

ÍTALO STEFANINE CORREIA GRANATO

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES VIA GGE BILOT/REML-BLUP EM
MILHO SOB ESTRESSE NUTRICIONAL**

Dissertação 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
2014

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

T

G748i
2014

Granato, Italo Stefanine Correia, 1990-
Interação genótipos x ambientes via GGE
biplot/REML-BLUP em milho sob estresse nutricional / Italo
Stefanine Correia Granato. – Viçosa, MG, 2014.
vii, 27f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Fabyano Fonseca e Silva.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Cultivos agrícolas -
Genética. 3. Interação genótipo-ambiente. 4. Estresse abiótico.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Informática.
Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento.
II. Título.

CDD 22. ed. 633.15

ÍTALO STEFANINE CORREIA GRANATO

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES VIA GGE BILOT/REML-BLUP EM
MILHO SOB ESTRESSE NUTRICIONAL**

Dissertação 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: 07 de fevereiro de 2014.

Felipe Lopes da Silva

Luiz Antônio dos Santos Dias

Fabyano Fonseca e Silva
(Orientador)

*Aos meus pais Geraldo e Luzinete
À minha família
Dedico.*

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pela vida e por todas as coisas.

Aos meus pais Luzinete Jovelino Correia e Geraldo Pereira Granato pelo carinho, dedicação e empenho na minha formação profissional.

À minha família pelo carinho e suporte para que eu alcançasse meus objetivos.

Aos Prof. Fabyano Fonseca e Silva e Roberto Fritsche-Neto, pela orientação, incentivo e confiança depositados em mim.

Aos meus co-orientadores, Prof. Marcos Deon e Marcelo Soriano, pela contribuição para formação e execução deste trabalho.

À Universidade Federal de Viçosa, especialmente ao Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade e ao CNPq pela concessão da bolsa de estudo.

Aos funcionários da UFV que fazem o sistema funcionar.

Aos amigos que fizeram parte do Programa Milho[®] UFV, Gabriel Gonçalves Reis, Debora Santos Caixeta, Lorena Guimarães Batista, Humberto Fanelli Carvalho e aos novos amigos do Laboratório de plantas alógamas/Esalq, Patric Pinho, Anna Rita, Massaine e Evellyn Couto.

Aos amigos Júlio César do Vale, Rodrigo de Lima e Alexandre Takahashi pelo apoio e incentivo no melhoramento de plantas.

Aos amigos Andrea Lanna, Lidiane Silva, Geverson Aelton, Isabela, Haroldo Rodrigues e Sara Coser pelo tempo de convívio e amizade.

Aos grandes amigos dos tempos de agronomia que me ajudaram a chegar aqui.

À todos que direta ou indiretamente contribuíram com a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

ÍTALO STEFANINE CORREIA GRANATO, filho de Geraldo Pereira Granato e Luzinete Jovelino Correia, nasceu em 16 de junho de 1990, em Pedro Canário, Espírito Santo.

Cursou o ensino médio e técnico em agropecuária em Rio Pomba-MG e formou-se em dezembro de 2006.

Em março de 2007 ingressou no curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa com término em janeiro de 2012.

Em março do mesmo iniciou o curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, sob a orientação do professor Fabyano Fonseca e Silva.

RESUMO

GRANATO, Ítalo Stefanine Correia, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2014. **Interação genótipos x ambientes via GGE Biplot/REML-BLUP em milho sob estresse nutricional.** Orientador: Fabyano Fonseca e Silva. Co-Orientadores: Roberto Fritsche Neto, José Marcelo Soriano Viana e Marcos Deon Vilela de Resende.

A seleção de genótipos para eficiência no uso (EU) é fundamental, pois permite alcançar produtividades satisfatórias, com menores custos e de modo sustentável. Assim, muitos programas de melhoramento para estresse nutricional fazem seleção de genótipos para dois ou mais estresses simultaneamente. No entanto é necessário entender o efeito do tipo e da intensidade do estresse nutricional para a composição da interação genótipo-ambiente (GxA). Neste contexto, uma ferramenta muito utilizada é a modelagem via GGE Biplot (efeitos principais dos genótipos (G) mais interação genótipo-ambiente (GA)) combinada com as equações de modelos mistos. Entretanto, é necessário entender como a predição e correção dos valores genéticos para os efeitos fixos interfere nas análises da interação GxA via GGE Biplot. Diante do exposto, o objetivo foi estudar o efeito do tipo e intensidade do estresse nutricional e do tratamento estatístico nos dados utilizados para compreensão da interação genótipo-ambiente em milho tropical. Para isto, foram avaliadas 41 combinações híbridas em dois experimentos, em baixa e alta disponibilidade de N e P, delineados em blocos ao acaso com duas repetições, em esquema fatorial simples (híbridos x níveis de N ou P). Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação (20°45'14"S; 42°52'53"W), na Universidade Federal de Viçosa, durante o mês de outubro de 2010. As plantas foram colhidas no estágio de seis folhas completamente expandidas (V6). Foram estimados a massa de parte aérea seca (MPS) e o comprimento de raiz lateral (CR_{LAT}). Os dados obtidos foram submetidos a análises estatísticas via REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado) para a obtenção dos componentes de variância e as estimativas dos parâmetros genéticos e posteriormente submetido à análise via GGE Biplot. Foi possível concluir que a avaliação e seleção de genótipos de milho tropical deve ser realizada para cada nível de disponibilidade dentro de cada tipo de estresse nutricional e a utilização de médias fenotípicas apresenta maior confiabilidade em relação aos valores genotípicos nas análises da interação GxA via GGE Biplot.

ABSTRACT

GRANATO, Ítalo Stefanine Correia, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, february, 2014. **Genotype x environment interaction via GGE Biplot/REML-BLUP in maize under nutritional stress.** Adviser: Fabyano Fonseca e Silva. Co-advisers Roberto Fritsche Neto, José Marcelo Soriano Viana e Marcos Deon Vilela de Resende.

The selection of genotypes for use efficiency (UE) is essential because it allows achieving satisfactory yields with lower costs and sustainably. Thus, many nutritional stress breeding programs make a selection of genotypes for two or more stress simultaneously. However it is necessary to understand the effect of the type and intensity of nutritional stress for the composition of the genotype by environment interaction (GE). In this context, a commonly used tool is modeling via GGE biplot (genotype main effect (G) plus genotype by environment interaction (GE)) combined with mixed models. However, is necessary understand how the prediction and correction of breeding values for fixed effects change the analysis of GE interaction via GGE Biplot. Given the above, the objective was to study the effect of the type and intensity of nutritional stress and the statistical treatment given to the data used to understand the genotype-environment interaction in tropical maize. For this, 41 hybrids were evaluated in two experiments in high and low availability of N and P, using complete blocks design with two replications in a two-way scheme (hybrids x N or P levels). The experiments were conducted in a greenhouse (20°45'14"S; 42°52'53"W; 650 m), at the Federal University of Viçosa, during the month of October 2010. Plants were harvested at the V6 stage. The measured characters were dry shoot mass (MPS) and the length of lateral root (CR_{LAT}). The data was subjected to statistical analysis via REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Predictor) for obtaining the variance components and estimation of genetic parameter and after subjected to analysis via GGE Biplot. Thus, we conclude that evaluation and selection of tropical maize genotypes should be performed for each level of availability within each type of nutritional stress and the use of phenotypic means has better reliability compared to the genotypic values in the analysis of GE interaction via GGE Biplot.

ÍNDICE

1	INTRODUÇÃO	1
2	MATERIAL E MÉTODOS	4
2.1	Material genético e condução experimental	4
2.2	Análises genético-estatísticas.....	5
2.2.1	Modelos estatísticos.....	5
2.2.2	Análise de Deviance	7
2.2.3	Decomposição da interação genótipo-ambiente	8
2.2.4	Análise GGE Biplot.....	8
2.2.5	Interpretação da análise GGE Biplot	10
3	RESULTADOS E DISCUSSÕES	12
3.1	Análises de deviance e decomposição da interação.....	12
3.2	Análise GGE Biplot	13
3.2.1	Discriminação e representatividade de ambientes	13
3.2.2	Estabilidade e adaptabilidade	15
4	CONCLUSÕES.....	16
5	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	17

1 INTRODUÇÃO

O nitrogênio (N) é o nutriente mais requerido pela cultura do milho. Todavia, em diversas regiões brasileiras o milho é cultivado em condições sub-ótimas quanto à disponibilidade desse nutriente no solo. Essa limitação de N nos cultivos do milho relaciona-se ao fato de a eficiência da adubação nitrogenada no milho não ultrapassar os 50%, principalmente devido aos processos de perda por volatilização, desnitrificação ou lixiviação no solo (Gallais e Hirel, 2004). A deficiência de nitrogênio causa redução da área foliar, nas taxas fotossintéticas e, por conseguinte, na produção de biomassa e de grãos (Peng et al., 2013). O fósforo (P) é outro nutriente que também apresenta limitação em diversas regiões de cultivo, principalmente as de solos ácidos tropicais, além de possuir reservas não renováveis. Esse elemento é um componente integral de diversos compostos, como os fosfato-açúcares, os fosfolipídeos, enzimas relacionadas com metabolismo energético e do DNA e RNA (Taiz e Zeiger, 2013).

Diante desse cenário, nota-se que as eficiências no uso de nitrogênio (EUN) e fósforo (EUP) são fundamentais, pois permitem alcançar produtividades satisfatórias, com menores custos e de modo sustentável (Fritsche-Neto e Borém, 2012). Moll et al. (1982) definiram a eficiência no uso de nutrientes como a relação entre a massa de grãos ou de parte aérea seca por unidade de nutriente disponível. Neste sentido, vários autores já observaram que há variabilidade genética em milho para produção de grãos em condições de estresse de N e P (Kant et al., 2011; Parentoni e de Souza, 2008; Souza et al., 2008). Apesar disso, os cultivares atuais apresentam baixa eficiência no uso de nutrientes, pois o melhoramento é realizado em condições de boa disponibilidade nutricional. Entretanto, a seleção de cultivares adaptados para condições de estresse é mais eficiente se realizada em condições limitantes (Presterl et al., 2003).

Assim, muitos programas de melhoramento para estresse nutricional fazem seleção de genótipos para dois ou mais estresses simultaneamente. No entanto é esperado respostas diferenciais dos genótipos quando submetidos a condições limitantes específicas, ou seja, para estresses distintos (Maia et al., 2011). Isto se deve principalmente pela ocorrência da interação genótipo-ambiente ($G \times A$) do tipo complexa. Como observaram Presterl et al. (2003), a magnitude da interação $G \times A$ se torna mais importante quanto se aumenta a intensidade do estresse nutricional. Essa causa efeitos desde a desigualdade das variâncias nas respostas genotípicas de um ambiente para outro até a completa falta de correlação genotípica entre

ambientes. Com isto, há a necessidade de avaliação de genótipos em condições específicas de alta e baixa disponibilidade de N ou P, ou seja, visando capitalizar a interação G x A.

Neste sentido, várias metodologias vêm sendo propostas para investigar a interação G x A. A diferença entre elas está nos conceitos e procedimentos biométricos utilizados para estimar seus efeitos e componentes. Dentre essas, os modelos estatísticos multiplicativos para interação são muito úteis para estudar padrões de desempenho de genótipos por ambientes e fazer previsões a respeito de desempenho médio de genótipos à ambientes específicos. Yan e Kang (2002) descrevem o método baseado em análise gráfica denominada GGE biplot (efeitos principais dos genótipos (G) mais interação genótipo-ambiente (GA)) utilizado para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica. Este gráfico é construído plotando-se os dois componentes principais de uma Análise de Componentes Principais (ACP) utilizando modelos de Regressões Locais (SREG). Yan et al. (2007) compararam o GGE biplot com a metodologia gráfica do AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction analysis*) e observaram superioridade do GGE Biplot na construção do gráfico, para identificar os padrões de desempenho dos genótipos além de facilitar a visualização da média e estabilidade dos genótipos e a relação entre ambientes. Além disso, é possível identificar os ambientes que mais contribuem para a composição da interação G x A.

O efeito de genótipo pode ser considerado com fixo ou aleatório, dependendo do objetivo do programa. Quando a inferência a ser feita vale somente para os genótipos avaliados, o mesmo é tratado com fixo. Quando a inferência feita sobre os genótipos valem para outras populações o efeito de genótipo pode ser considerados como aleatório. Os métodos tradicionais de análise da interação são baseados em análises fenotípicas e consideram o efeito de genótipo como fixo no modelo. Entretanto esses efeitos podem ser tratados como aleatórios. Além disso, os valores genéticos podem ser obtidos através de modelos mistos e serem utilizados para estudos de estabilidade e adaptabilidade. Neste sentido, Balestre et al. (2009) compararam a utilização de valores genotípicos obtidos via REML/BLUP (Máxima verossimilhança Restrita /Melhor Preditor Linear Não Viesado) com médias fenotípicas. Esses autores relataram que há aumento da acurácia do GGE Biplot quando usados valores genotípicos para realizar as análises. No entanto, os mesmos não explicaram a causa da superioridade das médias genotípicas em relação às fenotípicas. Além disso, é necessário entender como a predição e correção dos valores genéticos para os efeitos fixos, via BLUP, interfere nas análises da interação G x A via GGE Biplot.

Diante do exposto, o objetivo foi estudar o efeito do tipo e da intensidade do estresse nutricional e do tratamento estatístico dado aos dados utilizados para compreensão da interação genótipo-ambiente em milho tropical.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material genético e condução experimental

Para a condução dos experimentos foram utilizadas duas fontes de germoplasma de milho: a primeira composta de sete linhagens contrastantes para eficiência no uso de nitrogênio (EUN) (Grupo I) e a segunda de sete linhagens contrastantes para a EUP (Grupo II). Pelo cruzamento entre as linhagens dos dois grupos, foram obtidas 39 combinações híbridas em esquema fatorial interpopulacional (desbalanceado), no ano agrícola de 2009/2010. Estes cruzamentos foram realizados de forma recíproca, sendo misturadas as sementes da mesma combinação, desconsiderando, portanto, a herança extra cromossômica.

As 39 combinações híbridas obtidas foram avaliadas em dois experimentos. O primeiro foi instalado com alta e baixa disponibilidade de N e o segundo com alta e baixa disponibilidade de P. Nestes, foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, em esquema fatorial simples (híbridos x níveis de N ou de P). Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, localizada no Campo Experimental Diogo Alves de Mello (20°45'14"S; 42°52'53"W; 650 m), pertencente ao Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

As unidades experimentais foram formadas por vasos cilíndricos de PVC com quatro dm³ (10 cm de diâmetro x 50 cm de altura) onde foram transplantada plântulas de milho pré-germinadas em bandejas. No experimento do N, o substrato foi composto pela mistura de areia lavada com água deionizada e vermiculita, na proporção de 1:1, segundo metodologia descrita por Walk et al. (2006). Para o experimento do P, o substrato era composto pela mistura de 50% de areia lavada com água deionizada, 37,5% de vermiculita e 12,5% de solo (horizonte “B” de Latossolo Vermelho-Amarelo Distrófico). A utilização do solo é necessária para adsorver o fósforo e não deixá-lo prontamente disponível para a planta.

O fornecimento da solução nutritiva foi realizado a cada dois dias a partir do sétimo dia após a emergência das plântulas. No experimento do N, para os dois níveis, baixo N (BN) e alto N (AN), a solução utilizada foi a descrita por Chun et al. (2005). Na solução para BN continha 0,2 mmol L⁻¹ de Ca(NO₃)₂, ou seja, dez vez menos do que no AN, sendo o Cálcio compensado pelo acréscimo de CaCl₂. No segundo experimento, o fósforo foi adicionado na forma de superfosfato triplo, em que, para o nível de baixa disponibilidade de fósforo (BP)

misturou-se 34 mg dm⁻³ de P ao substrato e no nível de alto P (AP) 192 mg dm⁻³. Os demais nutrientes foram fornecidos via solução nutritiva, sem adição de fósforo.

As plantas foram colhidas no estágio vegetativo de seis folhas completamente expandidas (V6), aproximadamente 25 dias após a semeadura. A parte aérea da planta foi separada do sistema radicular, acondicionada em sacos de papel e foi colocada para secar em estufa de circulação de ar forçado a 60° C por 72 horas. A partir destas amostras foi obtida a massa de parte aérea seca (MPS) de cada planta. Os comprimentos de raiz foram estimados por meio do analisador de imagens WinRhizo PRO 2009c, acoplado ao scanner profissional Epson Expression XL 10000 equipado com unidade de luz adicional (TPU), conforme descrito por Bouma et al. (2000), entretanto, utilizando a raiz inteira e não apenas amostras. Raízes com diâmetro inferior ou igual a 0,5 mm foram consideradas raízes laterais (CR_{LAT}), e aquelas com diâmetros acima de 0,5 mm como raízes axiais (Trachsel et al., 2009).

2.2 Análises genético-estatísticas

2.2.1 Modelos estatísticos

Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos para cada nível de disponibilidade de N ou de P, os dados obtidos de MPS e CR_{LAT} foram submetidos a análises por meio do método da Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não Viesado (REML/BLUP), conforme descrito por Resende (2002), considerando o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{e}$$

em que $\mathbf{y}$ é o vetor dos valores fenotípicos dos híbridos, $\mathbf{r}$ é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, $\mathbf{g}$ é o vetor dos efeitos genotípicos dos híbridos (assumidos como aleatórios) em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$, $\mathbf{e}$ é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de $\mathbf{r}$ e $\mathbf{g}$ ao vetor $\mathbf{y}$.

As equações de modelos mistos para a predição de $\mathbf{r}$ e $\mathbf{g}$ equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{k}_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{r} \\ \mathbf{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que: $k_1 = \frac{1-h_g^2}{h_g^2}$

h_g^2 é a herdabilidade no sentido amplo das combinações híbridas

Em seguida, foram realizadas as análises de deviance conjuntas, ou seja, considerando os dois níveis de N ou de P, considerando o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Wi} + \mathbf{e}$$

em que, $\mathbf{y}$ é o vetor dos valores fenotípicos dos híbridos; $\mathbf{r}$ é o vetor dos efeitos de repetição dentro dos níveis de N ou de P (assumidos como fixos), somados à média geral; $\mathbf{g}$ é o vetor dos efeitos genotípicos dos híbridos (assumidos como aleatórios), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; $\mathbf{i}$ é o vetor da interação híbrido x nível de N ou de P (assumidos como aleatórios), em que, $i \sim N(0, I_{ga})$, sendo $I_{ga} = I\sigma_{ga}^2$; $\mathbf{e}$ é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ e $\mathbf{W}$ são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de $\mathbf{r}$, $\mathbf{g}$ e $\mathbf{i}$ ao vetor $\mathbf{y}$.

As equações de modelo misto para a predição de $\mathbf{r}$, $\mathbf{g}$ e $\mathbf{i}$ equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + k_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{W} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + k_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{r} \\ \mathbf{g} \\ \mathbf{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que, $k_1 = \frac{1-h_g^2-c_i^2}{h_g^2}$ e $k_2 = \frac{1-h_g^2-c_i^2}{c_i^2}$

h_g^2 é a herdabilidade no sentido amplo das combinações híbridas; c_i^2 é o coeficiente de determinação da interação híbrido x nível de N ou de P.

Além dessas análises, foi realizada uma conjunta, considerando simultaneamente os dois tipos de nutriente e os dois níveis de disponibilidade dentro de cada nutriente, considerando o seguinte modelo:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Ta} + \mathbf{Wn} + \mathbf{Zg} + \mathbf{Vi} + \mathbf{e}$$

em que, $\mathbf{y}$ é o vetor dos valores fenotípicos dos híbridos; $\mathbf{r}$ é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos), somados à média geral; $\mathbf{a}$ é o vetor dos efeitos do tipo de nutriente (assumidos como fixos); $\mathbf{n}$ é o vetor do nível de disponibilidade dentro do nutriente (assumidos como fixos); $\mathbf{g}$ é o vetor dos efeitos genotípicos dos híbridos (assumidos como aleatórios), em que, $g \sim N(0, G)$, sendo $G = I\sigma_g^2$; $\mathbf{i}$ é o vetor dos efeitos da interação do híbrido com o nível de disponibilidade dentro de nutrientes (assumidos como aleatórios) em que, $i \sim N(0, I_{gn})$, sendo $I_{gn} = I\sigma_{gn}^2$; $\mathbf{e}$ é o vetor de erros, sendo que $e \sim N(0, R)$ e $R = I\sigma_e^2$. $\mathbf{X}$, $\mathbf{T}$, $\mathbf{W}$, $\mathbf{Z}$, e $\mathbf{V}$ são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos de $\mathbf{r}$, $\mathbf{a}$, $\mathbf{n}$, $\mathbf{g}$, e $\mathbf{i}$ ao vetor $\mathbf{y}$.

As equações de modelo misto para a predição de $\mathbf{r}$, $\mathbf{a}$, $\mathbf{n}$, $\mathbf{g}$, e $\mathbf{i}$ equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{T} & \mathbf{X}'\mathbf{W} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{V} \\ \mathbf{T}'\mathbf{X} & \mathbf{T}'\mathbf{T} & \mathbf{T}'\mathbf{W} & \mathbf{T}'\mathbf{Z} & \mathbf{T}'\mathbf{V} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{T} & \mathbf{W}'\mathbf{W} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{V} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{T} & \mathbf{Z}'\mathbf{W} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + k_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{V} \\ \mathbf{V}'\mathbf{X} & \mathbf{V}'\mathbf{T} & \mathbf{V}'\mathbf{W} & \mathbf{V}'\mathbf{Z} & \mathbf{V}'\mathbf{V} + k_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{r} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{n} \\ \mathbf{g} \\ \mathbf{i} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{T}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{V}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

$$\text{em que } k_1 = \frac{1 - h_g^2 - c_i^2}{h_g^2} \text{ e } k_2 = \frac{1 - h_g^2 - c_i^2}{c_i^2}$$

h_g^2 é a herdabilidade no sentido amplo das combinações híbridas; c_i^2 é o coeficiente de determinação da interação híbrido x nível de disponibilidade dentro de nutrientes.

Para a resolução das equações de modelos mistos e a obtenção dos valores genéticos, os componentes de variância genéticos e não genéticos foram assumidos desconhecidos, sendo estimados pelo método REML, utilizando os pacotes estatísticos computacionais SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2007) e SAS 9.3 (SAS Institute Inc., 2013).

2.2.2 Análise de Deviance

Na análise de modelos mistos, os efeitos do modelo não são testados via testes F , assim como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o teste recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que, um quadro similar ao quadro da análise de variância pode ser elaborado. Este quadro pode ser denominado de Análise de Deviance (ANADEV) e é estabelecido segundo os seguintes passos: i) obtenção do ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos

com e sem o efeito a ser testado; ii) obtenção da deviance $D = -2 \log L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) fazer a diferença entre as deviances para modelos sem e com o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR); iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição (Sturion e Resende, 2010).

2.2.3 Decomposição da interação genótipo-ambiente

A decomposição da interação genótipo-ambiente em seus componentes simples e complexo foi realizada por meio do método descrito por Vencovsky e Barriga (1992):

$$\sigma_{ga}^2 = A + B$$

$$\sigma_{ga}^2 = (1/4).(\hat{\sigma}_{g1} - \hat{\sigma}_{g2})^2 + (1/2).(1 - r_{g12}).\hat{\sigma}_{g1}.\hat{\sigma}_{g2}$$

em que σ_{ga}^2 é o componente de variância da interação genótipo-ambiente; $\hat{\sigma}_{g1}$ e $\hat{\sigma}_{g2}$ são o desvio-padrão genético para os ambientes um e dois, respectivamente; r_{g12} é a correlação entre as médias ajustadas dos híbridos nos ambiente um e dois.

Na equação acima, as partes A e B, referem-se aos componentes simples e complexo, respectivamente, da interação genótipo-ambiente. Na decomposição da interação genótipo-ambiente, o componente simples é devido apenas às diferenças na variabilidade genética entre os híbridos dentro de locais. Já o componente complexo é devido à baixa correlação entre o desempenho dos híbridos através dos ambientes. Esta parte tende a complicar a seleção de materiais superiores para todos os ambientes.

2.2.4 Análise GGE Biplot

Para realizar as análises GGE Biplot foram utilizados dois tipos de dados na análise, sendo o primeiro baseado em informação de médias fenotípicas, considerando o seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu = G_i + A_j + GA_{ij}$$

em que, $\bar{Y}_{ij}$ representa a média fenotípica do híbrido i no ambiente j (alto ou baixo N; alto ou baixo P); μ é a média geral; A_j é efeito do ambiente j; G_i é o efeito do híbrido i e GA_{ij} é efeito da interação entre o híbrido i com o ambiente j.

O segundo tipo de dado usado foram os valores genotípicos dos híbridos corrigidos para os efeitos fixos, obtidos pelas análises individuais do BLUP, considerando o seguinte modelo:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu - A_j = G_i + GA_{ij}$$

em que, $\bar{Y}_{ij}$ representa o valor genotípico do híbrido i no ambiente j (alto ou baixo N; alto ou baixo P); μ é a média geral; A_j é efeito do ambiente j; G_i é o efeito do híbrido i e GA_{ij} é efeito da interação entre o híbrido i com o ambiente j.

O modelo GGE biplot não separa o efeito de genótipo (G) do efeito da interação genótipo-ambiente (GA), mantendo-os juntos em dois termos multiplicativos, que podem ser visualizado na seguinte equação:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = g_{i1}e_{1j} + g_{i2}e_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

em que, Y_{ij} é o desempenho esperado do híbrido i no ambiente j; μ é a média geral das observações; β_j é o efeito principal do ambiente j; g_{i1} e e_{1j} são os escores principais para o i-ésimo híbrido no j-ésimo ambiente, respectivamente; g_{i2} e e_{2j} são os escores secundários para o i-ésimo híbrido no j-ésimo ambiente, respectivamente; ε_{ij} é o resíduo não explicado por ambos os efeitos. Assim, a construção do gráfico biplot no modelo GGE se dá através da dispersão simples de g_{i1} e g_{i2} para genótipos e e_{1j} e e_{2j} para ambientes, por meio da Decomposição em Valores Singulares (DVS), conforme a equação abaixo:

$$Y_{ij} - \mu - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{1j} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{2j} + \varepsilon_{ij}$$

em que λ_1 e λ_2 são os maiores autovalores do primeiro e segundo componentes principais ACP₁ e ACP₂, respectivamente; ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovetores do i-ésimo híbrido para ACP₁ e ACP₂, respectivamente; η_{1j} e η_{2j} são os autovetores do j-ésimo ambiente para ACP₁ e ACP₂, respectivamente.

Todas as análises GGE Biplot foram feitas utilizando o software GGE Biplot Analysis (Yan, 2001).

2.2.5 Interpretação da análise GGE Biplot

As interpretações a seguir são baseadas em gráficos gerados com dados de produção de trigo de inverno de Ontario 1993 em que foram testados 18 genótipos em nove locais publicados por Yan et al. (2002).

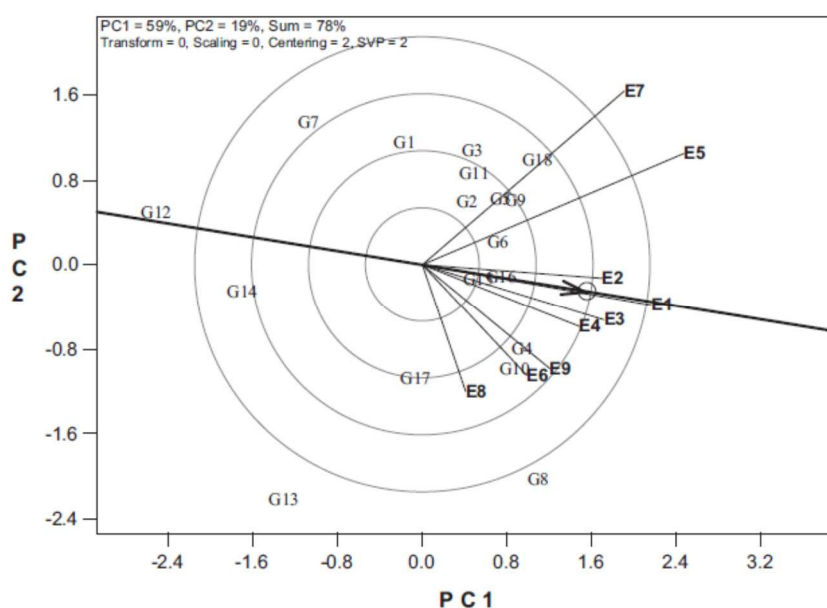


Figura 1. Discriminação e representatividade dos ambientes

O gráfico de discriminação e representatividade é constituído dos eixos dos dois primeiros componentes principais, e apresenta as informações de percentual de variação explicada por cada componente principal, sendo 59% e 19% para o PC1 e o PC2, respectivamente, e a soma dos dois componentes, 79% (Figura 1). Cada linha que conecta um ambiente à origem do biplot é chamada de vetor de ambiente. O coseno do ângulo entre os vetores de dois ambientes equivale à correlação entre eles (Yan e Tinker, 2006). No exemplo, E5 e E7 são positivamente correlacionados (ângulo agudo), E7 e E8 são levemente correlacionados negativamente (um ângulo obtuso) e E5 e E8 são não correlacionados (um ângulo reto). A presença de ângulos obtusos é um indicativo de forte interação GxA cruzada.

Os círculos concêntricos no biplot ajudam a visualizar o comprimento dos vetores de ambiente, que é proporcional ao desvio-padrão dentro dos respectivos ambientes e é uma medida da capacidade de discriminar dos ambientes. Portanto, entre os nove ambientes, E7 e

E5 foram mais discriminantes (mais informativos) e o E8 o menos discriminante. Ambientes não discriminantes oferecem pouca informação e, portanto, não devem ser usados como ambiente teste.

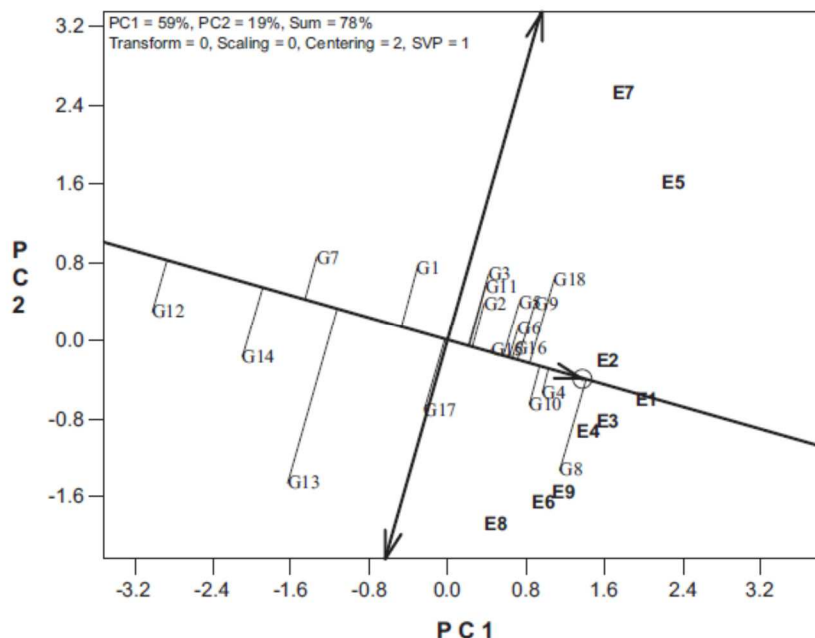


Figura 2. Estabilidade e adaptabilidade dos genótipos nos ambientes avaliados

Os genótipos também podem ser avaliados em termos de desempenho médio e estabilidade em ambientes (Figura 2). O eixo das abscissas é o eixo de ambiente médio (AEA) e tem as coordenadas médias de todos os ambientes de teste e AEA é a linha que passa através da média dos ambientes e a origem do biplot. Este eixo relaciona-se com a média de rendimento entre ambientes. Assim, o G8 teve a maior produtividade média, seguido pelo G4, G10, etc; G17 teve uma produtividade média semelhante à média geral, e G12 teve o menor rendimento médio. O eixo das ordenadas aponta a variabilidade dos genótipos nos ambientes (estabilidade mais pobre) em qualquer direção. Assim, G13 era altamente instável enquanto G4 era altamente estável. Note-se que, se o biplot explica apenas uma pequena porção da variação total, alguns genótipos aparentemente estáveis podem não ser verdadeiramente estáveis como as suas variações não pode ser completamente explicada neste biplot.

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

3.1 Análises de deviance e decomposição da interação

Nas análises de deviance individuais para cada nível de P (Tabela 1) (experimento de P) ou de N (Tabela 2) (experimento de N), foi observado efeito significativo de híbridos, para as duas características avaliadas, massa de parte aérea seca (MPS) e comprimento de raiz lateral (CR_{LAT}). A significância do efeito de híbridos permite inferir, que há variabilidade genética para as duas características, possibilitando obter ganhos genéticos com a seleção para cada um dos níveis de N e P, assim como observado por Fritsche-Neto et al. (2010) e Chun et al. (2005). Os coeficientes de variação experimental estão dentro do limite aceitável para estudos de estresse abiótico (Fritsche-Neto et al., 2010; Souza et al., 2008). Houve aumento das médias em baixa disponibilidade de P para o caráter CR_{LAT} na magnitude de 14%. Por outro lado, houve redução da média na ordem de 54% para MPS em baixo P e de 11% e 51% para CR_{LAT} e MPS em baixo N, respectivamente. As herdabilidades foram de magnitude média a baixa para CR_{LAT} e MPS no experimento de N e de média a alta no experimento de P, exceto para MPS em BN. Foi observado redução da herdabilidade na ordem de 9% e 51% para CR_{LAT} e MPS, respectivamente, em baixa disponibilidade de P e de 30% para MPS em baixo N. Não houve redução do coeficiente de herdabilidade para CR_{LAT} no experimento de N. Neste contexto, Coque e Gallais (2006) relataram que, de modo geral, há redução da variabilidade genética e da herdabilidade em condições de estresse, e que isto pode dificultar a seleção de genótipos para essas condições. Contudo, apesar dessa redução, ainda há variabilidade genética significativa, devido ao fato de não ter ocorrido seleção anteriores em condições de estresse e esse não ter sido severo suficiente para "consumir" a variabilidade genética.

Considerando as análises conjuntas por nutriente (Tabela 3) e a global considerando os dois tipos de nutrientes e dois níveis dentro de cada nutriente (Tabela 4), foi observada significância para os efeitos de híbrido, de nutriente, do nível de disponibilidade dentro de cada nutriente e da interação híbrido-nível dentro de nutriente, permitindo inferir que há diferença no desempenho dos híbridos em função tanto do tipo de estresse nutricional como em função da intensidade do estresse.

Pela decomposição dos componentes da interação híbrido x nível de nutriente (Tabela 3), foi observado que a porção complexa foi a mais importante, com magnitudes de 97% e 50% para CR_{LAT} e MPS, respectivamente, no experimento de N e 86% e 35% para CR_{LAT} e MPS, respectivamente, no experimento de P.

O comportamento observado pode estar relacionado à expressão diferencial dos genes em cada ambiente, sendo indicada a seleção para ambiente específico, ou seja, para cada nível de disponibilidade nutricional (Souza et al., 2008). Os resultados indicam que a presença da interação genótipo-ambiente pode influenciar nas classificações dos genótipos para cada estresse nutricional, dificultando assim a seleção de genótipos superiores quanto às eficiências no uso de N e P simultaneamente. Assim, há a necessidade de avaliação de híbridos para condições específicas para cada estresse nutricional, N ou P, para capitalizar positivamente a interação G x A (Presterl et al., 2003).

3.2 Análise GGE Biplot

3.2.1 Discriminação e representatividade de ambientes

Na análise gráfica biplot para a discriminação e representatividade dos ambientes (Figuras 3a, b, c, d; 4a, b, d, e), o primeiro componente principal, tanto em alta (AN) e baixa (BN) disponibilidade de N como para alta (AP) e baixa (BP) disponibilidade de P, para as duas características, explicou acima de 80% da variação total, exceto para MPS com médias fenotípicas em P (77,5%). Como há somente dois ambientes, toda a variação (100%) foi explicada pelos dois componentes principais.

Considerando a análise gráfica conjunta global (Figura 3e,f; Figura 4c,f), ou seja, com os dois tipos de nutriente e dois níveis de disponibilidade dentro de cada nutriente (AN, BN, AP e BP), em que há mais de dois componentes principais, os dois primeiros explicaram, 82,6% e 92,5% da variação total com valores genotípicos e fenotípicos, respectivamente para CR_{LAT} e 82,2% e 93,3%, com valores genotípicos e fenotípicos, respectivamente para MPS. De modo geral, o método GGE Biplot explicou grande proporção da soma de quadrados da interação G x A o que indica que há alta confiabilidade nos resultados.

Na análise visual do GGE Biplot, os ângulos formados entre os vetores de cada ambiente estão relacionados com a correlação entre os ambientes (Yan e Tinker, 2006). Para a

MPS, a relação entre ambientes foi diferente ao utilizar valores genotípicos ou médias fenotípicas para análise. Nessa, a relação entre ambientes foi maior com valores genotípicos no experimento de N (Figura 4a e 4d) e de P (Figura 4b e 4e). Por outro lado, para CR_{LAT} a relação entre ambientes não foi diferente, quando considerado valores genotípicos ou fenotípicos, nos experimentos de nitrogênio (Figura 3a e 3b) e fósforo (Figura 3c e 3d). A correlação, estimada por $r_g = \frac{\hat{\sigma}_g^2 - \hat{\sigma}_{ga}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g1}^2 \cdot \hat{\sigma}_{g2}^2}}$ pode ser maior para os valores genotípicos devido à

penalização que o componente de variância da interação G x A sofre durante a correção para efeitos fixos.

Na análise conjunta global, ao utilizar médias genotípicas, houve a formação de dois grupos, tanto para MPS (Figura 4c) quanto para CR_{LAT} (Figura 3e). Nestes, um grupo foi formado pelos níveis de AN e BN e o outro por AP e BP. Por outro lado, quando foram usadas as médias fenotípicas para análise da interação G x A, para CR_{LAT}, (Figura 3f) foi observado que cada ambiente formou um grupo específico. Para MPS foram formados três grupos (Figura 4f), em que os níveis de alta disponibilidade, para os dois nutrientes, ficaram juntos, formando o mega-ambiente AN e AP. Os outros dois ambientes, BN e BP, formaram grupos distintos. Esse resultado era esperado, considerando que em ambos os experimentos, a alta disponibilidade dos nutrientes é a mesma. Isto indica maior confiabilidade no método usando médias fenotípicas. Diferente do observado por Balestre et al. (2009), a utilização de médias fenotípicas foi a melhor opção de tratamento estatístico, em relação aos valores genotípicos, para dados a serem utilizados nas análises GGE biplot. Isto porque ao utilizar valores genotípicos, possivelmente há uma dupla penalização (efeito *shrinkage*), sendo a primeira por meio das equações de modelos mistos, durante a correção desses para o efeito fixo de ambiente e a segunda na decomposição dos valores singulares, em que os valores genotípicos ($G + GA$) são decompostos em $G + A + GA$ via GGE Biplot.

Na análise de discriminação de genótipos, o comprimento do vetor é proporcional ao desvio-padrão para cada ambiente. Na análise conjunta global, para MPS, com médias fenotípicas (Figura 4f) e genotípicas (Figura 4c), o baixo N apresentou maior capacidade de discriminação de genótipos. Para o CR_{LAT}, tanto para médias fenotípicas (Figura 3e) quanto para genotípicas (Figura 3f) a baixa disponibilidade de N e P apresentou maior capacidade de discriminação de genótipos. Assim, os ambientes de baixa disponibilidade nutricional apresentaram maior capacidade de discriminação de genótipos, de modo semelhante ao

descrito por Worku et al. (2007). Com isto, é recomendado que a avaliação e seleção de genótipos superiores seja feita em condições de estresse.

3.2.2 Estabilidade e adaptabilidade

Quando é observado efeito significativo para interação $G \times A$ pode ser realizado também a análise de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos. Nessa, pelo método do GGE Biplot, o primeiro componente principal (PC1) indica a adaptabilidade dos genótipos e o segundo componente principal (PC2) indica a estabilidade, ou seja, os genótipos mais próximos de zero seriam os mais estáveis (Yan et al., 2000). Tanto para o caráter CR_{LAT} (Figura 5), como para MPS (Figura 6), os híbridos mais promissores foram diferentes de um estresse nutricional para outro. Essas diferenças podem ser devido a resposta diferencial dos genótipos aos estresses aplicados, em que os genótipos apresentam alelos favoráveis, ao menos parcialmente, diferentes para cada estresse (Souza et al., 2008), reiterando os resultados anteriores sobre a seleção para condições específicas.

A utilização de médias fenotípicas nas análises de adaptabilidade e estabilidade não permitiu, para o caráter MPS, discriminar com precisão genótipos quanto à estabilidade. A presença do efeito do ambiente, além dos efeitos de genótipo e da interação genótipo-ambiente, pode ser um fator perturbador, onde o valor de cada ambiente pode contribuir para o aumento da variância dos genótipos entre os ambientes, dificultando a análise de indivíduos quanto a estabilidade. Por outro lado ao utilizar valores genotípicos, assim como relatado anteriormente, pode ocorrer uma dupla penalização ao fazer a correção dos dados para o efeito fixo de ambiente. Portanto, apesar da dificuldade de discriminar os genótipos é recomendado utilização de dados fenotípicos nas análises GGE biplot, para que os resultados sejam mais próximos do real.

4 CONCLUSÕES

- A avaliação e seleção de genótipos de milho tropical deve ser feita para cada nível de disponibilidade dentro de cada tipo de estresse nutricional;
- A utilização de médias fenotípicas apresenta maior confiabilidade em relação aos valores genotípicos nas análises de interação G x A via GGE Biplot.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Balestre, M.; Von Pinho, R. G.; Souza, J. C.; Oliveira, R. L. (2009) Genotypic stability and adaptability in tropical maize based on ammi and gge biplot analysis. *Genetics and Molecular Research* 8: 1311-1322.
- Bouma, T.; Nielsen, K.; Koutstaal, B. (2000) Sample preparation and scanning protocol for computerised analysis of root length and diameter. *Plant and Soil* 218: 185-196.
- Chun, L.; Mi, G.; Li, J.; Chen, F.; Zhang, F. (2005) Genetic analysis of maize root characteristics in response to low nitrogen stress. *Plant and Soil* 276: 369-382.
- Coque, M.; Gallais, A. (2006) Genomic regions involved in response to grain yield selection at high and low nitrogen fertilization in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 112: 1205-1220.
- Fritsche-Neto, R.; Borém, A. (2012) *Plant breeding for abiotic stress tolerance*. Springer, Heidelberg. 183p.
- Fritsche-Neto, R.; Miranda, G. V.; DeLima, R. O.; Souza, L. V. d.; Silva, J. d. (2010) Herança de caracteres associados à eficiência de utilização do fósforo em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 45: 465-471.
- Gallais, A.; Hirel, B. (2004) An approach to the genetics of nitrogen use efficiency in maize. *Journal of Experimental Botany* 55: 295-306.
- Kant, S.; Bi, Y. M.; Rothstein, S. J. (2011) Understanding plant response to nitrogen limitation for the improvement of crop nitrogen use efficiency. *Journal of Experimental Botany* 62: 1499-1509.
- Moll, R. H.; Kamprath, E. J.; Jackson, W. A. (1982) Analysis and interpretation of factors which contribute to efficiency of nitrogen utilization1. *Agronomy Journal* 74: 562-564.
- Parentoni, S. N.; de Souza, C. L. (2008) Phosphorus acquisition and internal utilization efficiency in tropical maize genotypes. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 43: 893-901.
- Peng, Y.; Yu, P.; Li, X.; Li, C. (2013) Determination of the critical soil mineral nitrogen concentration for maximizing maize grain yield. *Plant and Soil* 372: 41-51.
- Presterl, T.; Seitz, G.; Landbeck, M.; Thiemt, E. M.; Schmidt, W.; Geiger, H. H. (2003) Improving nitrogen-use efficiency in european maize: Estimation of quantitative genetic parameters. *Crop Science* 43: 1259-1265.
- Resende, M. D. V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Informação Tecnológica, Colombo: Embrapa Florestas 975p.
- Resende, M. D. V. (2007) *Selegen-reml/blup: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Embrapa Florestas, Colombo. 361p.
- SAS Institute Inc. (2013) *Sas/stat 13.1 user's guide*. NC: SAS Institute Inc, Cary.

Souza, L. V. d.; Miranda, G. V.; Galvão, J. C. C.; Eckert, F. R.; Mantovani, É. E.; Lima, R. O.; Guimarães, L. J. M. (2008) Genetic control of grain yield and nitrogen use efficiency in tropical maize. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 43: 1517-1523.

Sturion, J. A.; Resende, M. D. V. d. (2010) Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *ilex paraguariensis*. *Pesquisa Florestal Brasileira* 30: 157-160.

Taiz, L. T.; Zeiger, E. (2013) *Fisiologia vegetal*. 5ª ed. Artmed 820p.

Trachsel, S.; Messmer, R.; Stamp, P.; Hund, A. (2009) Mapping of qtls for lateral and axile root growth of tropical maize. *Theoretical and Applied Genetics* 119: 1413-1424.

Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto. 496p.

Walk, T. C.; Jaramillo, R.; Lynch, J. P. (2006) Architectural tradeoffs between adventitious and basal roots for phosphorus acquisition. *Plant and Soil* 279: 347-366.

Worku, M.; Bänziger, M.; Erley, G. S. a. m.; Friesen, D.; Diallo, A. O.; Horst, W. J. (2007) Nitrogen uptake and utilization in contrasting nitrogen efficient tropical maize hybrids. *Crop Science* 47: 519-528.

Yan, W. (2001) Ggebiplot—a windows application for graphical analysis of multienvironment trial data and other types of two-way data. *Agron. J.* 93: 1111-1118.

Yan, W.; Hunt, L. A.; Sheng, Q.; Szlavniks, Z. (2000) Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the gge biplot. *Crop Science* 40: 597-605.

Yan, W.; Kang, M. S. (2002) *Gge biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. Taylor & Francis.

Yan, W.; Kang, M. S.; Ma, B.; Woods, S.; Cornelius, P. L. (2007) Gge biplot vs. Ammi analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science* 47: 643-653.

Yan, W.; Tinker, N. A. (2006) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science* 86: 623-645.

Tabela 1. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de híbridos pela análise de deviance individual, estimativas da herdabilidade no sentido amplo (h^2), médias e coeficientes de variação experimental (CV%) para comprimento de raízes laterais (CR_{LAT}) e massa de parte aérea seca (MPS), em alta e baixa disponibilidade de P, em 39 combinações híbridas de milho, Viçosa-MG, Brasil

Efeitos	Alto P		Baixo P	
	CR _{LAT}	MPS	CR _{LAT}	MPS
Híbridos	10,71 ^{***}	19,1 ^{***}	10,25 ^{***}	4,06 ^{**}
h^2	0,55	0,66	0,50	0,32
Média	29,46	2,42	33,60	1,10
CV(%)	17,56	19,77	14,75	28,51

Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ^{***}P = 0,01, ^{**}P = 0,05, ^{*}P = 0,10 e ^{NS} não-significativo pelo teste χ^2 .

Tabela 2. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de híbridos da análise de deviance individual, estimativas da herdabilidade (h^2), médias e coeficientes de variação experimental (CV%) do comprimento de raízes laterais (CR_{LAT}) e massa de parte aérea seca (MPS), em alta e baixa disponibilidade de N, em 39 combinações híbridas de milho, Viçosa-MG, Brasil

Efeitos	Alto N		Baixo N	
	CR _{LAT}	MPS	CR _{LAT}	MPS
Híbridos	3,45*	7,69***	3,49*	3,65*
h^2	0,30	0,43	0,30	0,30
Média	22,20	0,93	19,74	0,45
CV(%)	26,02	21,96	24,64	19,59

Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***P = 0,01, **P = 0,05, *P = 0,10 e ^{NS} não-significativo pelo teste χ^2 .

Tabela 3. Valores do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de híbridos e da interação híbrido x nível de nutriente (N ou P), estimativa percentual da porção complexa (B) da interação, médias e coeficientes de variação experimental (CV%) do comprimento de raízes laterais (CR_{LAT}) e massa de parte aérea seca (MPS), em duas condições de disponibilidade de N e P em 39 combinações híbridas de milho, Viçosa-MG, Brasil

Efeitos	N		P	
	CR _{LAT}	MPS	CR _{LAT}	MPS
Híbridos	17,85***	8,56***	18,89***	7,61***
Híbridos x Nível Nutriente	6,93***	14,08***	20,9***	29,77***
B(%)	97,43	50,66	86,76	35,23
Média	20,96	0,69	31,50	1,76
CV(%)	23,93	22,78	16,05	23,08

Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***P = 0,01, **P = 0,05, *P = 0,10 e NS não-significativo pelo teste χ^2 .

Tabela 4. Valores do teste F e do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de nutriente, nível de disponibilidade dentro de nutriente, híbrido e da interação híbrido x nível de disponibilidade dentro de nutriente, estimativas das médias e coeficientes de variação experimental (CV%) para comprimento de raízes laterais (CR_{LAT}) e massa de parte aérea seca (MPS), em duas condições de disponibilidade (alta e baixa) dos nutrientes N e P em 39 combinações híbridas de milho, Viçosa-MG, Brasil

Efeitos	CR _{LAT}	MPS
Fixos †		
Nutrientes	284,52***	890,01***
Níveis/Nutriente	13,88***	389,63***
Aleatórios ††		
Híbridos	4864,70***	4864,60***
Híbridos x Níveis/Nutriente	4140,90***	4675,30***
Média	26,23	1,23
CV(%)	21,01	25,54

† Valores obtidos pelo teste F. Significativo a ***P = 0,01, **P = 0,05, *P = 0,10 e ^{NS} não-significativo

†† Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* - LRT). Significativo a ***P = 0,01, **P = 0,05, *P = 0,10 e ^{NS} não-significativo pelo teste χ^2 .

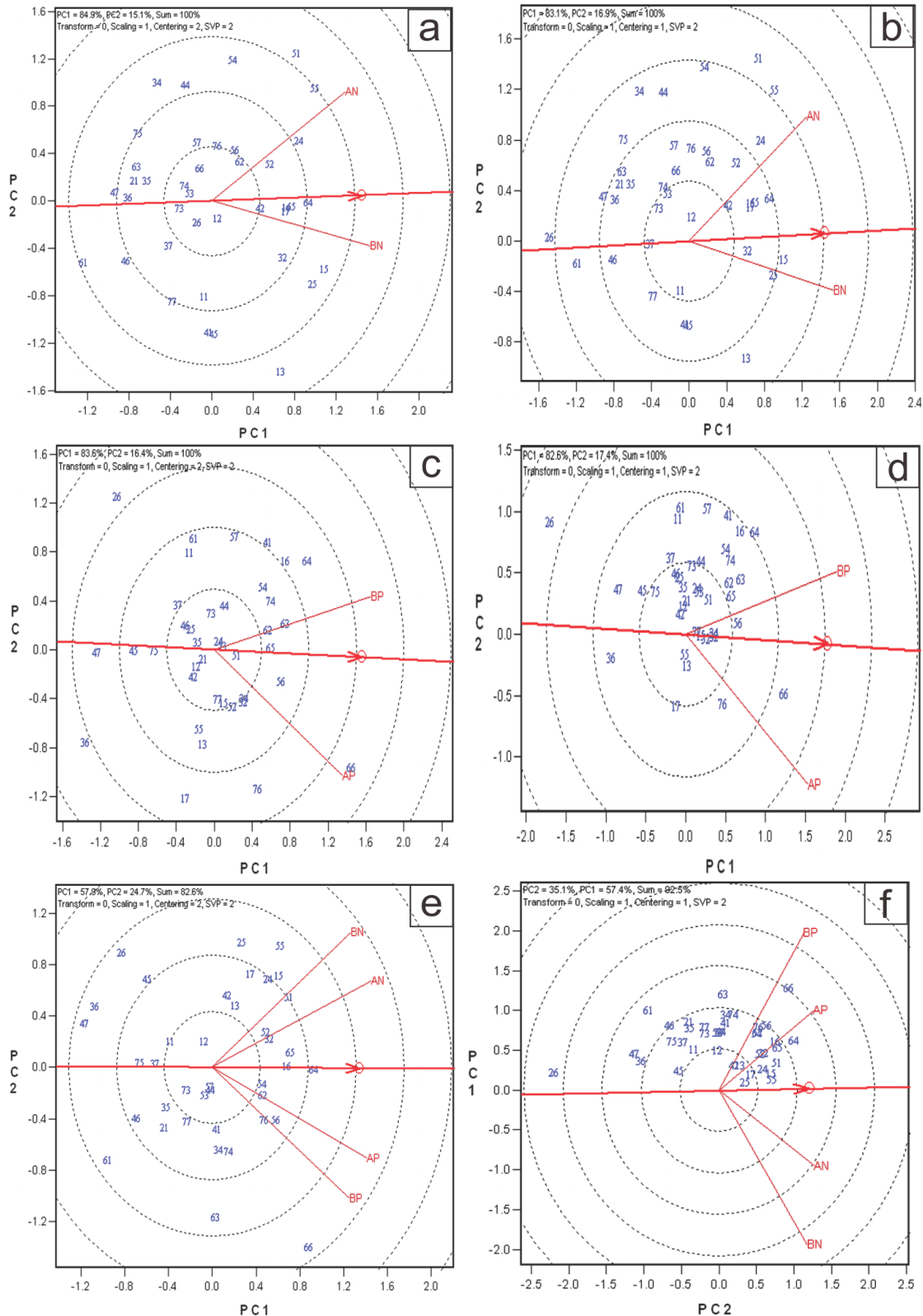


Figura 3. Discriminação e representatividade dos ambientes de alta e baixa disponibilidade nitrogênio (AN e BN, respectivamente), alta e baixa disponibilidade fósforo (AP e BP, respectivamente) e desses quatro ambientes simultaneamente para comprimento de raízes laterais (CR_{LAT}) em milho tropical por meio de valores genotípicos (a,c,e) e médias fenotípicas em nível de ambiente (b,d,f).

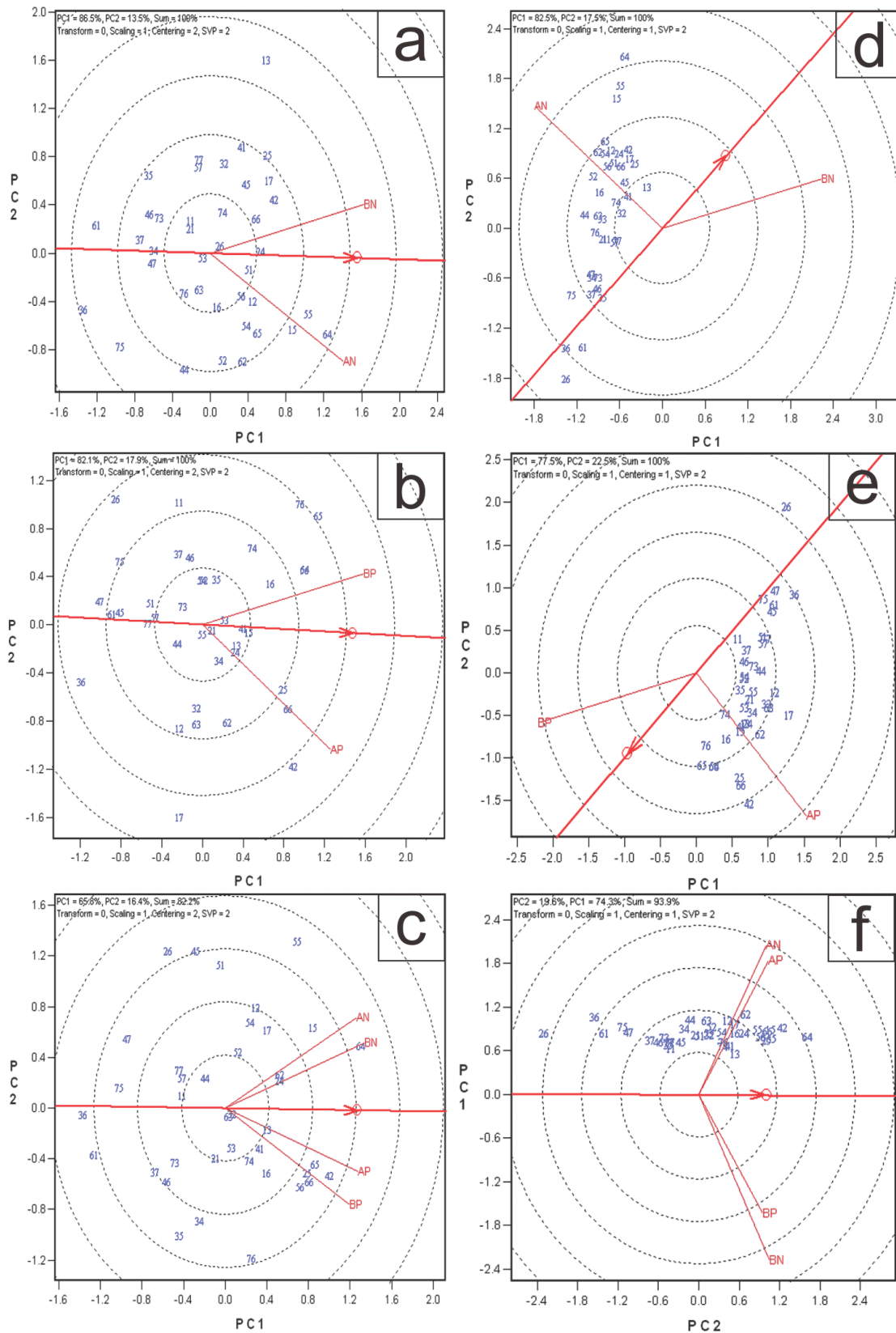


Figura 4. Discriminação e representatividade dos ambientes de alta e baixa disponibilidade nitrogênio (AN e BN, respectivamente) e alta e baixa disponibilidade fósforo (AP e BP, respectivamente) e desses quatro ambientes simultaneamente para a massa de parte aérea seca

(MPS) por meio de valores genotípicos (a,b,c) e médias fenotípicas em nível de ambiente (d,e,f).

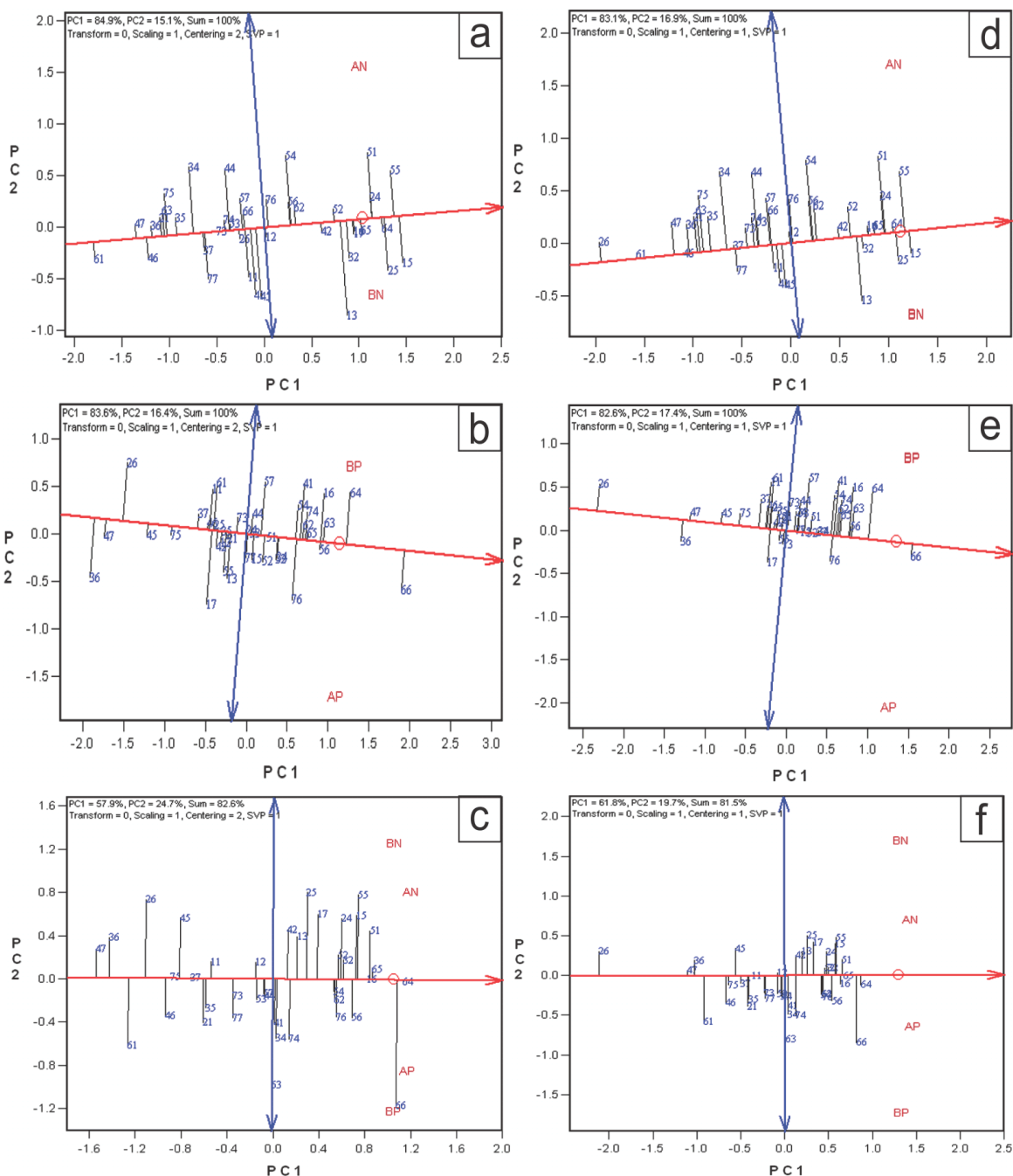


Figura 5. Adaptabilidade estabilidade de 39 híbridos de milho tropical nos ambientes de alta e baixa disponibilidade nitrogênio (AN e BN, respectivamente), alta e baixa disponibilidade fósforo (AP e BP, respectivamente) e desses quatro ambientes simultaneamente quanto ao comprimento de raízes laterais (CR_{LAT}) por meio de valores genotípicos (a,b,c) e médias fenotípicas em nível de ambiente (d,e,f).

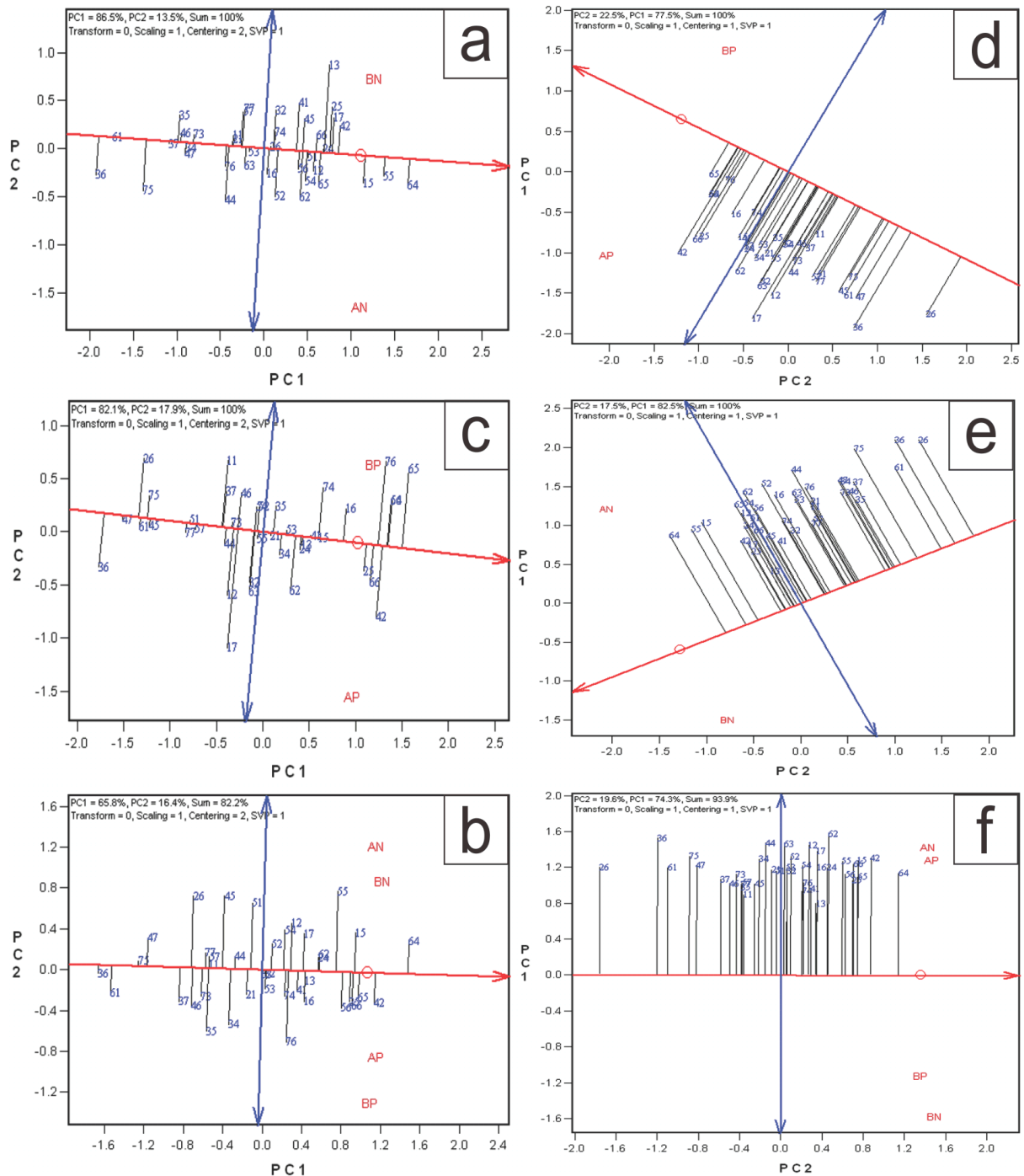


Figura 6. Adaptabilidade e estabilidade de 39 híbridos de milho tropical nos ambientes de alta e baixa disponibilidade de nitrogênio (AN e BN, respectivamente), alta e baixa disponibilidade de fósforo (AP e BP, respectivamente) e desses quatro ambientes simultaneamente quanto a massa de parte aérea seca (MPS) por meio de valores genotípicos (a,b,c) e médias fenotípicas em nível de ambiente (d,e,f).