, porém com estabilidade ou previsibilidade baixa; entretanto, não deve ser julgado totalmente imprevisível, uma vez que seu R^2 atingiu níveis de 84%. Por sua vez, o híbrido P 3041 apresentou também produtividade alta, ocupando a segunda posição, porém com ampla estabilidade e previsibilidade, constituindo um genótipo altamente recomendável para ambientes favoráveis.

Tabela 24 – Resultado da análise de variância conjunta com a decomposição da soma de quadrados de ambientes/genótipos e estimativas das médias de produtividade de grãos em kg/ha (\hat{b}_{oi}), dos coeficientes de regressão (\hat{b}_{1i}), dos desvios de regressão (\hat{s}_{di}^2) e dos coeficientes de determinação (R^2), segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966), dos 42 híbridos de milho e dez ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

F.V.	G.L.	S.Q.	Q. M.	Média	\hat{b}_{1i}	\hat{s}_{di}^2	R^2 (%)
			$(\hat{b}_{oi}) \left(\begin{matrix} Ho: b_1=1 \\ Testet \end{matrix} \right) \left(\begin{matrix} Ho: s_{di}^2=0 \\ Teste F \end{matrix} \right)$				
AMBIENTE (A)	9	1.971.612.927,2229	219.068.103,0248 **				
GEN.TIPO (G)	41	170.795.951,8354	4.165.754,9228 **				
INT GxA	369	415.535.498,1049	1.126.112,4610 **				
AMB./GEN.	378	2.387.148.425,3278	6.315.207,4744				
AMB. LINEAR	1	1.971.612.927,2229	1.971.612.927,2229 **				
G x AMB. LINEAR	41	38.150.313,8963	930.495,4609 **				
DEV. COMB.	336	377.385.184,2087	1.123.170,1911 **				
DESV-BRS 3060-A	8	20.296.405,5755	2.537.050,6969	7.994,23	1,23 *	1.056.933,22 **	77,83
DESV-CX 9610	8	5.299.460,1599	662.432,5200	8.170,29	0,77 *	119.624,13 ns	83,86
DESV-HT 47 C	8	16.456.662,0531	2.057.082,7566	8.400,66	1,22 *	816.949,25 **	80,84
DESV-CX 9856	8	6.539.549,4893	817.443,6862	7.327,18	1,06 ns	197.129,71 ns	89,05
DESV-30F45	8	5.222.779,1966	652.847,3996	8.274,75	1,00 ns	114.831,57 ns	90,00
DESV-HT 7105-3	8	3.162.761,5217	395.345,1902	8.133,39	0,99 ns	-13.919,54 ns	93,55
DESV-NB 6077	8	7.791.494,3241	973.936,7905	7.233,34	0,77 *	275.376,26 **	78,02
DESV-AG 8014	8	4.106.297,0600	513.287,1325	7.724,02	0,90 ns	45.051,43 ns	90,35
DESV-P 3071	8	6.467.147,5317	808.393,4415	7.891,45	0,97 ns	192.604,59 ns	87,24
DESV-C 701	8	3.982.839,2180	497.854,9023	7.534,66	0,69 **	37.335,32 ns	85,00
DESV-CD 3121	8	6.843.551,2314	855.443,9039	7.327,38	0,79 *	216.129,82 **	81,01
DESV-C 747	8	5.342.220,3086	667.777,5386	7.858,50	0,98 ns	122.296,64 ns	89,36
DESV-HT 971011	8	13.346.931,7555	1.668.366,4694	7.483,87	1,13 ns	622.591,10 **	81,90

Continua...

Tabela 24, Cont.

F.V.	G.L.	S.Q.	Q. M.	Média	\hat{b}_{1j}	\hat{s}_{di}^2	R ² (%)
DESV-G 186 C	8	3.973.446,0281	496.680,7535	7.905,20	0,91 ns	36.748,24 ns	90,78
DESV-Z 8410	8	18.862.483,4935	2.357.810,4367	7.355,62	0,95 ns	967.313,09 **	69,37
DESV-AG 5016	8	2.116.263,0568	264.532,8821	7.422,33	1,07 ns	-79.325,69 ns	96,24
DESV-Z 8392	8	18.803.988,8114	2.350.498,6014	7.545,40	0,75 **	963.657,17 **	58,59
DESV-Z 8420	8	2.118.963,1490	264.870,3936	8.411,54	0,99 ns	-79.156,94 ns	95,64
DESV-AG 5011	8	4.520.795,4829	565.099,4354	7.632,62	1,08 ns	70.957,59 ns	92,40
DESV-CO 32	8	8.889.530,4504	1.111.191,3063	7.952,33	0,92 ns	344.003,52 **	81,83
DESV-P 30F33	8	11.908.550,0602	1.488.568,7575	9.051,82	1,20 *	532.692,25 **	84,97
DESV-P 3041	8	6.629.493,5690	828.686,6961	8.615,48	0,95 ns	202.751,22 ns	86,58
DESV-AS 3466	8	10.740.386,7517	1.342.548,3440	7.586,18	1,04 ns	459.682,04 **	82,48
DESV-CO 34	8	8.561.854,1293	1.070.231,7662	8.030,71	1,06 ns	323.523,75 **	85,98
DESV-XL 357	8	15.237.506,2891	1.904.688,2861	7.907,76	1,14 ns	740.752,01 **	80,13
DESV-Z 8466	8	7.800.693,5292	975.086,6912	8.188,72	1,03 ns	275.951,21 **	86,43
DESV-DINA 657	8	6.694.414,8882	836.801,8610	7.984,52	1,19 *	206.808,80 **	90,79
DESV-SHS 5060	8	8.688.908,1097	1.086.113,5137	7.945,31	1,03 ns	331.464,62 **	85,19
DESV-DINA 1000	8	8.288.436,8663	1.036.054,6083	8.397,62	1,11 ns	306.435,17 **	87,48
DESV-MTL 9877	8	5.380.685,7251	672.585,7156	7.211,76	1,18 ns	124.700,73 ns	92,36
DESV-AGROMEN 2E2	8	16.959.512,9246	2.119.939,1156	7.313,78	0,92 ns	848.377,43 **	70,06
DESV-XB 8010	8	5.866.871,8931	733.358,9866	7.753,08	1,04 ns	155.087,36 ns	89,58
DESV-SHS 4040	8	3.326.057,7310	415.757,2164	7.553,71	0,85 ns	-3713,52 ns	91,07
DESV-XB 7011	8	24.826.302,8038	3.103.287,8505	7.290,95	1,21 *	1.340.051,79 **	73,53
DESV-XL 355	8	26.482.382,0394	3.310.297,7549	7.517,99	0,93 ns	1.443.556,74 **	60,46
DESV-MTL 9729	8	14.425.358,8061	1.803.169,8508	8.447,84	0,97 ns	689.992,79 **	75,40
DESV-AS 523	8	3.796.879,4627	474.609,9328	7.128,80	1,00 ns	25.712,83 ns	92,55
DESV-983-P	8	6.199.688,4637	774.961,0580	7.718,66	1,04 ns	175.888,40 ns	89,13
DESV-HATA 3052	8	5.055.279,1825	631.909,8978	6.972,95	1,03 ns	104.362,82 ns	90,82
DESV-XL 550	8	7.165.761,1263	895.720,1408	7.829,89	1,22 *	236.267,94 **	90,66
DESV-G 182 C	8	7.279.992,2684	909.999,0336	7.625,11	0,90 ns	243.407,38 **	84,03
DESV-R&G 01E	8	1.926.597,6919	240.824,7115	7.165,33	0,76 *	-91.179,78 ns	93,41
RESÍDUO	310	131.187.122,1809	423.184,2651	7.781,35			

ns = não-significativo, * = significativo, a 5% de probabilidade; e ** = significativo, a 1% de probabilidade.

Tabela 25 – Índices ambientais dos dez ambientes segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966), com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Ambiente	Média	Índice Ambiental
CA	5.125,38	-2.655,97
J	6.277,08	-1.504,33
U1	6.597,89	-1.183,46
U2	7.097,74	-683,61
IH	7.718,36	-63,00
P2	7.759,39	-21,96
ID	7.979,68	198,33
SL	9.151,76	1.370,41
P1	9.907,15	2.125,80
CO	10.199,13	2.417,78

Os genótipos C 701, Z 8392, R&G 01E, CX 9610, NB 6077, CD 3121 se caracterizaram por terem adaptação específica a ambientes desfavoráveis, com $b_{ii} < 1$, apresentando, porém, médias altas, acima de 7.165 kg/ha, sendo que o genótipo CX 9610 apresentou média de 8.170 kg/ha, com alta estabilidade, $s_{di}^2 = 0$. Os genótipos DINA 657, P 30F33, XB 7011, HT 47 C, XL 550, BRS 3060-A se caracterizaram por terem adaptação específica a ambientes favoráveis, com $b_{ii} > 1$, com médias acima de 7.290 kg/ha, porém não apresentando médias tão altas quando comparado com os genótipos classificados para os ambientes desfavoráveis. Todos os demais genótipos apresentaram adaptabilidade geral ou ampla.

Vinte e dois genótipos se apresentaram estáveis (previsíveis), a 1% de probabilidade (Tabela 24), e os demais instáveis (imprevisíveis).

Analisando de forma geral, pode ser observado na Tabela 24, que os híbridos P 30F33, P 3041, MTL 9729, Z 8420, HT 47 C foram os que apresentaram as maiores médias de produtividade (valores maiores que 8.400 kg/ha).

O híbrido HATA 3052 teve o pior desempenho, com produtividade média abaixo de 6.973 kg/ha, mantendo-se esta baixa produtividade nos diversos

ambientes, $b_{1i} = 1$, e com estabilidade, $s_{di}^2 = 0$. Os híbridos AS 523, R&G 01E, MTL 9877, NB 6077 apresentaram baixas produtividades, com valores inferiores a 7.233 kg/ha.

Apesar da significância dos efeitos do desvio combinado da regressão linear, verificou-se que a regressão linear se ajustou em mais de 80% da variância total em 32 genótipos dos 42 genótipos analisados.

Na safra 1999/2000, cinco ambientes (Uberlândia 2, Uberlândia 1, Coimbra, Patos de Minas 2 e Capinópolis) foram desfavoráveis. Os ambientes favoráveis foram Janaúba, Inhaúma, Lavras e Sete Lagoas (Tabela 26).

Tabela 26 – Índices ambientais dos nove ambientes segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966), com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Ambiente	Média	Índice Ambiental
U2	4.098,19	-2.728,89
U1	5.926,39	-900,66
CO	6.151,75	-675,30
P2	6.255,17	-571,88
CA	6.677,82	-149,24
J	7.647,68	820,63
IH	7.701,14	874,09
L	7.816,64	989,59
SL	9.168,73	2.341,68

Dos híbridos testados, 13 apresentaram adaptabilidade específica, com $b_{1i} \neq 1$ pelo método de Eberhart e Russell (1966), conforme Tabela 27. Os genótipos NB 5318, NB 7228, DINA 500, O E 9743, MTC 817 U e CDX 99 TO 5 se caracterizaram por terem adaptação específica a ambientes desfavoráveis, com $b_{1i} < 1$, apresentando médias baixas, inferior à média de todos os genótipos e estáveis, $s_{di}^2 = 0$, com exceção do genótipo NB 7228 que se apresentou instável com $s_{di}^2 > 0$, e baixo R^2 , porém, com média de 7.558 kg/ha, sendo a melhor média do conjunto. Os genótipos HT 97 1011, P 30R07, XB 7012, AX 4646, SH-50 Ex556, AG 6690, P 3041 se caracterizaram por terem adaptação específica a ambientes favoráveis, com $b_{1i} > 1$, com médias não tão

elevadas, inferiores à média de todos os genótipos, sendo superior apenas o genótipo AG 6690, 7.867 kg/ha. Com relação à estabilidade, com exceção do genótipo AX 4646, $s_{di}^2 > 0$, todos se comportaram com estáveis, porém com R^2 aceitável de 80,33%. Todos os demais genótipos apresentaram adaptabilidade ampla, isto é, adaptabilidade para ambientes favoráveis e desfavoráveis.

O híbrido P 30F33 que se destacou por adaptabilidade a ambientes favoráveis, alta produtividade, baixa estabilidade na safra 1988/1999, apresentou adaptabilidade ampla, estável e com produtividade média inferior à média geral, 7.263 kg/ha. Já o P 3041 e Z 8420 apresentaram o mesmo comportamento verificado na safra 1988/1999 com relação à adaptabilidade e estabilidade, porém, também com médias não tão elevadas, 7.595 kg/ha e 7.551 kg/ha, respectivamente.

Somente nove genótipos se apresentaram instáveis, a 1% de probabilidade (Tabela 27), e os demais estáveis. Vale ressaltar que alguns genótipos classificados como estáveis, como, por exemplo, o MTC 817 U, que apesar de não apresentar significância, apresentou R^2 baixo, 56%, portanto, podendo se comportar como instável.

Como podem ser observados na Tabela 27, os híbridos 98 HS 16B, AG 6690, P 3041, NB 7228 e Z 8420 foram os que apresentaram as maiores médias de produtividade (valores maiores que 7.551 kg/ha) para a safra 1999/2000, com maior evidência os materiais 98 HS 16B e o Z 8420, por apresentarem também adaptabilidade ampla e alta estabilidade, em especial o 98 HS 16B, com a maior média de todos, 8.350 kg/ha. Os híbridos OC 705, CDX 99 TO 5, PL 6443, PL 6403, PL 6440 apresentaram baixas produtividades, com valores inferiores a 5.937 kg/ha, em particular, o híbrido PL 6440 com o pior desempenho, produtividade média abaixo de 5.310 kg/ha e com estabilidade desta baixa produtividade.

Apesar da significância dos efeitos do desvio combinado da regressão linear, verificou-se que a regressão linear se ajustou em mais de 80% da variância total em 23 genótipos dos 49 genótipos analisados, uma relação inferior ao verificado na safra anterior.

Tabela 27 – Resultado da análise de variância conjunta com a decomposição da soma de quadrados de ambientes/genótipos e estimativas das médias de produtividade de grãos em kg/ha (\hat{b}_{oi}), dos coeficientes de regressão (\hat{b}_{ji}), dos desvios de regressão (\hat{s}_{di}^2) e dos coeficientes de determinação (R^2), segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966), dos 49 híbridos de milho e nove ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

F.V.	G.L.	S.Q.	Q. M.	Média	\hat{b}_{ji}	\hat{s}_{di}^2	R^2 (%)
			$(\hat{b}_{oi}) \left(\frac{Ho: b_i = 1}{Teste t} \right) \left(\frac{Ho: s_{di}^2 = 0}{Teste F} \right)$				
AMBIENTE (A)	8	1.662.432.504,7557	207.804.063,0945 **				
GEN.TIPO (G)	48	315.499.557,4720	6.572.907,4473 **				
INT GxA	384	599.917.000,9506	1.562.283,8566 **				
AMB./GEN.	392	2.262.349.505,7063	5.771.299,7595				
AMB. LINEAR	1	1.662.432.504,7557	1.662.432.504,7557 **				
G x AMB. LINEAR	48	94.956.561,3861	1.978.261,6955 **				
DEV. COMB.	343	504.960.439,5645	1.472.187,8705 **				
DESV-XB 7012	7	9.862.043,2288	1.408.863,3184	7.457,77	1,38 **	336895,94 ns	86,77
DESV-XB 8010	7	12.392.308,4361	1.770.329,7766	6.649,61	1,23 ns	517629,17 ns	80,47
DESV-CD 3121	7	5.331.668,6899	761.666,9557	7.190,88	0,82 ns	13297,76 ns	81,17
DESV-CDX 99 TO 5	7	5.594.409,2045	799.201,3149	5.833,79	0,71 *	32064,94 ns	75,12
DESV-CDX 97SO1	7	22.095.939,5502	3.156.562,7929	6.304,13	0,94 ns	1210745,68 **	57,41
DESV-OC 705	7	12.769.382,0897	1.824.197,4414	5.937,98	1,01 ns	544563,00 ns	72,87
DESV-NB 7228	7	24.168.738,1663	3.452.676,8809	7.557,89	0,56 **	1358802,72 **	30,57
DESV-NB 5318	7	5.121.080,9239	731.582,9891	7.352,78	0,53 **	-1744,22 ns	64,99
DESV-AGROMEN 2E2	7	1.152.096,0518	164.585,1503	6.823,46	1,20 ns	-285243,14 ns	97,68
DESV-98 HT 19 A	7	3.291.173,8306	470.167,6901	6.860,84	1,09 ns	-132451,872 ns	92,41
DESV-DINA 1000	7	15.607.580,9086	2.229.654,4155	7.331,71	0,90 ns	747291,49 **	63,78
DESV-DINA 500	7	9.431.545,4967	1.347.363,6424	6.615,29	0,63 *	306146,11 ns	58,64
DESV-R&G 01ª	7	5.517.251,6216	788.178,8031	7.189,55	0,98 ns	26553,69 ns	85,47
DESV-SHS 4040	7	3.294.327,9048	470.618,2721	5.997,81	1,07 ns	-132226,581 ns	92,15
DESV-SHS 5060	7	11.086.812,8323	1.583.830,4046	6.719,05	0,99 ns	424379,49 ns	74,92
DESV-SH-50 Ex556	7	5.745.686,2893	820.812,3270	6.740,47	1,34 *	42870,45 ns	91,37

Continua...

Tabela 27, Cont.

F.V.	G.L.	S.Q.	Q. M.	Média	\hat{b}_{1i}	\hat{s}_{di}^2	R ² (%)
DESV-SH-70 Ex309	7	8.578.645,2151	1.225.520,7450	7.046,91	1,18 ns	245224,66 ns	84,61
DESV-CO 34	7	22.853.536,6025	3.264.790,9432	6.588,74	0,91 ns	1264859,76 **	54,94
DESV-CO E 9743	7	6.875.399,6119	982.199,9446	6.869,91	0,65 *	123564,26 ns	67,67
DESV-CO 32	7	13.060.779,2948	1.865.825,6135	6.370,37	1,01 ns	565377,09 ns	72,66
DESV-PL 6440	7	1.532.959,0126	218.994,1447	5.309,03	0,84 ns	-258038,64 ns	93,96
DESV-PL 6443	7	6.164.099,2723	880.585,6103	5.637,89	1,25 ns	72757,09 ns	89,64
DESV-PL 6403	7	8.666.462,8433	1.238.066,1205	5.573,65	0,82 ns	251497,34 ns	72,50
DESV-Z 8460	7	12.915.999,6663	1.845.142,8095	7.308,48	0,88 ns	555035,69 ns	66,87
DESV-Z 8490	7	21.012.592,9145	3.001.798,9878	6.370,53	1,20 ns	1133363,78 **	69,87
DESV-Z 8420	7	4.751.075,5970	678.725,0853	7.551,78	0,92 ns	-28173,17 ns	85,86
DESV-Z 8410	7	8.956.677,1785	1.279.525,3112	6.645,84	0,78 ns	272226,94 ns	69,97
DESV-Z 8486	7	9.780.791,7585	1.397.255,9655	7.335,94	0,78 ns	331092,27 ns	68,11
DESV-P 30F33	7	9.470.344,3250	1.352.906,3322	7.263,35	1,16 ns	308917,45 ns	82,78
DESV-P 30R07	7	9.222.221,5439	1.317.460,2206	6.654,79	1,51 **	291194,39 ns	89,35
DESV-AX 4646	7	15.357.444,6508	2.193.920,6644	7.015,72	1,36 *	729424,62 **	80,33
DESV-AX 2560	7	6.672.072,6961	953.153,2423	6.860,42	0,73 ns	109040,90 ns	73,21
DESV-AX 3565	7	7.185.514,3055	1.026.502,0436	6.860,09	1,13 ns	145715,31 ns	85,67
DESV-Z 8392	7	6.736.893,3939	962.413,3420	7.089,18	0,92 ns	113670,95 ns	80,95
DESV-P 3041	7	2.115.274,0236	302.182,0034	7.594,52	1,30 *	-216444,71 ns	96,46
DESV-98 HS 16B	7	9.738.059,7493	1.391.151,3928	8.349,82	0,83 ns	328039,98 ns	70,59
DESV-AG 6690	7	1.931.933,9087	275.990,5584	7.867,30	1,31 *	-229540,441 ns	96,78
DESV-MTC 817 U	7	13.068.159,9098	1.866.879,9871	6.852,12	0,69 *	565904,28 ns	55,55
DESV-C747	7	6.608.729,3072	944.104,1867	7.243,76	0,96 ns	104516,38 ns	82,41
DESV-BRS 3150	7	16.937.727,3559	2.419.675,3366	7.470,68	0,76 ns	842301,95 **	53,43
DESV-MTC 833 N	7	23.140.597,1133	3.305.799,5876	6.157,74	0,93 ns	1285364,08 **	56,12
DESV-C444	7	8.314.998,5201	1.187.856,9314	6.772,77	0,98 ns	226392,75 ns	79,63
DESV-AS 3466	7	13.000.960,3341	1.857.280,0477	6.682,51	0,89 ns	561104,31 ns	67,35
DESV-AS 1533	7	7.566.104,9969	1.080.872,1424	7.160,81	1,18 ns	172900,36 ns	86,18
DESV-HT 97 1011	7	9.999.890,7789	1.428.555,8256	6.207,30	1,57 **	346742,20 ns	89,31
DESV-97 HT 18bC	7	8.547.562,2594	1.221.080,3228	6.611,24	1,08 ns	243004,45 ns	82,30
DESV-97 HT 15bC	7	12.819.474,5432	1.831.353,5062	7.140,33	1,06 ns	548141,04 ns	74,93
DESV-HT 7105-3	7	25.892.705,2240	3.698.957,8891	6.555,92	1,19 ns	1481943,23 **	64,97
DESV-HT 2628-9	7	13.022.706,4331	1.860.386,6333	6.943,14	0,89 ns	562657,60 ns	67,14
RESÍDUO	324	238.163.144,0881	735.071,4324				

ns = não-significativo, * = significativo, a 5% de probabilidade; e ** = significativo, a 1% de probabilidade.

4.3.2. Método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*)

Os ajustes dos efeitos principais, incluindo o desdobramento da interação $G \times A$, são apresentados de forma completa na Tabela 28, para a safra 1988/1999, e na Tabela 30, para a safra 1999/2000.

Na safra 1988/1999, observa-se que a soma de quadrados $G \times A$, $SQ_{G \times A}$, objeto da decomposição DVS, representou 16% da $SQ_{TOTAL_PARCIAL}$ ($G + A + G \times A$). O primeiro eixo principal (CP 1) capturou 30,50% da $SQ_{G \times A}$, o segundo 20,26%, o terceiro 15,57%, e assim sucessivamente (Tabela 28).

Tabela 28 – Análise de variância para o método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) com os elementos de desdobramento da $SQ_{G \times A}$ por DVS: eixo singular, autovalores, proporção da $SQ_{G \times A}/Eixo$ e proporção acumulada (%), com base na produtividade de grãos de 42 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e dez ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

FV	GL	SQ			QM	F
Ambientes	9	1971612927,22			219068103,02	55,42728**
Genótipos (Ajust.)	41	170795951,84			4165754,92	9,84383**
$G \times A$	369	415535498,11			1126112,46	2,66105**
		Autovalor	Proporção (%)	Proporção		
		I_k^2	$SQ_{G \times A}/Eixo$	Acumulada (%)		F_{GOLLOB}
CP 1	49	126748922,38	30,50	30,50	2586712,70	6,11250**
CP 2	47	84186671,16	20,26	50,76	1791205,77	4,23269**
CP 3	45	64679066,90	15,57	66,33	1437312,60	3,39642**
CP 4	43	45198906,15	10,88	77,21	1051137,35	2,48388**
CP 5	41	30256564,29	7,28	84,49	737964,98	1,74384**
CP 6	39	26524936,81	6,38	90,87	680126,58	1,60716*
CP 7	37	23989682,45	5,77	96,64	648369,80	1,53212*
CP 8	35	12285617,43	2,96	99,60	351017,64	0,82947 ^{NS}
CP 9	33	1665130,54	0,40	100,00	50458,50	0,11924 ^{NS}
Resíduo Médio	310					
Total	839	131187122,18			423184,27	

^{NS}, * e ** não-significativos; e significativos, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Atribuiu-se os graus de liberdade aos componentes da interação (CP_K), conforme o sistema de Gollob (1968), ou seja, $GL_{CPn} = g + a - 1 - 2n$. Pelo teste F, sete dos nove eixos de interação foram significativos, a 5% de probabilidade, o que levou à escolha do modelo *AMMI 5*.

O modelo *AMMI 5* é de interpretação mais complexa pela dificuldade de visualização gráfica. Se escolher o modelo *AMMI 2*, objetivando melhor visualização gráfica pela observação apenas dos dois primeiros eixos, ainda assim se capta 50,76% da $SQ_{G \times A}$, muito superior a análise de regressão pela metodologia de Eberhart e Russell (1966), que só captou 9,18%, conforme pode ser verificado na Tabela 24.

Conforme o gráfico gerado mostrado na Figura 1, os marcadores de ambientes mais próximos da origem, portanto com escores próximos de zero, são os ambientes Janaúba (J) e, em seguida, porém com distância considerável, Patos de Minas 1 (P1). Para os genótipos (ver códigos de identificação na Tabela 29), P 30F45 (5), SHS 4040 (33), CX 9856 (4), R&G 01E (42), AG 8014 (8), Z 8420 (18), AG 5016 (16) sendo que o P 30F45 mais próximos de zero e os demais sucessivamente, conforme pode-se verificar também por seus escores. Estes ambientes e genótipos com maior proximidade da origem, contribuíram muito pouco com a interação $G \times A$.

Janaúba (J) por estar mais próxima da origem e os genótipos próximos a este ambiente, como Z 8420 (18) e P 30F45 (5), possuem classificação com maior confiabilidade e são determinados basicamente pelos efeitos genotípicos, com interação $G \times A$ reduzida.

O comprimento do vetor de ambiente ou genótipo relaciona-se à variância associada ao ambiente e ao genótipo. Assim, os ambientes Uberlândia 1 (U1), Inhaúma (IH), Indianápolis (ID) e os genótipos XL 355 (35), BRS 3060-A (1), Z 8392 (17), XL 357 (25) apresentaram as maiores variâncias.

Outro ponto de interesse aplicado é a tentativa de identificar aspectos característicos dos genótipos e dos ambientes, determinando os eixos da interação CP 1 e CP 2. O ambiente Sete Lagoas (SL), de forma não tão elevada e os genótipos CX 9856 (4), XL 550 (40), AG 5016 (16), G 186 C (14) e P 3041 (22), CX 9610 (2), MTL 9877 (30), SHS 4040 (33) são os que menos contribuíram para a interação $G \times A$ captada pelo eixo CP 1. Os ambientes

Biplot AMMI - 1998/1999

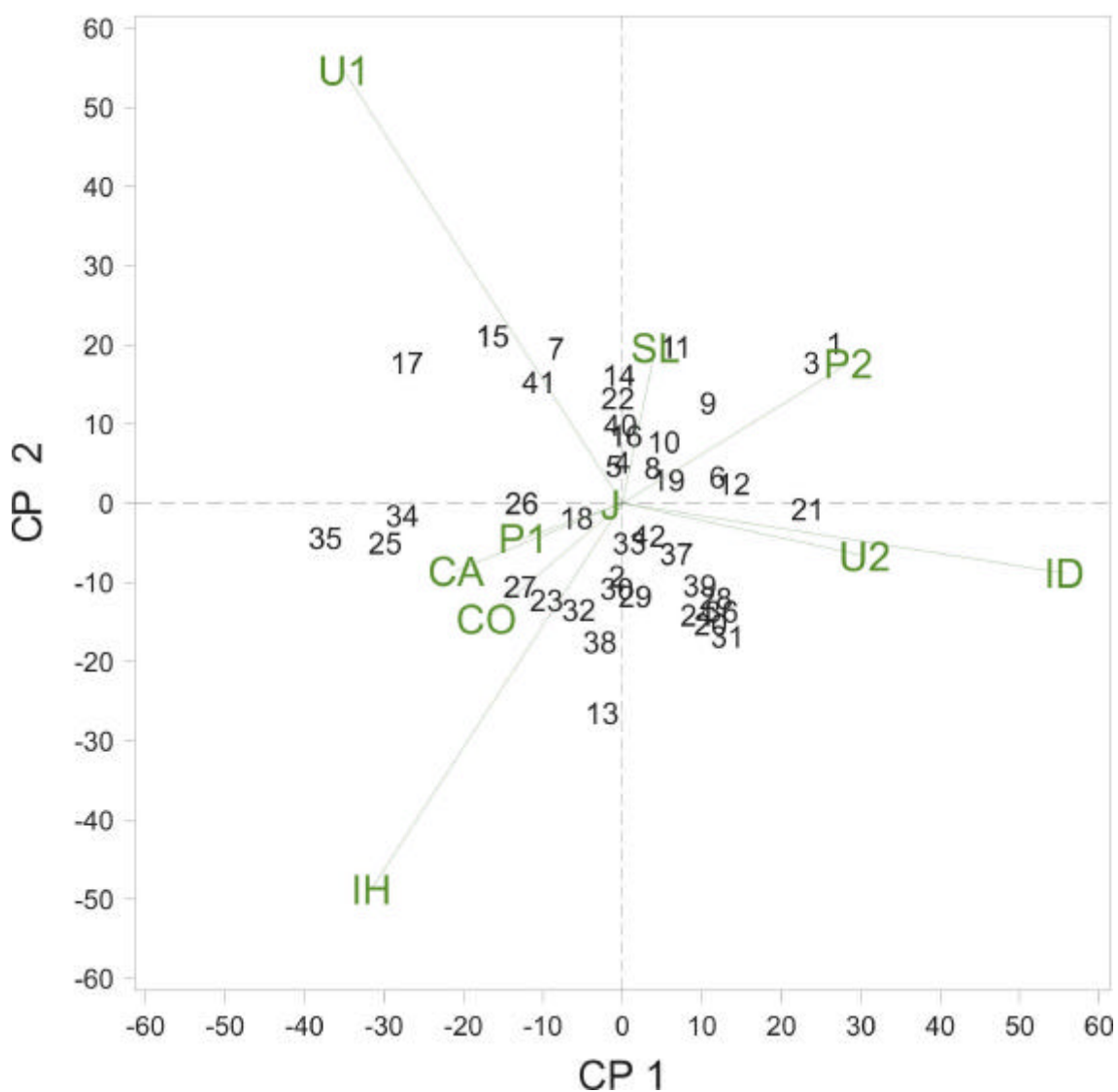


Figura 1 – Biplot da análise AMMI dos 42 híbridos de milho e dez ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais.

Tabela 29 – Legenda da codificação dos híbridos e ambientes, escores do 1º componente principal (CP 1) e 2º componente principal (CP 2) do biplot da análise AMMI, com base na produtividade de grãos de 42 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e dez ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Códigos	Híbridos e Ambientes	CP 1	CP 2
1	BRS 3060-A	26,68	20,23
2	CX 9610	-0,69	-9,20
3	HT 47 C	23,79	17,76
4	CX 9856	0,03	5,21
5	P 30F45	-1,10	4,74
6	HT 7105-3	11,96	3,31
7	NB 6077	-8,32	19,59
8	AG 8014	3,81	4,47
9	P 3071	10,76	12,64
10	C 701	5,21	7,79
11	CD 3121	6,69	19,78
12	C 747	13,98	2,44
13	HT 971011	-2,56	-26,47
14	G 186 C	-0,43	16,17
15	Z 8410	-16,37	21,12
16	AG 5016	0,41	8,51
17	Z 8392	-27,10	17,76
18	Z 8420	-5,79	-1,85
19	AG 5011	5,75	2,92
20	CO 32	11,11	-15,24
21	P 30F33	23,28	-0,74
22	P 3041	-0,58	13,24
23	AS 3466	-9,56	-12,23
24	CO 34	9,38	-14,13
25	XL 357	-29,84	-5,01
26	Z 8466	-12,67	0,03
27	DINA 657	-12,84	-10,50
28	SHS 5060	11,74	-11,95
29	DINA 1000	1,59	-11,72
30	MTL 9877	-0,70	-10,76
31	AGROMEN 2E2	13,20	-16,83
32	XB 8010	-5,49	-13,44
33	SHS 4040	0,89	-4,99
34	XB 7011	-27,68	-1,55
35	XL 355	-37,36	-4,38
36	MTL 9729	12,49	-13,65
37	AS 523	6,79	-6,36
38	983-P	-2,83	-17,51
39	HATA 3052	9,73	-10,34
40	XL 550	-0,22	9,89
41	G 182 C	-10,50	15,31
42	R&G 01E	3,33	-4,08
CA	Capinópolis	-20,93	-8,53
CO	Coimbra	-17,12	-14,62
ID	Indianópolis	55,59	-8,81
IH	Inhaúma	-31,60	-48,74
J	Janaúba	-1,47	-0,15
P1	Patos de Minas 1	-12,49	-4,43
P2	Patos de Minas 2	28,43	17,64
SL	Sete Lagoas	4,17	19,65
U1	Uberlândia 1	-35,05	54,65
U2	Uberlândia 2	30,48	-6,65

Patos de Minas 1 (P1) e Uberlândia 2 (U2) e os genótipos Z 8466 (26), P 30F33 (21), XB 7011 (34), Z 8420 (18), C 747 (12) e AG 5011 (19) são os que menos contribuíram para a interação captada pelo eixo CP 2. Nesse sentido, observa-se que CP 1 deve ser determinado por características contrastantes entre o par de ambiente (similares para tal aspecto) Uberlândia 1 (U1) e Inhaúma (IH) e o par Patos de Minas 2 (P2) e Uberlândia 2 (U2) (similares para tal aspecto). Já o CP 2 parece ser resultante principalmente das diferenças entre os ambientes Uberlândia 1 (U1) e Inhaúma (IH) em um extremo e Patos de Minas 2 (P2) e Uberlândia 2 (U2) em outro extremo. Em termos genotípicos, o CP 1 parece estar relacionado a aspectos determinantes da divergência do grupo de genótipos: XL 355 (35), XL 357 (25), XB 7011 (34) (similares entre si) e o genótipo P 30F33 (21). Já o CP 2 está relacionado a divergência do grupo dos genótipos HT 971011 (13) e 983-P (38) com o grupo CD 3121 (11), G 186 C (14) e P 3041 (22).

Por terem os vetores quase colineares, os ambientes Capinópolis (CA), Patos de Minas 1 (P1) e o genótipo Z 8420 (18) demonstraram alta correlação positiva entre eles. Assim, como os seguintes genótipos apresentaram correlação positiva entre si: BRS 3060-A (1), HT 47 C (3), HT 7105-3 (6), AG 5011 (19), AG 8014 (18) e o ambiente Patos de Minas 2 (P2); G 182 C (42), NB 6077 (7), Z 8410 (15) e Uberlândia 1 (U1); P 30F45 (5), AG 5016 (16), CD 3121 (11) e Sete Lagoas (SL); DINA 657 (27) e Coimbra (CO); AS 3466 (23) com Inhaúma (IH); Indianópolis (ID) e Uberlândia 2 (U2). Os vetores que se apresentaram perpendiculares demonstraram falta de correlação entre eles, ocorrendo esta configuração com os ambiente Sete Lagoas (SL) com os genótipos com vetores colineares e de mesma direção com este ambiente e os ambientes Indianópolis (ID) e Uberlândia 2 (U2); Patos de Minas 2 (P2) com Uberlândia 1 (U1) juntamente com todos os genótipos colineares a estes ambientes; Coimbra (CO) e Uberlândia 1 (U1) e genótipos colineares e com mesma direção.

O comprimento do vetor diferença é a distância euclidiana entre dois marcadores, dando a idéia de similaridade entre eles, consistindo na estratificação ambiental no caso de ambientes e no caso de genótipos avalia a dissimilaridade e similaridade entre eles. Assim, percebe-se a similaridade entre os genótipos BRS 3060-A (1) e HT 47 C (3) e ao mesmo tempo a

adaptação a Patos de Minas 2 (P2); a adaptação do genótipo CD 3121 (11) a Sete Lagoas (SL); similaridade de comportamento dos genótipos CX 9856 (4) e P 30F45 (5); AG 5016 (16) e XL 550 (40); CX 9610 (2), MTL 9877 (30) e DINA 1000 (29); SHS 5060 (28), MTL 9729 (36), CO 32 (20), CO 34 (24), HATA 3052 (39) e AGROMEN 2E2 (31); HT 7105-3 (6) e AG 8014 (8); SHS 4040 (33), AS 523 (37) e R&G 01E (42); G 186 C (14) e P 3041 (22).

Ressalta-se a adaptação especial dos genótipos Z 8466 (26), XB 7011 (34), XL 355 (35) e XL 357 (25) tanto para o ambiente Uberlândia 1 (U1) e Inhaúma (IH), pois nota-se que os vetores relativos a esses três genótipos apontam para uma direção comum, que pode ser orientada pelos marcadores dos ambientes Uberlândia 1 (U1) e Inhaúma (IH). O mesmo pode-se dizer da adaptação especial dos genótipos AGROMEN 2E2 (31), CO 32 (20), CO 34 (24), HATA 3052 (39), SHS 5060 (28), MTL 9729 (36), SHS 4040 (33), C 747 (12) e AS 523 (37) aos ambientes Inhaúma (IH) e Patos de Minas 2 (P2). Também se verificou os genótipos AG 8014 (8), P 3071 (9) e C 701 (10) nos ambientes Sete Lagoas (SL) e Patos de Minas 2 (P2).

Observou-se falta de adaptação dos genótipos AGROMEN 2E2 (31), CO 32 (20), CO 34 (31), HATA 3052 (39), SHS 5060 (28), MTL 9729 (36), SHS 4040 (33), C 747 (12) e AS 523 (37) ao ambiente Uberlândia 1 (U1), demonstrada pela direção dos vetores serem colineares, porém com sentido contrário. Observaram-se as dissimilaridades dos genótipos BRS 3060-A (1) e HT 47 C (3) em relação à Dina 657 (27).

Na safra 1999/2000, a soma de quadrados $G \times A$, $SQ_{G \times A}$, representou 23% da $SQ_{TOTAL_PARCIAL}$ ($G + A + G \times A$). O primeiro eixo principal capturou 24,46% da $SQ_{G \times A}$, o segundo 20,92%, o terceiro 17,35%, e assim sucessivamente para os demais eixos (Tabela 30).

Pelo teste F, seis dos oito eixos de interação são significativos (5% de probabilidade), o que leva à escolha do modelo *AMMI* 6.

Da mesma forma que na safra 1988/1999, optou-se pelo modelo *AMMI* 2, objetivando visualização gráfica dos dois primeiros eixos, ainda assim, captou-se 45,37% da $SQ_{G \times A}$, superior à análise de regressão, pela metodologia de Eberhart e Russell (1966), que só captou 15,83%, conforme pode-se verificar na Tabela 27.

Tabela 30 – Análise de variância para o método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*) com os elementos de desdobramento da $SQ_{G \times A}$ por DVS: eixo singular, autovalores, proporção da $SQ_{G \times A}/Eixo$ e proporção acumulada (%), com base na produtividade de grãos de 49 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e nove ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

FV	GL	SQ			QM	F
Ambientes	8	1662432504,47			207804063,06	104,01197**
Genótipos (Ajust.)	48	315499557,48			6572907,45	8,94186**
$G \times A$	384	599917001,07			1562283,86	2,12535**
		Autovalor I_k^2	Proporção (%) $SQ_{G \times A}/Eixo$	Proporção Acumulada (%)		F_{GOLLOB}
CP 1	55	146728247,28	24,46	24,46	2667786,31	3,62929**
CP 2	53	125472733,12	20,92	45,37	2367410,06	3,22065**
CP 3	51	104086511,42	17,35	62,72	2040911,99	2,77648**
CP 4	49	82651521,11	13,78	76,50	1686765,74	2,29470**
CP 5	47	55056837,00	9,18	85,68	1171422,06	1,59362*
CP 6	45	46952742,60	7,83	93,50	1043394,28	1,41945*
CP 7	43	23605343,78	3,93	97,44	548961,48	0,74681 ^{NS}
CP 8	41	15363064,64	2,56	100,00	374708,89	0,50976 ^{NS}
Resíduo Médio	324					
Total	881	238163144,09			735071,43	

^{NS}, * e ** não-significativos; e significativos, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Conforme o gráfico gerado, mostrado na Figura 2, o ambiente com maior proximidade da origem que ainda contribuiu para a interação $G \times A$ foi Capinópolis. Os genótipos, ver códigos de identificação na Tabela 31, com maior proximidade foram PL 6403 e os seguintes em ordem crescente de distância: 98 HT 19 A (10), Z 8460 (24), C747 (39), DINA 1000 (11), PL 6440 (21) e SHS 4040 (21). Estes genótipos possuem classificações com maior confiabilidade e são determinadas basicamente pelos efeitos genotípicos, com interação $G \times A$ reduzida.

Analisando os comprimentos dos vetores dos ambientes Inhaúma (IH), Sete Lagoas (SL), Uberlândia 1 (U1), Patos de Minas 2 (P2) e os genótipos NB 7228 (7), HT 7105-3 (48), BRS 3150 (40) e MTC 833 N (41) foram os que apresentaram as maiores variâncias.

Os ambientes Inhaúma (IH) e Lavras (L) e os genótipos HT 7105-3 (48) e HT 2628-9 (48) são os que menos contribuíram para a interação captada pelo eixo CP 1. Os ambientes Uberlândia 1 (U1) e Patos de Minas 2 (P2) e o

Biplot AMMI - 1999/2000

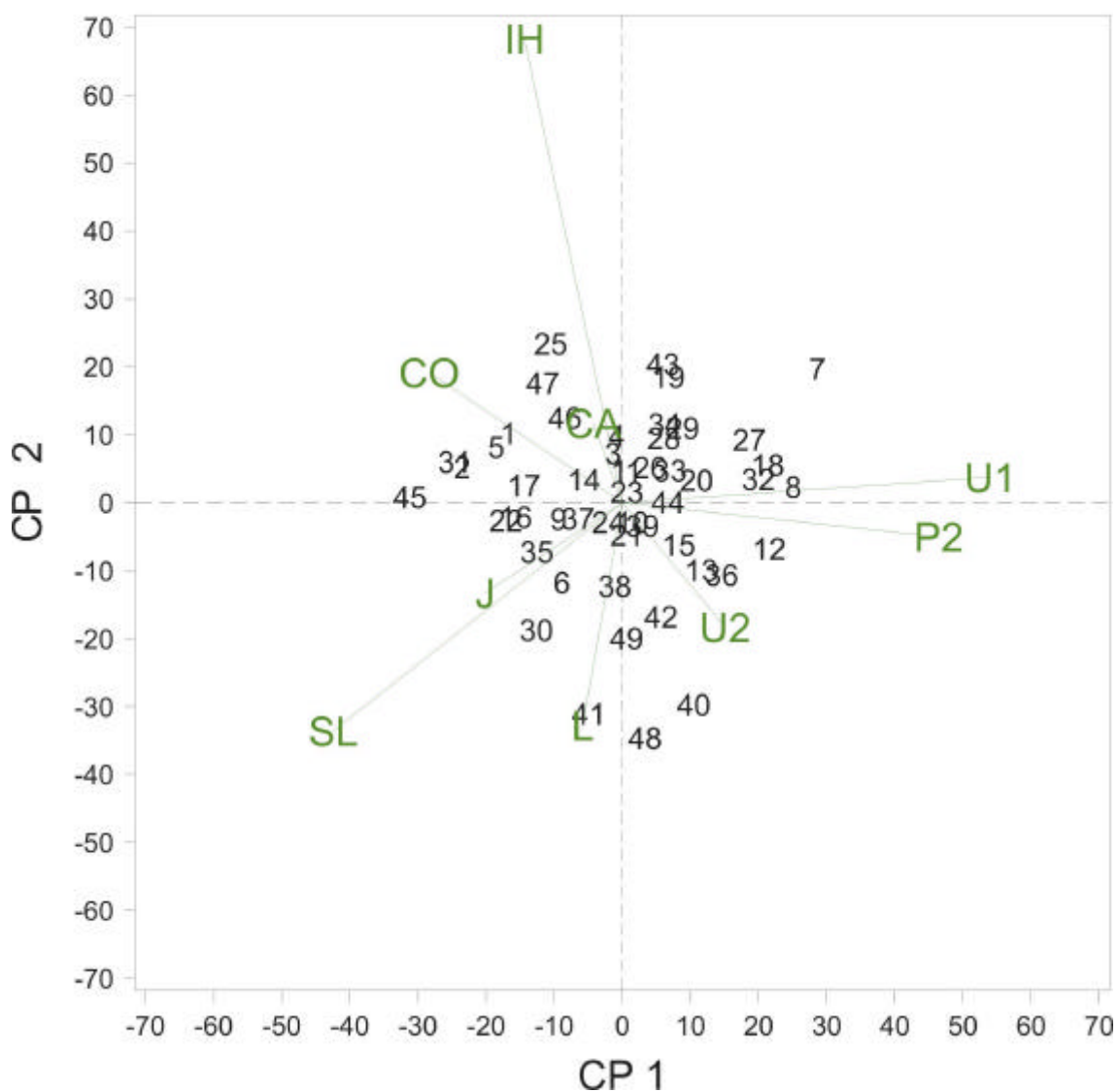


Figura 2 – Biplot AMMI – Biplot dos 49 híbridos de milho e nove ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais.

Tabela 31 – Legenda da codificação dos Híbridos e Ambientes, Escores do 1º componente principal (CP 1) e 2º componente principal (CP 2) do biplot da análise AMMI, com base na produtividade de grãos de 49 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e nove ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Códigos	Híbridos e Ambientes	CP 1	CP 2
1	XB 7012	-16,73	10,28
2	XB 8010	-23,54	5,18
3	CD 3121	-1,37	7,32
4	CDX 99 TO 5	-0,84	9,88
5	CDX 97SO1	-18,52	8,21
6	OC 705	-8,88	-11,69
7	NB 7228	28,63	19,73
8	NB 5318	25,09	2,36
9	AGROMEN 2E2	-9,36	-2,36
10	98 HT 19 A	1,40	-2,83
11	DINA 1000	0,54	4,66
12	DINA 500	21,52	-6,78
13	R&G 01A	11,57	-9,93
14	SHS 4040	-5,64	3,37
15	SHS 5060	8,24	-6,18
16	SH-50 Ex556	-15,71	-2,07
17	SH-70 Ex309	-14,46	2,57
18	CO 34	21,31	5,59
19	CO E 9743	6,69	18,56
20	CO 32	10,87	3,34
21	PL 6440	0,66	-4,71
22	PL 6443	-17,10	-2,62
23	PL 6403	0,65	1,63
24	Z 8460	-2,03	-2,87
25	Z 8490	-10,53	23,46
26	Z 8420	4,05	5,25
27	Z 8410	18,63	9,29
28	Z 8486	6,09	9,52
29	P 30F33	8,83	11,00
30	P 30R07	-12,63	-18,70
31	AX 4646	-24,60	6,05
32	AX 2560	19,95	3,47
33	AX 3565	7,01	4,79
34	Z 8392	6,21	11,58
35	P 3041	-12,56	-7,23
36	98 HS 16B	14,58	-10,57
37	AG 6690	-6,51	-2,28
38	MTC 817 U	-1,12	-12,26
39	C747	2,93	-3,36
40	BRS 3150	10,50	-29,74
41	MTC 833 N	-4,92	-31,05

Continua...

Tabela 31, Cont.

Códigos	Híbridos e Ambientes	CP 1	CP 2
42	C444	5,69	-16,78
43	AS 3466	5,99	20,42
44	AS 1533	6,72	0,08
45	HT 97 1011	-31,17	0,85
46	97 HT 18bC	-8,44	12,51
47	97 HT 15bC	-11,67	17,62
48	HT 7105-3	3,33	-34,59
49	HT 2628-9	0,61	-19,94
CA	Capinópolis	-4,31	11,73
CO	Coimbra	-28,36	19,16
IH	Inhaúma	-14,39	68,30
J	Janaúba	-20,14	-13,29
L	Lavras	-5,83	-32,74
P2	Patos de Minas 2	46,43	-5,01
SL	Sete Lagoas	-42,44	-33,58
U1	Uberlândia - 1	53,96	3,75
U2	Uberlândia - 2	15,07	-18,32

genótipo HT 97 1011 (45) foram os que menos contribuíram para a interação $G \times A$, captada pelo eixo CP 2.

Assim, observou-se que CP 1 deve ser determinado por características similares entre os ambientes Uberlândia 1 (U1) e Patos de Minas 2 (P2) e características contrastantes do genótipo HT 97 1011 (45) com os demais genótipos.

Por sua vez, CP 2 parece ser resultante principalmente das diferenças entre os ambientes Inhaúma (IH) e Lavras (L) e a divergência do genótipo HT 7105-3 (48) dos outros genótipos.

Por terem os vetores quase colineares, os ambientes Sete Lagoas e Janaúba e o genótipo P 3041 (35) demonstraram correlação positiva entre eles, porém demonstraram correlação negativa com o genótipo NB 7228 (7), devido a distância extrema entre eles. Os genótipos MTC 833 N (41) e Lavras (L) demonstraram correlação positiva de forma mais intensa e também CDX 99 TO 5 (4) e 97 HT 18bC (46) à Capinópolis (CA). Já o genótipo BRS 3150 (40) apresentou elevada correlação negativa com Inhaúma (IH), denotada pela distância entre eles, assim como os ambientes Coimbra (CO) e Uberlândia 2 (U2).

Os vetores dos ambientes Inhaúma (IH) e Uberlândia 1 (U1) por se apresentarem quase perpendiculares, demonstraram falta de correlação entre eles; o mesmo ocorrendo com os ambientes Lavras (L) e Patos de Minas 2 (P2); Uberlândia 2 (U2) e o par Sete Lagoas (SL) e Janaúba (J); Coimbra (CO) e o par Sete Lagoas (SL) e Janaúba (J).

Analisando pelo aspecto da distância euclidiana entre dois marcadores, percebe-se a similaridade entre os genótipos XB 8010 (2) e AX 4646 (31) ; SH-50 Ex556 (16) e PL 6443 (22); 98 HT 19 A (10), C747 (39), PL 6440 (21) e Z 8460 (24); CO E 9743 (19) e AS 3466 (43); Z 8486 (28), Z 8392 (34) e P 30F33 (29); CO 34 (18) e AX 2560 (32); CD 3121 (3), CDX 99 TO 5 (4), DINA 1000 (11), PL 6403 (23), Z 8420 (26), AX 3565 (33) e CO 32 (20); XB 7012 (1) e CDX 97SO1 (5); AGROMEN 2E2 (9) e AG 6690 (37); R&G 01A (13) e 98 HS 16B (36).

Ressalta-se a adaptação especial dos genótipos HT 97 1011 (45) tanto para o ambiente Coimbra (CO) como para o par Janaúba (J) e Sete Lagoas (SL) (similares entre si), observando a direção do vetor deste genótipo apontada para uma direção comum, orientada pelos marcadores dos ambientes citados, apesar de forma não tão precisa. O mesmo ocorrendo com BRS 3150 (40), sendo seu vetor orientado pelos vetores dos ambientes Lavras (L) e Uberlândia 2 (U2), porém também de forma não tão precisa.

Observou-se falta de adaptação dos genótipos HT 7105-3 (48) e BRS 3150 (40) ao ambiente Inhaúma, demonstrada pelos sentidos dos vetores serem colineares, porém em direções opostas. O mesmo ocorreu com XB 8010 (2) e AX 4646 (31) com o ambiente Patos de Minas 2 (P2); NB 7228 (7) com Janaúba (J) e Sete Lagoas (SL); AS 3466 (43) e CO E 9743 (19) com Lavras (L); R&G 01A (13) e 98 HS 16B (36) com o ambiente Coimbra (CO).

A análise AMMI indicou alta eficiência estatística, mas não descreveu os efeitos principais genéticos e ambientais de natureza aditiva da interação $G \times A$, sugerindo, portanto, que o modelo pode confundir a informação sobre as médias associadas a genótipo-ambiente com a interação de maneira inadequada (Zobel et al., 1988).

Verificou-se que o CP 1 maximizou a variação entre genótipos, enquanto o CP 2 maximizou a variação remanescente (Crossa, 1990).

4.3.3. Método SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment interaction*) Biplot

O resultado da análise de variância na Tabela 32, para a safra 1988/1999 mostra que, considerando as somas de quadrados das fontes de variação A, G e G x A em conjunto, A mostrou ser a mais importante fonte de variação para a produtividade, com 77%. G x A apresentou 16%, superior a G com 7%.

Tabela 32 – Análise de variância simplificada para o método SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment interaction*) biplot com os elementos de desdobramento da $SQ_{G \times A}$ por DVS: eixo singular, autovalores, proporção da $SQ_{G \times A}/Eixo$ e proporção acumulada (%), com base na produtividade de grãos de 42 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e dez ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

FV	GL	Autovalor I_k^2	Proporção(%) $SQ_{G \times A}/Eixo$	Proporção Acumulada (%)	QM	F_{GOLLOB}
CP 1	49	205586992,60	35,06	35,06	4195652,91	9,91448**
CP 2	47	107282839,50	18,30	53,36	2282613,61	5,39390**
CP 3	45	84179748,86	14,36	67,72	1870661,09	4,42044**
CP 4	43	64617328,63	11,02	78,74	1502728,57	3,55100**
CP 5	41	35718580,38	6,09	84,83	871184,89	2,05864**
CP 6	39	27398034,16	4,67	89,50	702513,70	1,66007*
CP 7	37	26347087,24	4,49	94,00	712083,44	1,68268*
CP 8	35	23070164,59	3,93	97,93	659147,56	1,55759*
CP 9	33	11402709,52	1,94	99,88	345536,65	0,81652 ^{NS}
CP 10	31	727964,48	0,12	100,00	23482,73	0,05549 ^{NS}

^{NS}, * e ** não-significativo e significativos, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

A elevada variação devido a ambientes é irrelevante para a avaliação de cultivares e investigação da existência de mega-ambientes (Gauch e Zobel, 1996), justificando a escolha do modelo SREG ser apropriado para análise de adaptabilidade e estabilidade. A superioridade de G x A em relação a G, sugere existência de diferentes mega-ambientes.

Atribuíram-se os graus de liberdade aos componentes da interação (CP_k), conforme o sistema de Gollob (1968). Pelo teste F, oito dos dez eixos de interação são significativos (5% de probabilidade), o que levaria à escolha

do modelo com oito eixos, tornando inviável a interpretação dos resultados pela dificuldade de análise do elevado número possíveis de combinações de eixos. Optou-se pelos dois primeiros componentes principais, originalmente recomendado pelo método.

O primeiro eixo principal, *CP 1*, capturou 35,6% da $SQ_G + SQ_{G \times A}$; o segundo 18,30%, totalizando para os dois primeiros componentes principais 53,9%. O terceiro componente principal capturou 14,36%, e assim sucessivamente.

Para saber a produtividade de um genótipo em um determinado ambiente esta será, aproximadamente, o produto do escore do *CP 1* do genótipo *versus* o *CP 1* do ambiente, mais o produto do escore do *CP 2* do genótipo *versus* o escore do *CP 2* do ambiente. Geometricamente, isto será o comprimento do vetor do ambiente (distância absoluta da origem ao marcador do genótipo), multiplicado pelo tamanho do vetor do genótipo (distância absoluta da origem ao marcador do ambiente) e multiplicado pelo co-seno do ângulo entre eles (Kroonenberg, 1995).

Esta propriedade permite que as seguintes informações possam ser prontamente visualizadas:

- i) a similaridade e dissimilaridade entre ambientes e as diferentes respostas provocadas nos genótipos;
- ii) a similaridade e dissimilaridade entre genótipos e as diferentes respostas nos ambientes; e
- iii) a natureza (positiva ou negativa) e magnitude da interação entre qualquer genótipo e qualquer ambiente.

Na Figura 3, os genótipos localizados nos vértex do polígono formado, possuem a maior distância da origem de todos os genótipos dentro do setor delimitado por ele e são os mais responsivos, podendo ser identificados visualmente. Podendo ser o melhor ou o pior genótipo em alguns ou todos os ambientes, eles podem ser usados para identificar possíveis mega-ambientes. Os genótipos dentro dos polígonos foram os menos responsivos para os ambientes localizados dentro dos setores.

Na safra 1988/1999, os genótipos (ver códigos de identificação na Tabela 29), localizados nos vértex foram: P 30F33 (21), P 3041 (22), BRS

Biplot GGE - 1998/1999

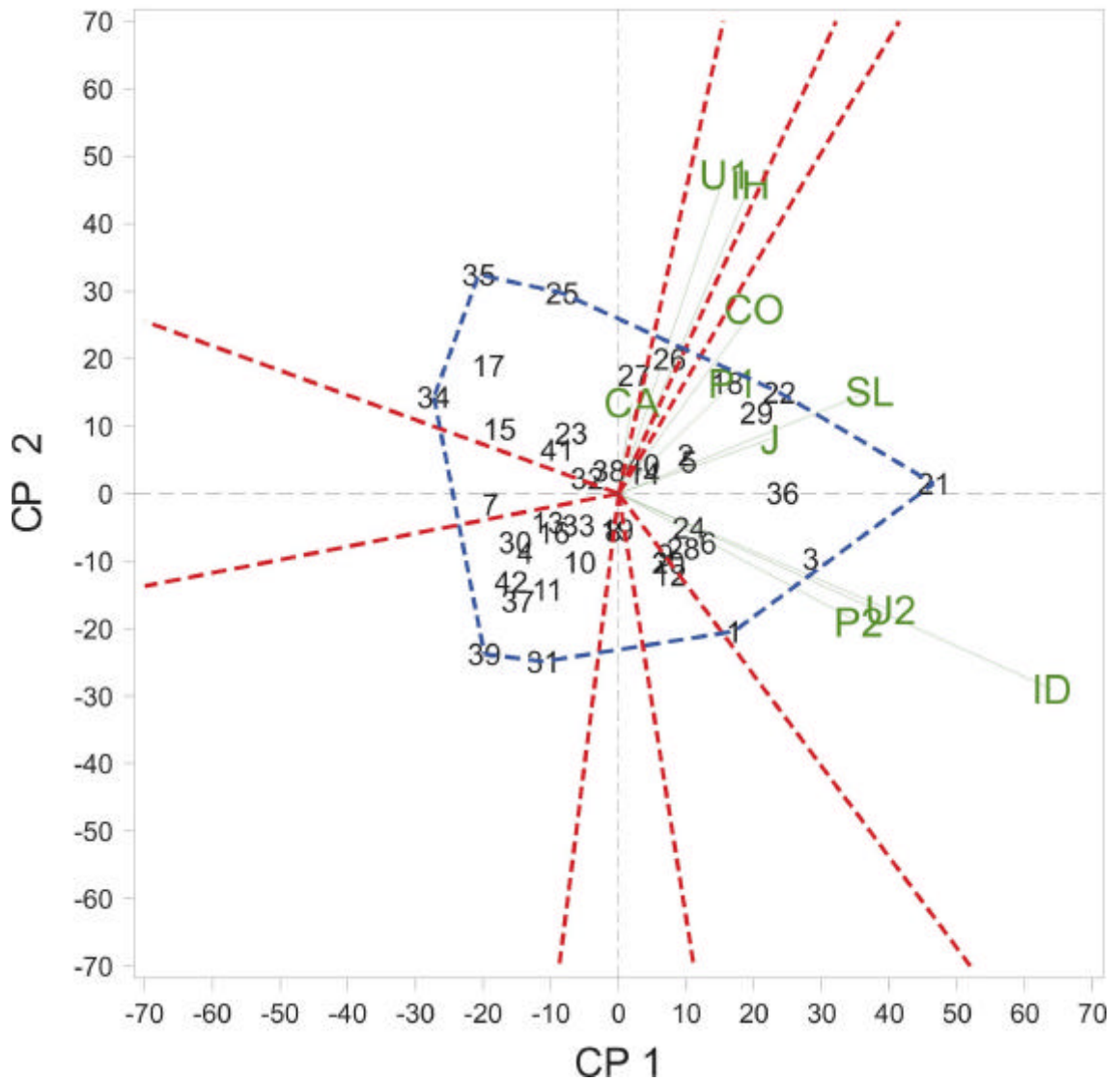


Figura 3 – Gráfico da análise SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment interaction*) biplot dos 42 híbridos de milho e dez ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1988/1999, no Estado de Minas Gerais.

3060-A (1) (escores CP 1 positivos); AGROMEN 2E2 (31), HATA 3052 (39), XB 7011 (34), XL 355 (35), XL 357 (25) (escores CP 1 negativos). Ao conectar os marcadores destes genótipos situados nos extremos, polígonos são formados. Desenhando perpendiculares a cada lado deste polígono passando através da origem, os ambientes são divididos em vários setores, cada setor com um genótipo no vértex.

Na safra 1988/1999, são divididos em oito setores. O primeiro setor contém os ambientes Coimbra (CO), Patos de Minas 1 (P1), Janaúba (J), Sete Lagoas (SL), Uberlândia 2 (U2), Patos de Minas 2 (P2) e Indianópolis, com o genótipo P 30F33 (21) como vencedor, constituindo-se um mega-ambiente. O terceiro setor contém os ambientes Uberlândia 1 (U1) e Inhaúma (IH), com genótipo vencedor XL 357 (25). Também pode-se incluir Capinópolis (CA) no grupo do genótipo vencedor XL 357 (25), apesar de estar localizado em outro setor constituindo outro mega-ambiente. Os demais setores por possuírem genótipos delimitadores próximos uns dos outros, ainda que distantes da origem, não tiveram ambientes localizados em seus setores formados, isto é devido à similaridade de produtividades nos ambientes avaliados. Assim, as perpendiculares separadoras entre eles poderiam ser desconsideradas na análise ou nem mesmo plotadas.

O genótipo XB 7011 (34) foi o que apresentou a menor produtividade, seguido de XL 355 e AGROMEN 2E2, demonstrado pelas suas posições distantes dos marcadores de ambientes, refletindo seus baixos desempenhos em todos os ambientes.

Calculando-se a correlação de Pearson entre os escores do CP 1 e os efeitos de genótipos (médias de genótipos em todos os ambientes) obteve-se 0,94 (dados não apresentados), com significância a 1%, pelo teste t. Pode-se afirmar a quase perfeita correlação do CP 1 com o efeito de genótipos, confirmando o que sugeriu Yan et al. (2001b), quando G é 40% ou superior à $G \times A$ em termos de soma de quadrados, que, neste caso, foi 41,1% de $G \times A$, a correlação de G com CP 1 apresentou-se quase perfeita ($r > 0,95$). Por outro lado, quando ocorre baixa correlação, sugere alta interação $G \times A$ complexa, principalmente quando se analisam dados de vários anos conjuntamente e geralmente são acompanhadas de quantidades similares de soma de quadrados $G + G \times A$, explicadas pelos CP 1 e CP 2 (Yan & Hunt, 2001).

Assim, pode-se deduzir que genótipos com maiores escores para CP 1 terão maior média de produtividade e serão melhores identificados em ambientes com maiores escores para CP 1. Yan & Hunt (2001) afirmaram que o efeito de genótipo, às vezes chamado de efeito principal de genótipo, é, na verdade, o resultado da interação $G \times A$.

A modelagem da técnica faz com que todos os ambientes possuam escores de mesmo sinal para CP 1, como no caso da safra 1988/1999, todos os ambientes possuem escores positivos (Tabela 33), o que permite interpretar que os escores dos genótipos do CP 1 no GGE biplot representarão a diferença proporcional de produtividade nos vários ambientes e serão devido a interação $G \times A$ simples, não apresentando qualquer porção de interação $G \times A$ de caráter complexa (Crossa e Cornelius, 1997, citados por Yan et al., 2000).

O CP 2, por sua vez, sumariza as mais importantes fontes de variação que levam à interação $G \times A$ complexa. Os ambientes e os genótipos podem assumir valores positivos e negativos, indistintamente. Assim, a interação $G \times A$ complexa entre os melhores genótipos levam à diferenciação em mega-ambientes.

Considerando o conceito que mega-ambientes são definidos por diferentes genótipos vencedores (Gauch e Zobel, 1997), a Figura 3 sugere a existência de dois mega-ambientes para milho precoce no Estado de Minas Gerais para a safra 1998/2000, nomeados como sendo nichos do vencedor-P 30F33 (22) e vencedor-XL 357 (25). Entretanto, esta classificação é somente uma sugestão grosseira, pois está baseada em apenas um ano de avaliação.

O GGE biplot mostra graficamente os genótipos avaliados em termos de sua adaptabilidade (estimativas aproximadas dadas pelos escores de CP 1) e estabilidade (representados pelos escores do CP 2). Assim, genótipos produtivos e estáveis deverão possuir escores elevados para CP 1, porém próximos de zero para escores de CP 2. Estes genótipos são mais facilmente identificados em ambientes com elevados escores CP 1 e próximos de zero para escores de CP 2.

Na safra 1988/1999, Janaúba (J) é o ambiente que ocupa a quinta posição com relação ao escore de CP 1, porém tem menor escore de CP 2. Indianópolis (ID), por sua vez possui o maior escore para o CP 1 e a oitava posição em ordem crescente para o CP 2. A melhor posição é a ocupada por

Tabela 33 – Legenda da codificação dos híbridos e ambientes, escores do CP 1 (1º componente principal) e CP 2 (2º componente principal) do método SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment interaction*) biplot, com base na produtividade de grãos de 42 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e dez ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra 1988/1999, no Estado de Minas Gerais

Códigos	Híbridos e Ambientes	CP 1	CP 2
1	BRS 3060-A	17,01	-20,41
2	CX 9610	9,88	5,72
3	HT 47 C	28,37	-9,61
4	CX 9856	-13,79	-8,72
5	P 30F45	10,35	4,75
6	HT 7105-3	13,25	-7,26
7	NB 6077	-18,94	-1,58
8	AG 8014	-0,84	-5,56
9	P 3071	6,87	-9,00
10	C 701	-5,77	-10,16
11	CD 3121	-10,53	-14,23
12	C 747	7,57	-11,99
13	HT 971011	-10,50	-4,23
14	G 186 C	3,69	3,05
15	Z 8410	-17,64	9,57
16	AG 5016	-9,64	-5,77
17	Z 8392	-19,24	18,95
18	Z 8420	15,96	16,45
19	AG 5011	-0,24	-5,29
20	CO 32	7,37	-10,23
21	P 30F33	46,53	1,50
22	P 3041	23,69	15,03
23	AS 3466	-7,03	8,99
24	CO 34	10,45	-4,98
25	XL 357	-8,36	29,74
26	Z 8466	7,53	19,98
27	DINA 657	2,30	17,52
28	SHS 5060	9,54	-8,10
29	DINA 1000	20,35	11,98
30	MTL 9877	-15,26	-7,23
31	AGROMEN 2E2	-11,14	-24,87
32	XB 8010	-4,63	2,30
33	SHS 4040	-5,94	-4,63
34	XB 7011	-27,30	14,30
35	XL 355	-20,67	32,46
36	MTL 9729	24,21	0,11
37	AS 523	-14,87	-15,95
38	983-P	-1,47	3,43
39	HATA 3052	-19,84	-23,78
40	XL 550	3,63	4,34
41	G 182 C	-9,05	6,50
42	R&G 01E	-15,87	-13,06
CA	Capinópolis	1,90	13,53
CO	Coimbra	20,00	27,37
ID	Indianópolis	63,98	-28,97
IH	Inhaúma	19,40	45,80
JÁ	Janaúba	22,36	8,07
P1	Patos de Minas 1	16,81	16,36
P2	Patos de Minas 2	35,43	-19,01
SL	Sete Lagoas	37,06	15,15
U1	Uberlândia 1	15,65	47,28
U2	Uberlândia 2	40,13	-17,23

Sete Lagoas (SL), pois possuiu considerável escore para CP 1 e não tão expressivo escore para CP 2. Assim, pode-se afirmar que a safra 1988/1999 não apresentou uma clara identificação do melhor ambiente de teste. Para genótipos, P 30F33 (21) tem sua posição claramente definida de destaque, com alto escore para CP 1 e próximo de zero para CP 2.

Para a safra 1999/2000, o resultado da análise de variância na Tabela 34, mostra que considerando as somas de quadrados das fontes de variação A, G e G x A em conjunto, A mostrou ser a mais importante fonte de variação para a produtividade, com 65%. G x A apresentou 23%, superior a G com 12%. A superioridade de G x A em relação a G, sugere existência de diferentes mega-ambientes.

Tabela 34 – Análise de variância simplificada para o método SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment interaction*) biplot, com os elementos de desdobramento da $SQ_{G \times A}$ por DVS: eixo singular, autovalores, proporção da $SQ_{G \times A}/Eixo$ e proporção acumulada (%), com base na produtividade de grãos de 49 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e nove ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

FV	GL	Autovalor I_k^2	Proporção (%) $SQ_{G \times A}/Eixo$	Proporção Acumulada (%)	QM	F_{GOLLOB}
CP 1	55	344460590,84	37,63	37,63	6262919,83	8,52015**
CP 2	53	133630865,40	14,60	52,23	2521337,08	3,43006**
CP 3	51	124828269,64	13,64	65,86	2447613,13	3,32976**
CP 4	49	102028993,69	11,15	77,01	2082224,36	2,83268**
CP 5	47	81831917,08	8,94	85,95	1741104,62	2,36862**
CP 6	45	54973032,14	6,01	91,95	1221622,94	1,66191**
CP 7	43	36353551,37	3,97	95,92	845431,43	1,15014 ^{NS}
CP 8	41	21983747,36	2,40	98,33	536188,96	0,72944 ^{NS}
CP 9	39	15325590,92	1,67	100,00	392963,87	0,53459 ^{NS}

^{NS}, * e ** não-significativo e significativos, a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Pelo teste F, seis dos nove eixos de interação são significativos, a 5% de probabilidade, o que levaria a escolha do modelo com seis eixos, tornando inviável a interpretação dos resultados pela dificuldade de análise do elevado número possíveis de combinações de eixos. Optou-se pelos dois primeiros componentes principais, originalmente recomendados pelo método.

O primeiro eixo principal, *CP 1*, capturou 37,6% da $SQ_G + SQ_{G \times A}$, o segundo 14,6%, totalizando para os dois primeiros componentes principais 52,2%.

Na Figura 4, os genótipos (ver códigos de identificação na Tabela 35) mais responsivos, que são os localizados nos vértex dos polígonos formados, delimitando os setores, foram: 98 HS 16B (36), AG 6690 (37), AX 4646 (31), NB 5318 (18) (escores *CP 1* positivos); CO 34 (18), PL 6443 (22), PL 6440 (21), HT 97 1011 (45) (escores *CP 1* negativos); AX 4646 (31) (escores *CP 1* zero). Foram formados oito setores; o primeiro setor, delimitando um mega-ambiente, contém os ambientes: Janaúba (J), Capinópolis (CA), Lavras (L), Patos de Minas 2 (P2), Uberlândia 2 (U2) e Uberlândia 1 (U1) com o genótipo vencedor-98 HS 16B (36). O segundo setor, e também mega-ambiente, contém os ambientes Coimbra (CO) e Inhaúma (IH), com genótipo vencedor-AG 6690 (37). O terceiro setor possui apenas o ambiente Sete Lagoas (SL), porém bem próximo à perpendicular separadora entre os genótipos AG 6690 (37) e AX 4646 (31), tendendo a estar mais próximo do genótipo AX 4646 (31). Assim, pode-se dizer que os genótipos AG 6690 (37) e AX 4646 (31) possuem produtividade similar no ambiente Sete Lagoas (SL).

Os genótipos PL 6440 (21), PL 6443 (22) e PL 6403 (23) foram os que apresentaram as menores produtividades, demonstrado pelas suas posições distantes dos marcadores de ambientes, refletindo seus baixos desempenhos em todos os ambientes.

A correlação de Pearson entre os escores do *CP 1* e os efeitos de genótipos (médias de genótipos em todos os ambientes) obteve 0,98 (dados não-apresentados), com significância a 1%, pelo teste t, denotando a quase perfeita correlação do *CP 1* com o efeito de genótipos, confirmando o que sugeriu Yan et al. (2001b), sendo G , 52,6% de $G \times A$ em termos de soma de quadrados, a correlação de G com *CP 1* apresentou-se quase perfeita ($r > 0,95$).

Todos os ambientes possuem escores para *CP 1* com sinal positivo. A Figura 4 sugere a existência de dois mega-ambientes para milho precoce no Estado de Minas Gerais, para a safra 1999/2000, a saber: mega-ambientes vencedor – 98 HS 16B (36) e vencedor – AG 6690 (37). Mais uma vez, vale ressaltar que esta classificação é somente uma sugestão grosseira, pois está baseada em apenas um ano de avaliação.

BIPLOT GGE - 1999/2000

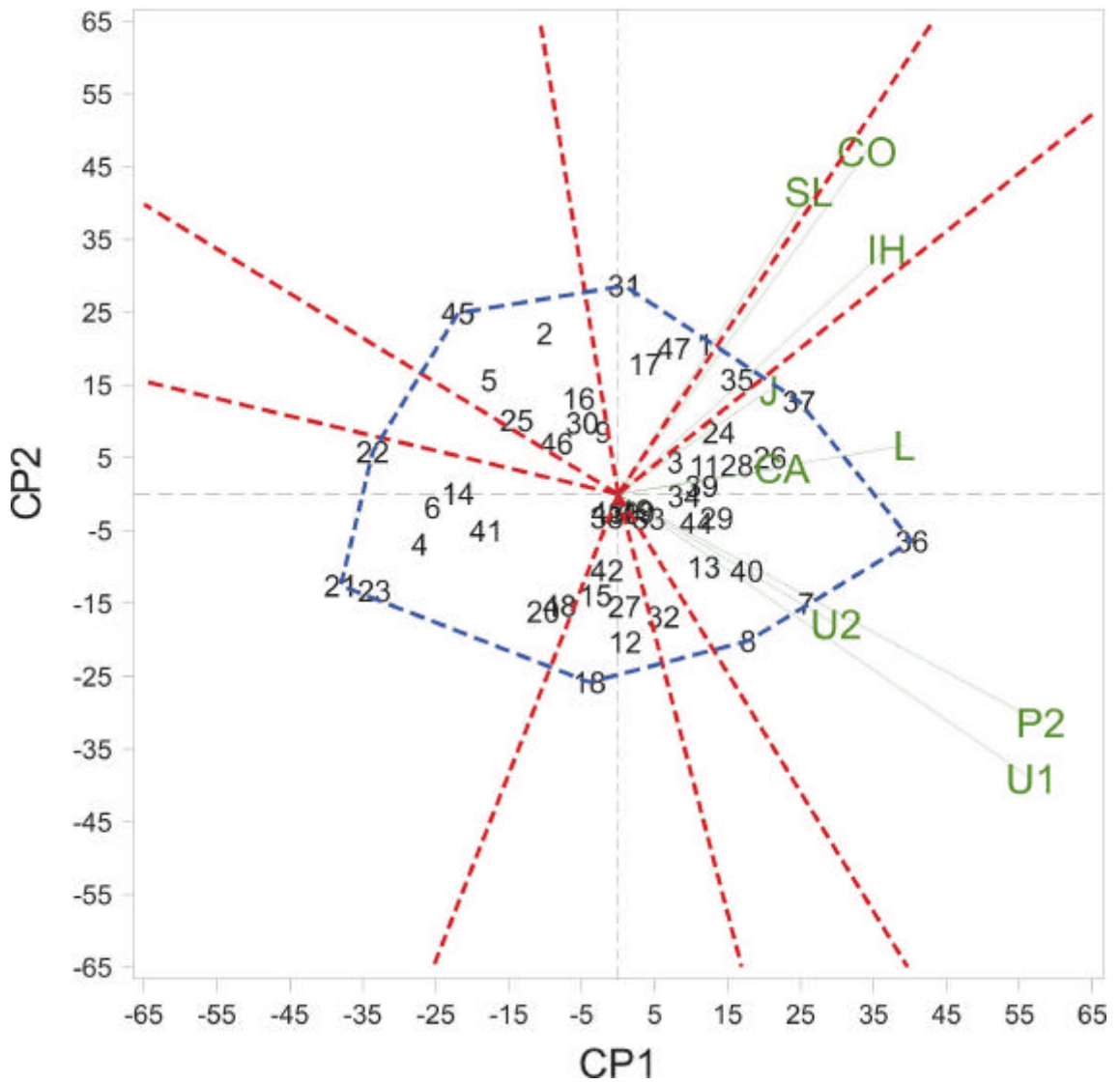


Figura 4 – Gráfico da análise SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment interaction*) biplot dos 49 híbridos de milho e nove ambientes, com base na produtividade de grãos de híbridos comerciais de milho de ciclo precoce, relativos ao Ensaio Nacional da safra de 90/00, no Estado de Minas Gerais.

Tabela 35 – Legenda da codificação dos híbridos e ambientes, escores do CP 1 (1º componente principal) e CP 2 (2º componente principal) do método SREG (*Sites Regression*) – GGE (*Genotype and Genotype-Environment interaction*) biplot, com base na produtividade de grãos de 49 híbridos comerciais de milho de ciclo precoce e nove ambientes, relativos ao Ensaio Nacional da safra 1999/2000, no Estado de Minas Gerais

Códigos	Híbridos e Ambientes	CP 1	CP 2
1	XB 7012	11,86	20,58
2	XB 8010	-10,07	22,09
3	CD 3121	7,81	4,40
4	CDX 99 TO 5	-27,17	-6,86
5	CDX 97SO1	-17,72	15,66
6	OC 705	-25,43	-1,82
7	NB 7228	25,78	-15,02
8	NB 5318	17,82	-20,18
9	AGROMEN 2E2	-2,08	8,54
10	98 HT 19 A	0,73	-2,55
11	DINA 1000	11,84	3,94
12	DINA 500	0,94	-20,32
13	R&G 01A	11,73	-9,98
14	SHS 4040	-21,95	0,05
15	SHS 5060	-3,11	-13,88
16	SH-50 Ex556	-5,43	13,18
17	SH-70 Ex309	3,66	17,88
18	CO 34	-3,95	-25,85
19	CO E 9743	2,43	-2,19
20	CO 32	-10,28	-16,15
21	PL 6440	-38,02	-12,57
22	PL 6443	-33,63	5,81
23	PL 6403	-33,39	-13,27
24	Z 8460	13,82	8,45
25	Z 8490	-13,88	10,14
26	Z 8420	20,83	5,09
27	Z 8410	0,88	-15,43
28	Z 8486	16,28	3,98
29	P 30F33	13,50	-3,25
30	P 30R07	-4,91	9,82
31	AX 4646	0,89	28,65
32	AX 2560	6,17	-16,84
33	AX 3565	4,21	-3,36
34	Z 8392	9,05	-0,24
35	P 3041	16,28	15,72
36	98 HS 16B	40,27	-6,48
37	AG 6690	24,82	12,76
38	MTC 817 U	-1,55	-3,18
39	C747	11,44	1,13
40	BRS 3150	17,65	-10,55
41	MTC 833 N	-18,05	-5,01
42	C444	-1,51	-10,49
43	AS 3466	-1,40	-2,50
44	AS 1533	10,75	-3,98
45	HT 97 1011	-21,93	24,90
46	97 HT 18bC	-8,42	6,99
47	97 HT 15bC	7,67	20,04
48	HT 7105-3	-7,98	-15,30
49	HT 2628-9	2,79	-2,52
CA	Capinópolis	22,45	3,54
CO	Coimbra	34,08	47,08
IH	Inhaúma	36,79	33,67
J	Janaúba	20,68	14,31
L	Lavras	39,25	6,68
P2	Patos de Minas 2	57,91	-31,41
SL	Sete Lagoas	26,13	41,57
U1	Uberlândia - 1	56,64	-39,09
U2	Uberlândia - 2	29,86	-17,88

Na busca do genótipo produtivo e estável em ambientes que facilitam esta identificação verificou-se que Lavras (L) apresenta a melhor posição, pois possui considerável escore para CP 1 e não tão expressivo escore para CP 2 dentre os demais ambientes. Em seguida, vem Capinópolis (CA), porém com menor escore para CP 1 e mais próximo de zero para escore do CP 2. Vale ressaltar que a safra 1999/2000 apresenta melhor definição de posicionamento dos ambientes quando comparada com a safra 1988/1999. Para genótipos, 98 HS 16B (36) possui a melhor posição em termos de elevado escore para CP 1 e próximo de zero para CP 2.

Nas safras 1988/1999 e 1999/2000 formaram-se oito setores, porém formando apenas dois mega-ambientes distintos, demonstrando uma tendência a ser averiguada em análise de dados em outras safras.

Inhaúma tendeu a ser o melhor representante de um mega-ambiente, pois apareceu repetidamente em grupo distinto nas safras 1988/1999 e 1999/2000, apesar de agrupar-se com diferentes ambientes. Já para o outro mega-ambiente não é possível definir o melhor ambiente representativo.

A validade da análise GGE biplot pode ser inferida pelas evidências quando se aplica a análise AMMI. Em revisão realizada por Gauch e Zobel (1996), concluíram que em 70% dos casos, *AMMI 1* (com um termo multiplicativo) é o melhor modelo, e para o restante, *AMMI 2* é o melhor.

Para ambas teorias dos modelos, análise AMMI e GGE biplot, o biplot bidimensional, com base em *SREG 2*, sempre usa número intermediário de graus de liberdade e explica uma magnitude intermediária da soma de quadrados $G + G \times A$ entre *AMMI 1* e *AMMI 2*. Assim, GGE biplot sempre estará próximo do melhor modelo. Usando o método simplificado sugerido por Gauch e Zobel (1996) para estimar o “padrão” e o “ruído”, *SREG 2* foi o melhor modelo para a safra 1988/1999 que o modelo *AMMI 2*, pois explicou maior proporção da soma de quadrados da interação $G \times A$, além de apresentar a vantagem adicional de incluir o efeito de genótipo. Na safra 1988/1999, a análise GGE biplot explicou 53,4% da soma de quadrados $G \times A$ contra 50,8% da análise AMMI. Na safra 1999/2000, a análise GGE biplot explicou 52,3% e a análise AMMI explicou 45,4%, se forem linearmente distribuídos.

Assim, em muitos casos, a análise GGE biplot mostra os dados não somente graficamente, mas também com maior acurácia que as interpretações numéricas normais.

Comparado com a AMMI, a GGE biplot apresenta o efeito de genótipo (G) como um efeito multiplicativo em termos de interação $G \times A$. Desde que todos os escores do CP 1 para todos os ambientes tendem a ter o mesmo sinal, CP 1 representa a interação simples. Como na maioria dos casos em análises de dados, o escore de CP 1 está altamente correlacionado com o efeito de genótipo, em termos práticos ele pode substituir o efeito de genótipo, entretanto, conceitualmente ele é bastante diferente. Por definição, o efeito principal de genótipo é a constante devido ao genótipo em qualquer ambiente e escores do CP 1 representam a tendência dos genótipos responderem aos fatores ambientais representados pelos escores do CP 1 dos ambientes e não são constantes. Elas variam entre os ambientes na proporção direta com os escores do CP 1 dos ambientes. Yan et al. (2000) acreditam que esta proporcionalidade da resposta dos genótipos seja mais lógica e biologicamente plausível que o conceito de efeitos aditivos para os efeitos principais. Entretanto, a única propriedade deste conceito é que ambientes que facilitam a identificação de genótipos com grandes efeitos principais são simultaneamente observados (os dados analisados destas safras não permitiram uma perfeita observação desta propriedade). Outra importante propriedade da análise GGE biplot é a diferenciação entre proporcional e desproporcional resposta de cultivares e suas implicações na interação $G \times A$ simples e complexa. O entendimento destas interações pode ser obtido relacionando os escores de CP 1 (interação simples) e CP 2 (interação complexa) de genótipo e, ou, a covariância ambiental.

4.4. Considerações finais

4.4.1. Safra 1988/1999

Em relação à estratificação ambiental houve perfeita coincidência entre o método tradicional, a análise de fatores e a análise GGE biplot com relação aos ambientes Indianópolis, Uberlândia 2 e Patos de Minas 2. Para a análise AMMI

esta coincidência ocorreu apenas com Indianópolis e Uberlândia 2. O caráter exclusivo da existência de interação simples apenas para os pares Indianópolis, Uberlândia 2 para esta safra, possivelmente é devido à pequena distância geográfica entre eles de 41 km, altitudes e região edafoclimática semelhantes e também similaridade de manejo cultural na condução dos ensaios, tornando-os facilmente detectáveis pelas metodologias.

Os ambientes Janaúba e Patos de Minas 1 apresentaram-se agrupados pelo método tradicional, análise de fatores e AMMI. Uma característica em comum a estes ambientes é o fato de serem os ambientes com menores contribuições para a interação $G \times A$ pela análise AMMI.

Patos de Minas 1 e Capinópolis apresentaram-se agrupados pelo método tradicional e pela análise AMMI. Coimbra e Inhaúma foram agrupados apenas pela análise de fatores.

Uberlândia 1 e Inhaúma estão agrupados apenas na análise GGE, constituindo os únicos integrantes do setor. Nas demais análises ocupam posições distintas. Na análise AMMI as características destes ambientes (similares para tal aspecto) em contraste com características do par Patos de Minas 2 e Uberlândia 2 (similares para tal aspecto e agrupados em setor distinto na análise GGE) em conjunto com Indianópolis são os determinadores do CP 1.

Coimbra e Inhaúma apresentaram-se agrupados na análise de fatores e nas análises AMMI e GGE biplot apresentaram distâncias não tão afastadas. Na análise tradicional não se agruparam.

Sete Lagoas apresentou-se distinta na maioria das análises, apenas apresentando agrupada com Janaúba na análise GGE biplot. Uma possível explicação para isto talvez seja o fato de possuírem dois genótipos mais produtivos em comum ocupando as três primeiras posições em produtividade. Era de se esperar que Inhaúma e Sete Lagoas se agrupassem de forma próxima pelo fato de distarem apenas 14 km, possuírem altitudes próximas, e se localizarem nos Cerrados.

Com relação a genótipos, as análises AMMI e GGE biplot foram unânimes em eleger o P 30F33 como o genótipo ideal, apresentando produtividade e estabilidade alta, não deixando nenhuma margem de dúvidas. Já pelo método de Eberhart e Russell (1966), deixou dúvidas quando a estabilidade do P 30F33, elegendo o P 3041 como o de maior estabilidade.

Na análise AMMI, os genótipos P 30F45, SHS 4040, CX 9856, R&G 01E, AG 8014, Z 8420, AG 5016 apresentaram distâncias mais próximas de zero, sendo que o 30F45 mais próximo e os demais sucessivamente, caracterizando-os como genótipos estáveis. Estes resultados coincidem com a metodologia de Eberhart e Russell (1966), para os genótipos P 30F45, SHS 4040, CX 9856, AG 8014, Z 8420 e AG 5016 e diferem com relação à R&G 01E, que o classificou com adaptação específica a ambientes desfavoráveis, conforme Tabela 24.

O híbrido HATA 3052 teve o pior desempenho, com produtividade média abaixo de 6.973 kg/ha, mantendo esta baixa produtividade pelos diversos ambientes, $\hat{b}_{1i} = 1$, e com estabilidade, $\hat{s}_{di}^2 = 0$, segundo o método de Eberhart e Russell (1966). Este baixo desempenho foi detectado pela análise GGE biplot.

4.4.2. Safra 1999/2000

Os ambientes Uberlândia 1, Uberlândia 2 e Patos de Minas 2 foram agrupados pelo método tradicional e foi concordante com a análise de fatores e análise GGE biplot. Para a análise AMMI, esta coincidência ocorreu de forma mais próxima apenas com Patos de Minas 2 e Uberlândia 1. Também vale aqui a característica do caráter exclusivo da existência de interação simples apenas para os pares Patos de Minas 2 e Uberlândia 1, tornando-os facilmente detectáveis pelas outras metodologias, possivelmente devido a influência similar do manejo cultural dos ensaios conduzidos pela empresa Aventis, refletindo a igualdade das práticas agrônômicas realizadas por esta instituição de pesquisa.

Janaúba agrupou-se com Lavras, Capinópolis e Uberlândia 2 pelo método tradicional, e pela análise GGE biplot estes foram agrupados no mega-ambiente, tendo como vencedor – 98 HS 16B. Ao analisar em ordem crescente de distância entre os marcadores de Janaúba nas análises AMMI e GGE biplot observou-se que Lavras e Capinópolis foram os ambientes com maior proximidade de Janaúba, porém Uberlândia 2 já dista consideravelmente, ocupando as últimas posições. Diferentemente, conforme

já discutido no capítulo de análise de fatores, Janaúba não foi detectado pela técnica em nenhum fator devido apresentar baixas correlações com os demais ambientes, resultado da interação predominantemente complexa com estes ambientes. Outro aspecto interessante a mencionar é que apesar de estarem consideravelmente distantes de Janaúba, mas pelo fato de Janaúba se situar numa região de transição entre Cerrado e Caatinga, talvez isto lhe imprime maior versatilidade de influências ambientais, comportando-se com flexibilidade, seja como Cerrado alto (Uberlândia 2), Cerrado baixo (Capinópolis) e Cerrado alterado (Lavras).

Coimbra, Sete Lagoas e Inhaúma comportaram-se como ambientes distintos não se agrupando com nenhum outro ambiente pelo método tradicional, sendo concordante neste aspecto a análise de fatores e AMMI. Já a análise GGE agrupou-os, porém não de forma tão próxima. Vale aqui os aspectos de proximidade geográfica já discutidos com relação a Sete Lagoas e Inhaúma para a safra 1988/1999.

Lavras apresenta-se de forma distinta na análise de fatores, AMMI e GGE. Na análise tradicional, conforme já mencionado, apresentou-se agrupada com Janaúba.

Com relação aos genótipos, o método de Eberhart e Russell (1966) e a análise GGE biplot foram unânimes em eleger o 98 HS 16B como o genótipo ideal, apresentando produtividade e estabilidade alta.

Na análise AMMI, os genótipos 98 HT 19 A, Z 8460, C747, PL 6440 e SHS 4040 apresentaram distâncias mais próximas de zero e suas classificações possuem maior confiabilidade e são determinadas basicamente pelos efeitos genotípicos, com interação $G \times A$ reduzida, caracterizando-os como genótipos estáveis, conforme pode ser verificado na Tabela 27. Estes resultados coincidem com a metodologia de Eberhart e Russell (1966).

O híbrido PL 6440 apresentou o pior desempenho, produtividade média abaixo de 5.310 kg/ha e com estabilidade desta baixa produtividade. Este baixo desempenho foi detectado pelo método de Eberhart e Russell (1966) e pela análise GGE.

5. CONCLUSÕES

A análise AMMI e GGE biplot se prestaram bem ao estudo da interação genótipo x ambientes, com a vantagem de explicar uma maior parcela das soma de quadrados da interação $G \times A$ e possibilitaram uma fácil interpretação gráfica dos resultados da análise estatística. Apesar de possuírem propriedades metodológicas de análise semelhantes, os resultados diferiram, na maioria das vezes, entre a análise AMMI e GGE biplot. A análise GGE biplot, por incorporar o efeito de genótipo, e por este, na maioria dos casos, estar altamente correlacionado com os escores do CP 1, possui a vantagem de permitir a avaliação gráfica direta do efeito de genótipo. Com a introdução do desenho de setores no biplot por Yan et al. (2000), a análise GGE biplot identificou com melhor propriedade a existência de mega-ambientes graficamente, prestando-se ao zoneamento agrônômico.

As limitações das análises AMMI e GGE biplot foram: requerem dados balanceados; podem explicar apenas pequena porção do total da soma de quadrados G ou $G + G \times A$, respectivamente; perda da medida de incerteza, pois não permitem o teste de uma hipótese em particular. Muitas destas limitações também estão presentes em análise tradicionais.

A metodologia para estratificação de ambientes com base na técnica multivariada de análise de fatores mostrou-se eficiente em reunir locais pela similaridade de desempenho dos cultivares.

Os agrupamentos de ambientes formados pela estratificação ambiental e a capacidade de discriminação de genótipos foram, em parte, coincidentes pelas metodologias utilizadas na avaliação dos dados da Rede Nacional de Avaliação de Cultivares de Milho, referentes ao Ensaio Nacional de Milho de Ciclo Precoce, nos anos agrícolas de 1998/1999 e 1999/2000.

Na safra 1988/1999, os genótipos P 30F33 e P 3041 se notabilizaram pelas suas produtividades e estabilidade através dos ambientes de avaliação. Na safra 1999/2000, o destaque foi o genótipo 98 HS 16B.

Os ambientes Patos de Minas 2 e Uberlândia 2 se destacaram pela coincidência no agrupamento pela unanimidade das metodologias utilizadas levando a inferir o forte caráter de homogeneidade edafoclimática por causa da proximidade geográfica, altitudes semelhantes e de localização nos Cerrados. Também, a homogeneidade de manejo agrícola praticada para estes dois ambientes com certeza teve participação importante.

Necessitou-se de mais de dois componentes principais pelo teste de significância de Gollob (1968), a fim de separar o “padrão” do “ruído”, impossibilitando, assim, analisar toda a expressão do “padrão” dos dados devido a limitação gráfica de, no máximo, três dimensões.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Aastveit, H.; Martens, H. ANOVA interactions interpreted by partial least squares regression. **Biometrics**, v. 42, p. 829-844, 1986.

Baril, C. P.; Denis, J. B.; Wustman, R.; van Eeuwijk, F. A. Analyzing genotype-by-environment interaction in Dutch potato and variety trials using factorial regression. **Euphytica**, v. 82, p. 149–155, 1995.

Brasil, E. M. **Comparação de métodos de controle da interação genótipo ambiente em milho (*Zea mays* L.)**. 1990. 214 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Goiânia, Goiânia.

Burgueño, J.; Vargas, M.; CROSSA, J. **SAS programs for graphing GE and GGE Biplots**. CIMMYT, Int. México, 2000. 42 p.

Carneiro, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

Cochran, W.G.; COX, G. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 1957. 611 p.

Cooper, M.; Stucker, R. E.; DeLacy, I. H.; Harch, B. D. Wheat breeding nurseries, target environments, and indirect selection for grain yield. **Crop Sci.**, v. 37, p. 1168-1176, 1997.

Cornelius, P. L.; Crossa, J.; Seyedsader, M. S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. In: Kang, M. S.; Gauch, H. G. (Ed.) **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 199-234.

Correa, L. A. (Coord.) **Ensaio nacionais de milho precoce**. Sete Lagoas-MG: Embrapa Milho e Sorgo. 2001. 70 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 10, 11 e 12).

Crossa, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in agronomy**, v. 44, p. 55-85, 1990.

Crossa, J.; Cornelius, P. L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. **Crop Sci.**, v. 37, p. 405-415, 1997.

Crossa, J.; Cornelius, P. L. Linear-bilinear models for the analysis of genotype-environment interaction. In: Kang, M. S. (Ed.) **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. CAB International, 2002. 330 p.

Cruz, C. D.; Torres, R. A. A.; Vencovsky, R. An alternative to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Rev. Brasil. Genet.**, v. 12, p. 567-580, 1989.

Cruz, C. D.; Regazzi, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 390 p.

Cruz, C. D. **Programa GENES** – Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: Editora UFV, 1997. 442 p.

Cruz, C. D. **Programa GENES** – versão Windows 2003.0.0. Viçosa-MG: Editora UFV, 2001. 642 p.

Cruz, C. D.; Castoldi, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **R. Ceres**, v. 38, p. 422-430, 1991.

De Cauwer, I.; Ortiz, R. Analysis of the genotype x environment interaction in *Musa* trials. **Experimental Agric.**, v. 34, p. 177-188, 1998.

Denis, J.-B. Two-way analysis using covariates. **Statistics**, v. 19, p. 123-132, 1988.

Duarte, J. B.; Vencovsky, R. **Interação genótipos x ambientes**. Uma Introdução à análise AMMI. Série Monografias nº 9. Ribeirão Preto-SP: ESALQ/USP, 1999. 60 p.

Duarte, J. B.; Zimmermann, M. J. O. Selection of location for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germoplasm evaluation. **Rev. Brasil. Genética**, v. 14, n. 3, p. 765-770, 1991.

Eberhart, S.A.; Russell, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Sci.**, v.6, n.1, p.36-40, 1966.

Ensaio Nacional de Milho. Rede Nacional de Avaliação de Cultivares de Milho. <http://www.cnpms.embrapa.br/ensaio>. Embrapa, 2001.

Finlay, K. W. e Wilkinson, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. Austr. **J. Agric. Res.**, v. 14, p. 742-754, 1963.

Frensham, A. B.; Barr, A. R.; Cullis, B. R.; Elham, D. A mixed model analysis of 10 years of oat evaluation data: Use of agronomic information to explain genotype-by-environment interaction. **Euphytica**, v. 99, p. 43-56, 1998.

Gabriel, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, p. 453-467, 1971.

Gabriel, K. R. Least squares approximation of matrices by additive and multiplicative models. **J. Roy. Stat. Soc.**, Series B, v. 40, p. 186-196, 1978.

Gauch, H. G. Model selection and validation for yield trials with interaction. **Biometrics**, v. 44, p. 705-715, 1988.

Gauch, H. G. Full and reduced models for yield trials. **Theoretical applied of genetics**, v. 80, p. 153-160, 1990.

Gauch, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials**. AMMI analysis of factorial designs. New York: Elsevier Science. 1992. 279 p.

Gauch, H. G.; Zobel, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: Kang, M. S.; Gauch Jr., H. G. (Ed.) **Genotype-by-environment proved and under what conditions this can be most environment interaction**. Boca Raton, FL: CRC Press, 1996. p. 1-40.

Gollob, H. F. A statistical model which combines features of factor analytic e analysis of variance. **Psychometrika**, v. 33, p. 73-115, 1968.

Good, I. J. Some applications of the singular decomposition of a matriz. **Technometrics**, v. 11, n. 4, p. 823-831, 1969.

Hartley, H. O. The use of range in analysis of variance. **Biometrika**, v. 37, p. 271-280, 1950.

IBGE. Sistema IBGE de Recuperação Automática – SIDRA. 2004. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?c=99&z=t&o=11>>

Johnson, R. A.; Wichern, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. New Jersey: Englewood Cliffs, 1992. 642 p.

Kang, M. S.; Magari, R. New developments in selecting for phenotypic stability in crop breeding. In: Kang, M. S.; Gauch, H. C. (Ed.) **Genotype by environment interaction**. Boca Raton: CRC Press. 1996. p. 1-14.

Kempton, R. A. The use of biplots in interpreting variety by under-environment interactions. **J. Agric. Sci.**, v. 103, p. 123-135, 1984.

Kroonenberg, P. M. **Introduction to biplots for GxE tables**. Australia: Department of Mathematics, University of Queensland, 1995. (Research Report , 51).

Mandel, J. A. New analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, v. 13, p. 1-18, 1971.

Murakami, D. M. **Novas metodologias de análise de interação genótipos x ambientes**: Análise combinada de estratificação, adaptabilidade e estabilidade e análise de representatividade ambiental. 2001. 155 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.

Pacheco, C. A. P. **Associação das metodologias de análise dialélica de Griffing e de análise de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell**. 1997 119 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

Piepho, H. P. Best Linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical Applied of Genetics**, v. 89, p. 647-654, 1994.

Piepho. H. P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical Applied of Genetics**, v. 89, p. 438-443, 1995.

Pimentel-Gomes, F. **Curso de estatística experimental**. 11.ed. Piracicaba: Nobel, 1987. 466 p.

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

Regazzi, A. J.; Silva, H. D.; Viana, J. M. S.; Cruz, C. D. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. II. Análise Conjunta. **Pesq. Agropec. Bras**, v. 34, n. 11, p. 1987-1997, 1999.

Robertson, A. **Experimental design on the measurement of heritabilities and genetic correlations**. Biometrical Genetics. New York: Pergamon Press, 1959. 186 p.

SAS Institute. **SAS OnlineDoc®**. Version 8. SAS Institute Inc., Cary, NC. 1999a.

SAS Institute. Version 8. SAS Institute Inc., Cary, NC. 1999.

Silva, E. C. **Classificações ambientais para controlar a interação genótipo x ambiente com aplicação à cultura do trigo (*Triticum aestivum* L.) no Rio Grande do Sul**. 1981. 76 f. Tese (Doutorado em Agronomia – Estatística) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

Silva, H. D.; Regazzi, A. J.; Cruz, C. D.; Vianna, J. M. S. Análise de experimentos em látice quadrado com ênfase em componentes de variância. I. Análises Individuais. **Pesq. Agropec. Bras.** v. 34, n.10, p.1811-1822, 1999.

Silva, J. G. C.; Barreto, J. N. Aplicação de regressão linear segmentada em estudos de interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1., Campinas, Cargil. Res. p. 49-50, 1985.

Talbot, M.; Wheelwright, A.V. The analysis of genotype x environment interactions by partial least squares regression. **Biuletyn Oceny Odmian Zeszyt**, v. 21-22, p. 19-25, 1989.

van Eeuwijk, F. A. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. **Euphytica**, v. 84, p. 1-7, 1995.

van Eeuwijk, F. A. **Between and beyond additivity and non- additivity: The statistical modelling of genotype-by-environment interaction in plant breeding**. Ph.D. diss., Wageningen Agric. Univ., Wageningen, the Netherlands. 1996.

van Eeuwijk, F. A., Denis, J.-B.; Kang, M. S. Incorporating additional information on genotypes and environments in models for two-way genotype by environment tables. In: Kang, M. S.; Gauch, H. G. (Ed.) **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p. 15-49.

van Oosterom, E. J.; Kleijn, D.; Ceccarelli, S.; Nachit, M. M. Genotype-by-environment interactions of barley in the Mediterranean region. **Crop Sci.**, v. 33, p. 669–674, 1993.

van Oosterom, E. J.; Mahalakshmi, V.; Bindinger, F. R.; Rao, K. P. Effect of water availability and temperature on genotype-by-environment interaction of pearl millet in semi-arid tropical environments. **Euphytica**, v. 89, p. 175–183, 1996.

Vargas, W.; Crossa, J.; van Eeuwijk, F. A.; Ramirez, M. E.; Sayre, K. Using partial least squares regression, factorial regression, and AMMI models for interpreting genotype-by-environment interaction. **Crop Sci.**, v. 39, p. 955–967, 1999.

Vargas, W.; Crossa, 1999.; Sayre, K.; Reynolds, M.; Ramirez, E.; Tabot, M. Interpreting genotype-by-environment interaction in wheat by partial least square regression. **Crop Sci.**, v. 38, p. 679–689, 1998.

Yan, W. **Methodology of cultivar evaluation based on yield trial data - with special reference to winter wheat in Ontario**. Ph.D. dissertation, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada. 1999.

Yan, W.; Hunt, L. A. Genetic and environmental causes of genotype by environment interaction for winter wheat yield in Ontario. **Crop Sci.**, v. 41, p. 19-25, 2001a.

Yan, W.; Hunt, L. A. Interpretation of Genotype x Environment Interaction for Winter Wheat Yield in Ontario. **Crop Sci.**, v. 41, p. 19-25, 2001b.

Yan, W.; Hunt, L. A. Biplot Analysis of Multi-environment Trial Data. In: Kang, M. S. (Ed.) **Quantitative genetics, genomics and plant breeding**. ©CAB International, 2002. 330 p.

Yan, W.; Rajcan, I. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Sci.**, v. 41, n. 1, p. 11-20, 2002.

Yan, W.; Hunt, L. A. Genotype by environment interaction and crop yield. **Plant Breed. Rev.**, v. 16, p. 135-178, 1998.

Yan, W.; Hunt, L. A.; Sheng, Q.; Szlavnic, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. **Crop Sci.**, v. 40, p. 597-605, 2000.

Yan, W.; Cornelius, P. L.; Crossa, J.; Hunt, L. A. Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. **Crop Sci.**, v. 41, p. 656-663, 2001.

Zobel, R. W.; Wright, M. J.; Gauch, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agron. J.**, v. 80, p. 388-393, 1988.