

IRLANE TOLEDO BASTOS

SELEÇÃO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE GENOTÍPICA DE CLONES
DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MODELOS MISTOS

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 “Doctor Scientiae”.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL

2005

IRLANE TOLEDO BASTOS

SELEÇÃO, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE GENOTÍPICA DE CLONES
DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MODELOS MISTOS

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 “Doctor Scientiae”.

APROVADA: 21 de março de 2005.

Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)

Glauco Vieira Miranda
(Conselheiro)

Marcos Deon Vilela de Resende

Luiz Alexandre Peternelli

Márcio Henrique Pereira Barbosa
(Orientador)

A Deus, meu Senhor, que esteve sempre ao meu lado
e nunca me desamparou.

Nos momentos de incertezas e tribulações, guiou meus passos,
renovou minhas forças e me deu ânimo para continuar.

“Não to mandei eu? Sê forte e corajoso; não temas, nem te espantes,
porque o SENHOR, teu Deus, é contigo por onde quer que andares.”
(JS 1:9)

AGRADECIMENTO

A Deus, por me dar forças e me sustentar todos os dias da minha vida.

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade de realização do Curso.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao meu amado filho Samuel Bastos Costa, um presente maravilhoso que o Senhor me concedeu, por preencher minha vida com grandes alegrias e me fortalecer nos momentos de tribulação.

Ao meu esposo Giulliano Pinto Costa, por não me deixar desistir.

Aos meus pais Herculano de Souza Bastos e Geralda Maria Toledo Bastos, pela confiança e certeza de que sempre estarão dispostos a me ajudar.

Aos meus irmãos, cunhados e sobrinhos, por me proporcionarem momentos de alegria e descontração.

Aos meus sogros Sérgio Costa e Regina Maria Pinto Costa, aos meus cunhados Juciana Costa Martinho e Reggiani Pinto Costa e ao meu concunhado Randolpho Martinho Júnior, pela família que representaram para mim.

Ao meu orientador Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela compreensão, pelos ensinamentos, pelas dúvidas esclarecidas, pela paciência ... agradeço de coração.

Ao pesquisador da EMBRAPA Marcos Deon Vilela de Resende, pela colaboração e pelas sugestões e ensinamentos indispensáveis na realização deste trabalho.

Aos Professores Cosme Damião Cruz e Glauco Vieira Miranda, meus conselheiros, pela amizade, pelo profissionalismo e pela disponibilidade.

Aos Professores Luiz Alexandre Peternelli, pela aceitação em compor a banca examinadora, pelas sugestões, pelas críticas e pelo incentivo.

A Rita e Conceição, secretárias, pela presteza no atendimento e colaboração quando solicitadas.

BIOGRAFIA

IRLANE TOLEDO BASTOS, filha de Herculano de Souza Bastos e Geralda Maria Toledo Bastos, nasceu em Governador Valadares, MG, no dia 24 de outubro de 1975.

Em março de 1999, graduou-se em Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG.

Em 2001, concluiu o Programa de Pós-Graduação, em nível de Mestrado, em Genética e Melhoramento da UFRV.

Em abril desse mesmo ano, iniciou o Programa de Pós-Graduação, em nível de Doutorado, em Genética e Melhoramento da UFRV, submetendo-se à defesa de tese em 21 de março de 2005.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	4
2.1. Melhoramento genético da cana-de-açúcar.....	4
2.1.1. Melhoramento genético da cana-de-açúcar: cruzamentos, seleção e perspectivas	5
2.1.2. Florescimento e hibridação	8
2.1.3. Resumo das etapas envolvidas no processo de seleção da cana-de-açúcar pela Universidade Federal de Viçosa.....	9
2.2. Modelos mistos aplicados ao delineamento de blocos aumentados.....	12
2.3. Procedimentos para estimação de componentes de variância.....	23
2.4. Interação genótipos x ambientes	26
2.5. Estabilidade fenotípica	29
2.5.1. Estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar	35
2.6. Estabilidade genotípica	41
3. MATERIAL E MÉTODOS	43
3.1. Análises estatísticas.....	46
3.1.1. Modelos mistos	47

	Página
3.1.2. Modelos estatísticos do delineamento.....	50
3.2. Ganhos com a seleção	55
3.3. Metodologias utilizadas nas análises de adaptabilidade e estabilidade genotípica	56
3.4. Correlação entre os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade	61
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	62
4.1. Ganhos com a seleção de clones de cana-de-açúcar utilizando valores genotípicos preditos	62
4.2. Adaptabilidade e estabilidade genotípica.....	94
4.3. Correlação entre os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica.....	120
5. CONCLUSÃO	129
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	131

RESUMO

BASTOS, Irlane Toledo, D. S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2005.
Seleção, adaptabilidade e estabilidade genotípica na seleção de clones de cana-de-açúcar utilizando modelos mistos. Orientador: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Glauco Vieira Miranda.

O delineamento em blocos aumentados é bastante utilizado no melhoramento genético da cana-de-açúcar. As principais razões que levaram os melhoristas a adotarem esse delineamento foram: possibilidade de se avaliar grande número de tratamentos sem repetição na fase inicial dos programas e praticidade em instalar os experimento no campo. No entanto, as análises estatísticas deste delineamento apresentam certas limitações que comprometem a precisão das estimativas dos parâmetros genéticos. Uma alternativa para avaliar os delineamentos aumentados e que tem mostrado eficiência é a teoria de modelos, já que estes são por definição incompletos e conseqüentemente desbalanceados e não ortogonais. Com base na teoria de modelos mistos e utilizando o melhor estimador linear não viciado (BLUP), foi possível predizer os valores genotípicos dos genótipos de cana-de-açúcar e, através destes, estimar os ganhos com a seleção direta e indireta e a correlação entre os parâmetros que avaliam a adaptabilidade e estabilidade genotípica de acordo com as metodologias de Wricke (1956), Eberhart e Russell (1966) e as adaptadas por Carneiro (1998). Um total de 72 genótipos de cana-de-açúcar foi conduzido no delineamento em blocos aumentados em sete ambientes, sendo em cada ambiente instalados dois experimentos, formando duas repetições. As

características avaliadas foram: Brix, número de colmos por parcela (NC), peso médio do colmo (PMC), toneladas de Brix por hectare (TBH) e toneladas de cana por hectare (TCH). Os resultados mostraram que a teoria de modelos mistos, aplicada ao delineamento de blocos aumentados, possibilitou a seleção de vários clones superiores às testemunhas RB72454 e RB835486. Os ganhos diretos foram bastante superiores aos indiretos em todas as circunstâncias. As metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV) mostraram-se altamente correlacionadas entre si e com os valores genotípicos, classificando como sendo de melhor desempenho os clones mais produtivos. Ao contrário da metodologia de Wricke (1956), que não apresentou correlação significativa com esses clones, mas mostrou-se fortemente correlacionada com o coeficiente de determinação da análise de regressão. O parâmetro $\hat{\alpha}_{ii}$, que avalia a adaptabilidade segundo Eberhart e Russell (1966), teve correlação significativa com os valores genotípicos apenas com relação às características TBH e TCH. Ao passo que em todas as características avaliadas esse parâmetro correlacionou significativamente com as metodologias DRRB-CV e TQ-CV, mas de forma mais moderada.

ABSTRACT

BASTOS, Irlane Toledo, D. S., Universidade Federal de Viçosa, March 2005. **Selection, adaptability and genotypic stability in sugar-cane clone selection using mixed models.** Adviser: Márcio Henrique Pereira Barbosa. Committee members: Cosme Damião Cruz and Glauco Vieira Miranda.

The augmented block design is commonly used in sugar-cane genetic improvement. The main reasons that made plant breeders adopt this design were the possibility of evaluating a large number of treatments without repetition in the initial stages of the programs and practicality of installing the trials in the field. However, the statistical analyses of this design have some limitations that compromise the accuracy of genetic parameter estimates. An alternative to evaluate more efficiently augmented block designs is the theory of models, since these are by definition incomplete and consequently unbalanced and non-orthogonal. Based on the theory of mixed models and using the Best Linear Unbiased Prediction- (BLUP), it was possible to predict the genotypic values of sugar-cane genotypes and from these to estimate the gains with the direct and indirect selection and the correlation among the parameters that evaluate the adaptability and genotypic stability according to Wricke (1956), Eberhart and Russell (1966) adapted by Carneiro (1998). A total of 72 sugar-cane genotypes were arranged in the augmented block design in seven environments, two experiments in each environment, with two repetitions. The traits appraised were: Brix, number of stalks per plot (NS), mean weight (kg) of stalks (MW), tons of Brix per hectare (TBH), and tons

of cane per hectare (TCH). The theory of mixed models applied to the augmented block design made it possible the selection of several clones superior to the controls RB72454 and RB835486. The direct gains were greater than the indirect ones in all the circumstances. The methodologies differences in relation to the bisegmented line pondered by the coefficient of residual variation (DRB-VC) and quadratic trapezium pondered by the coefficient of residual variation (QT-VC) were shown highly correlated to each other and with the genotypic values, classifying the most productive clones as giving the best performance. Unlike Wricke's methodology (Wricke, 1956) that did not show significant correlation with the clones, but it was shown strongly correlated with the determination coefficient of the regression analysis. The parameter \hat{a}_{li} , which evaluates adaptability according to Eberhart and Russell (1966), had significant correlation with the genotypic values only in relation to the traits TBH and TCH. Whereas in all the appraised traits this parameter correlated significantly with DRRB-CV and TQ-CV methodologies, but in a more moderate way.

1. INTRODUÇÃO

Um delineamento estatístico que tem sido bastante utilizado pelos melhoristas de plantas é o de blocos aumentados. Nele há duas categorias de tratamentos, as testemunhas (repetidas) e os tratamentos regulares ou adicionais (não-repetidos), e sua inferência tem sido feita tradicionalmente por meio de uma análise intrablocos, ou seja, considerando os efeitos de tratamentos e de blocos como fixos. No entanto, algumas questões têm surgido quanto à eficiência dessa análise, já que os tratamentos regulares não exercem nenhuma influência sobre a estimativa do erro experimental e somente comparações entre parcelas do mesmo bloco são usadas na obtenção das estimativas de efeitos de tratamentos.

De acordo com Aguiar et al. (2000), são restritas as informações sobre a eficiência desses delineamentos em classificar os tratamentos e, sobretudo, na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos. Souza (1997) verificou baixa precisão nas estimativas de parâmetros utilizando blocos aumentados. No entanto, essa autora concluiu que a utilização desse delineamento somente é viável quando a intensidade de seleção for moderada.

A utilização de modelos fixos (análise intrablocos) na estimação de médias de tratamentos, mesmo quando estes forem obtidos numa amostragem da população, é bastante comum no melhoramento de plantas, dada a simplicidade da análise. Acredita-se que, no caso de dados balanceados, a classificação dos genótipos não se altera quando a estimação das médias é feita admitindo-se um modelo fixo em vez de misto. No entanto, quando os dados são desbalanceados e não ortogonais, como acontece nos

delineamentos aumentados, a possibilidade de classificação diferenciada entre as duas abordagens analíticas é uma realidade (BUENO FILHO, 1997).

Estudos de simulação variando a natureza dos efeitos de blocos e de tratamentos, de forma a considerar todas as possíveis combinações entre fixos e aleatórios, apontam que modelos mistos podem melhorar a inferência e, portanto, o sucesso de programas de melhoramentos (SANTOS, 2000; DUARTE, 2000). Aliada a essa questão está o avanço tecnológico que disponibiliza aos melhorista programas computacionais capazes de realizar tais análises sem maiores complicações.

Outro ponto importante no melhoramento da cana-de-açúcar e também de outras culturas é avaliar o comportamento dos genótipos perante as variações ambientais e, assim, adquirir conhecimento suficiente para indicar aqueles cultivares que melhor se adaptam a diferentes regiões de cultivo.

Nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, os melhoristas conduzem ensaios de competição com clones promissores de programas locais e de outras regiões. Esses ensaios são normalmente realizados considerando vários cortes e locais, comparando o desempenho dos novos clones com aqueles de amplo cultivo comercial. Tais estudos permitem avaliar a magnitude das interações genótipos x ambientes (locais) e genótipos x cortes (anos) e, conseqüentemente, realizar estudos de adaptabilidade e estabilidade. Geralmente, essas interações são significativas e influenciam a seleção dos clones.

Diferentes metodologias para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade foram e têm sido desenvolvidas e, ou, aprimoradas. Essas geralmente se baseiam em análise de variância, regressão linear, regressão não-linear, análise multivariada e estatísticas não-paramétricas.

Estudos comparando tais metodologias são comuns na literatura (FARIAS et al., 1997; Di MAURO et al., 2000; BRASIL, 1990; ROSSE et al., 2002; ARIAS, 1996; PEREIRA; COSTA, 1997; VERONESI, 1993; MIRANDA, 1993). Essas comparações geralmente são realizadas através da correlação entre os parâmetros estimados ou, quando possível, como no caso das análises de regressão ou multivariada, avalia-se a eficiência que cada método apresenta em explicar o comportamento do genótipo. Essa eficiência é avaliada pelo ajuste da equação de regressão aos dados observados ou pela fração da interação que é explicada pelo modelo. No entanto, até o momento não se tem conhecimento de trabalhos que tenham realizado estudos de adaptabilidade e

estabilidade utilizando valores genotípicos (propagação assexuada) ou valores genéticos (propagação sexuada) preditos.

Diante dos fatos, os objetivos deste trabalho foram: i) apresentar uma alternativa de análise para o delineamento em blocos aumentados, considerando a teoria de modelos mistos; ii) prever os ganhos com a seleção quando esta é praticada utilizando os valores genotípicos preditos; e iii) avaliar a correlação entre os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica, empregando-se as metodologias de Wricke (1965), Eberhart e Russell (1966) e Carneiro (1998).

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Melhoramento genético da cana-de-açúcar

Em épocas passadas, a melhoria do cultivo da cana-de-açúcar baseou-se na periódica substituição de cultivares selecionados da população natural, tanto os surgidos por mutações quanto aqueles oriundos de cruzamentos naturais. Até meados do século XIX, pensava-se que essa planta havia perdido sua capacidade de reprodução sexual, pois, por longo tempo, fora multiplicada por gemas em forma de clones (LEVI, 1992).

A primeira indicação do potencial de reprodução sexual da cana-de-açúcar foi relatada por J.W. Parrish, em Barbados, no ano de 1858, observando que as mudas de cana cresciam espontaneamente no campo (HEINZ; TEW, 1987; LEVI, 1992). No Brasil existem relatos de que Peixoto Lima, aproximadamente em 1842, verificou que a cana-de-açúcar reproduzia-se por sementes, porém tal fato não é considerado na literatura estrangeira. Segundo Machado Júnior (1987), citado por Pires (1993), no Brasil, particularmente em Pernambuco, em 1892 o produtor Manoel Cavalcanti colheu sementes da inflorescência da cana-caiana e produziu a primeira variedade. Seguindo esse pioneirismo, em 1910 foi criada a Estação Experimental de Escada, em Pernambuco. No decorrer do tempo, instalaram-se outras estações, que, a exemplo da primeira, foram aos poucos sendo desativadas (PIRES, 1993).

Atualmente, a cana-de-açúcar constitui um fator de grande importância econômica, social e ambiental para o País. É cultivada em pouco mais de cinco milhões de hectares, sobretudo para a produção de açúcar e álcool, bem como para fabricação de

aguardente e alimentação de bovinos. O Brasil é hoje o líder na produção e exportação de açúcar e em área plantada com cana, como também é o único a utilizar, em grande escala, o álcool como combustível alternativo de veículos (MATSUOKA et al., 1999).

Os primeiros programas de melhoramento no Brasil surgiram no início do século XX. As contribuições proporcionadas pelos diversos programas, durante esse século, são apresentadas por Matsuoka et al. (1999).

No Brasil, existem atualmente quatro instituições desenvolvendo trabalhos de melhoramento da cana-de-açúcar, quais sejam: o Instituto Agronômico de Campinas – IAC (<http://www.iac.sp.gov.br>), o Centro de Tecnologia Canaveieira-CTC (<http://www.ctc.com.br>), a Canavialis (<http://www.canavialis.com.br>) e a Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA (<http://www.ridesa.org.br>). Esta última é composta por sete Universidades Federais (Universidade Federal de São Carlos – UFSCAR, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro – UFRRJ, Universidade Federal do Paraná – UFPR, Universidade Federal de Alagoas – UFAL, Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, Universidade Federal de Viçosa – UFV e Universidade Federal de Goiás – UFG), que incorporaram o corpo técnico e o patrimônio físico do PLANALSUCAR, extinto em 1990, dando continuidade às atividades de cruzamento, seleção e avaliação de clones (MATSUOKA et al., 1999). De acordo com a COPERSUCAR (2003), as variedades das referidas universidades federais representam 64% da área cultivada com cana-de-açúcar no Brasil, porcentual que demonstra a importância do Programa de Melhoramento Genético da RIDESA para o País.

2.1.1. Melhoramento genético da cana-de-açúcar: cruzamentos, seleção e perspectivas

O melhoramento genético da cana-de-açúcar baseia-se na seleção e clonagem de genótipos superiores de populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos sexuais entre indivíduos diferentes. Para maximizar a eficiência desse processo, são realizadas distintas etapas, envolvendo a escolha adequada dos genitores e a quantificação dos efeitos ambientais na expressão de cada caráter sob seleção (MATSUOKA et al., 1999).

Diversos têm sido os critérios para escolha dos cruzamentos. Em linhas gerais, consideram-se a genealogia, a divergência genética e a associação de características de

importância agroindustrial dos genitores. Estes, por sua vez, são híbridos (variedades ou clones) nacionais ou introduzidos de outros países (BARBOSA; SILVEIRA, 2000).

Após os cruzamentos, a população gerada passa por uma seleção na etapa de “seedling” (indivíduos em desenvolvimento no campo originários de sementes ou plântulas). Nessa seleção, avaliam-se caracteres secundários para selecionar indiretamente o caráter principal (respostas correlacionadas com a produção). Essa seleção tende a apresentar baixa eficiência, pois é praticada em plantas individuais (poucos colmos por touceira), repetidas uma só vez e em um único ambiente, nas quais os caracteres apresentam baixa herdabilidade. Geralmente, nessa fase, denominada T1, têm-se milhares de plantas, e aquelas selecionadas são clonadas para se iniciar a avaliação em experimentos com repetições (BRESSIANI, 2001).

As metodologias de seleção utilizadas nos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar no mundo têm sido bastante variáveis (SKINNER et al., 1987; COX; HOGARTH, 1993). A seleção é praticada em todas as fases do melhoramento: na escolha dos genitores, na escolha dos cruzamentos, nos cruzamentos após o teste de progênie e na população de indivíduos oriundos dos cruzamentos realizados.

À medida que a quantidade de informação sobre parâmetros genéticos, em especial as herdabilidades do teor de açúcar e da produção de cana, aumentou, os métodos de seleção foram mudando, e os melhoristas passaram a ter uma compreensão melhor da importância de se ter mais de um ambiente para a seleção nas diferentes etapas (BRESSIANI, 2001).

Estimativas de herdabilidade com plantas individuais e com famílias, obtidas para a etapa inicial com o plantio de “seedling”, em vários países, foram reportadas por Skinner et al. (1987). As estimativas, com base em plantas individuais, revelaram-se de baixa magnitude para os caracteres toneladas de cana por hectare, toneladas de Brix por hectare, perfilhos, diâmetro, altura e volume, variando entre 0,06 e 0,44. Já com relação aos caracteres resistência ao carvão e à ferrugem e Brix, as estimativas foram mais elevadas, superando o valor de 0,50. As estimativas da herdabilidade com base em dados de famílias apresentaram valores superiores aos das estimativas baseadas em indivíduo, em todos os caracteres avaliados.

Segundo Hogarth (1977), em estágios mais avançados de seleção, em que os clones são avaliados em parcelas maiores ou em várias repetições, a variância do erro torna-se menos importante, e a herdabilidade com base em médias de clone tende a ser maior. Nessa fase, a seleção individual seria eficiente, pois existe uma variação genética

adequada quanto aos caracteres de maior importância. Muitos programas de melhoramento praticam a seleção individual em “seedling”, comprometendo a eficiência da seleção.

Na tentativa de obter maior eficiência nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, uma nova etapa tem sido incorporada às fases iniciais. Essa etapa consiste em identificar cruzamentos superiores, que serão utilizados para formar a população-base sobre a qual se fará a seleção. Assim, as chances de selecionar genótipos superiores, que se transformarão em variedades bem-sucedidas futuramente, são muito maiores. Outra grande vantagem atribuída a essa metodologia é a possibilidade de descarte de material indesejável nas fases iniciais do programa, reduzindo custos, espaço e tempo (BARBOSA; SILVEIRA, 2000).

Hogarth (1971) já relatava maior eficiência, no programa de melhoramento da cana-de-açúcar, com a seleção praticada em famílias: “A seleção de família poderia ser mais eficiente que a seleção individual das mudas originais nos estágios de seleção”. Porém, naquele momento, a ausência de máquinas apropriadas para pesagem e corte dos experimentos inviabilizava pesquisas mais detalhadas. As parcelas constituídas pelas famílias teriam que ser cortadas e pesadas manualmente, tornando o processo de mensuração inviável. Com o desenvolvimento, na Austrália, de máquinas móveis de pesagem, surgiu a oportunidade de se investigarem os possíveis avanços obtidos com a seleção de família, em experimentos mais complexos (HOGARTH et al., 1997).

Segundo Jackson et al. (1995), a seleção de família tem sido implantada em todos os programas de seleção regionais australianos. Simmonds (1996) incentivou a seleção de famílias em cana-de-açúcar, enfatizando seu uso rotineiro nas indústrias de açúcar da Austrália e nos programas de melhoramento da batata na Escócia.

Várias pesquisas demonstraram que a combinação seleção de famílias com seleção massal dentro das famílias selecionadas, nas primeiras etapas de seleção dos programas de melhoramento, proporcionarão maiores ganhos genéticos, e a frequência de clones superiores posteriormente será comparativamente maior do que aquelas em que a seleção foi apenas massal ou apenas familiar (McRAE et al., 1993; COX et al., 1996).

Quanto ao caráter utilizado para avaliar as famílias, Mariotti e Cuenya (1992) demonstraram que o número de colmos é o componente de maior estabilidade entre elas, sendo importante para predizer ganhos esperados com seleção.

2.1.2. Florescimento e hibridação

A cana-de-açúcar é uma planta alógama (WALKER, 1987), pertencente à família *Gramineae* (*Poaceae*), tribo *Andropogoneae* e gênero *Saccharum*. Em nível de espécie, a sua classificação botânica mais aceita é aquela relatada por Jeswiet (1925), modificada por Brandes (1956), conforme citado por Daniels e Roach (1987). Segundo esses autores, no gênero *Saccharum* ocorrem seis espécies: *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. sinense*, *S. barberi* e *S. edule*.

A alogamia ocorre devido a dois fatores, auto-incompatibilidade e macho-esterilidade. Este último é importante para determinar como o genótipo será utilizado no programa de melhoramento, ou seja, se como macho fornecendo pólen ou se como fêmea recebendo pólen (HEINZ; TEW, 1987).

Dependendo do potencial do clone fêmea em liberar pólen viáveis, ele deverá passar por um processo de emasculação (JAMES, 1980). A emasculação é uma ferramenta importante para se evitar a autofecundação nos cruzamentos biparentais. Dentre os vários tratamentos propostos, o mais utilizado é o com água quente a 50 °C durante 4,5 minutos (MACHADO JR. et al., 1995).

Para realizar a hibridação, a primeira necessidade são o florescimento e seu sincronismo. Esses dois fatores foram, sem dúvida, uma das grandes barreiras encontradas pelos melhoristas de cana-de-açúcar. Visando solucionar esse problema, alguns pesquisadores estudaram as zonas onde a cana-de-açúcar floresce regularmente, bem como seu centro de origem. Concluíram que as condições agroecológicas favoráveis ao seu florescimento constituem-se de temperatura mínima de 18 °C e máxima de 32 a 35 °C, umidade relativa e precipitações elevadas, solos pobres e latitude entre 10 °N e 10 °S (LEVI, 1983 e 1992).

No Brasil existem duas estações de cruzamentos onde o florescimento da maioria dos genótipos é possível em condições naturais: a estação de cruzamentos da Serra-do-Ouro, em Murici, AL, vinculada ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas, que fornece sementes à Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), e a estação de cruzamentos da COPERSUCAR, localizada em Camamu, BA, que produz sementes tanto para seu próprio programa quanto para o programa do IAC. Nos países onde as exigências agroecológicas não são satisfatórias, o florescimento só é possível com a utilização de

câmaras climáticas, em que temperatura, umidade, luz e nutrientes são devidamente controlados (LEVI, 1983).

Dentre os métodos de hibridação da cana-de-açúcar, o que se tem usado são o policruzamento, que consiste em reunir grande número de genitores para que se inter cruzem; e o cruzamento simples (biparentais), em que os genitores masculinos e femininos são conhecidos. É, preferivelmente, o mais utilizado pelos melhoristas. Para tornar viáveis os cruzamentos, desenvolveu-se uma solução ácida, que permite manter vivos os colmos retirados do campo durante todo o tempo necessário para a maturação da semente (HEINZ; TEW, 1987).

Sob o aspecto comercial, o florescimento é indesejável, porque interrompe o crescimento, bem como consome energia, podendo secar as células parenquimatosas, fenômeno denominado “chochamento” ou “isoporização”. Por isso, a renitência ao florescimento é um caráter procurado na seleção de cultivares e tem sido também um dos fatores responsáveis pelo não-florescimento dos clones utilizados nos cruzamentos, obrigando os programas de melhoramento a localizar a estação de cruzamentos em locais onde mesmo esses genótipos mais renitentes possam florescer regularmente e ter fertilidade.

2.1.3. Resumo das etapas envolvidas no processo de seleção da cana-de-açúcar pela Universidade Federal de Viçosa

O processo de seleção da cana-de-açúcar, praticado pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de Viçosa, PMGCA/UFV e apresentado a seguir, foi baseado no trabalho de Barbosa (2000).

O processo de seleção envolve o que se denominou fases T1, T2, T3, FE e FM. Isto é, primeira, segunda e terceira fases de seleção, fase de experimentação final e fase de multiplicação clonal.

i) Fase T1

A fase T1 corresponde à primeira fase de seleção. Cada semente gerará um genótipo com potencial de se tornar uma nova variedade. Anualmente, em julho, faz-se a semeadura em casa de vegetação no Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA), localizado no município de Oratórios, MG, sem o deslincamento prévio dos

cariópses. Após aproximadamente 20 a 30 dias, transplanta-se individualmente cada genótipo para saquinho plástico contendo substrato com areia, torta de filtro e terra de barranco peneirada, na proporção de 1:3:2, respectivamente. Após a repicagem, essas plântulas são mantidas em telado com 50% de iluminação, para aclimação. A cada 20 dias, poda-se o terço superior das folhas das plântulas até o transplantio para o campo, em novembro/dezembro do mesmo ano. Desde 1997, tem sido feita a inoculação precoce de escaldadura-das-folhas antes do transplantio definitivo no campo. Nesse caso, faz-se a última poda com tesoura infectada com o caldo extraído de plantas adultas com o sintoma da doença (MATSUOKA et al., 1998).

O transplantio das plântulas para o campo tem sido feito em época quente e chuvosa. Emprega-se o espaçamento entre sulcos de 1,40 m e entre plântulas de 0,50 m. As famílias têm sido distribuídas aleatoriamente e repetidas no campo sem delineamento estatístico.

Adicionalmente, plantam-se variedades-padrão distribuídas na proporção de aproximadamente 6% da área total do campo T1. Esse número de parcelas tem proporcionado estimativas prévias do BRIX com erro em torno de 1,5%. Além do BRIX, tais variedades-padrão servem como referência na seleção dos clones para florescimento e chochamento.

Aproximadamente oito meses após o transplantio, procede-se ao corte manual, com facão, de todas as plantas em plena época seca e fria, isto é, no mês de julho. Dessa forma, os novos clones têm sido submetidos à seleção natural para capacidade de rebrota em condições ambientais desfavoráveis.

As primeiras avaliações e seleções têm sido feitas, desde 1992, nos meses de abril e maio do ano subsequente ao corte das plantas. Esse período coincide com o início da safra de cana na região Centro-Sul brasileira. É nessa época também que a variabilidade genética para teor de açúcar é maior, e conseqüentemente aumenta a probabilidade de se identificarem genótipos de maturação precoce.

Nessa fase, a avaliação e seleção consistem, inicialmente, na observação visual de cada touceira. Isso tem sido feito por técnicos que possuem experiência profissional de cerca de 18 anos no melhoramento de cana-de-açúcar. Normalmente, mais de 70% das plantas têm sido descartadas sem dispender qualquer tempo medindo BRIX ou outra característica qualquer.

Aquelas plantas que apresentam um conjunto de características consideradas importantes, sob a ótica do melhorista, são mais bem observadas. Nesse caso,

preferencialmente selecionam-se plantas com: a) mais de seis colmos por touceira; b) colmos de idade fisiológica semelhante e de diâmetro médio ou superior; c) hábito de crescimento ereto; d) tolerância às principais doenças fúngicas de ocorrência natural na região, principalmente carvão e ferrugem; e) florescimento e chochamento ausente; e g) BRIX semelhante ou superior aos valores das variedades-padrão. É importante destacar que as plantas selecionadas não necessariamente têm associadas todas as características anteriormente mencionadas.

Nessa primeira fase, verifica-se que apenas 2% dos genótipos tem sido selecionado. Esses percentuais de seleção muito rigorosos são, em parte, explicados pelo uso de um grande número de famílias de baixo potencial produtivo, sendo, de outra parte, explicado também pelo processo de seleção simultânea de características. No entanto, essas taxas de seleção permanecerão nesses percentuais até a implementação de um sistema eficaz de seleção de famílias e estimativa de peso de parcelas na fase T2.

ii) Fase T2

Os clones selecionados têm sido plantados nessa fase em parcelas de um sulco com 6 m. Desde 1998 vem sendo empregado o delineamento em blocos aumentados. Utilizam-se blocos com 20 clones e duas testemunhas (RB72454 e RB835486).

A seleção final tem sido feita com base na média do kg BRIX por parcela estimado em cana-planta e soca e na observação visual de características morfológicas e da tolerância a doenças e pragas. Nessa fase, a proporção de clones selecionados tem variado de 10 a 30%.

iii) Fase T3 e FM

A terceira fase consiste basicamente da multiplicação (FM) no CECA dos clones selecionados em T2 e posteriores ensaios (fase T3) nas terras de usinas e destilarias de Minas Gerais. É na fase T3 que se realizam os testes de mosaico e carvão em Araras, SP, pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de São Carlos. O delineamento utilizado no T3 tem sido o de blocos aumentados, modificado com duas repetições e parcelas de dois sulcos de 5 m. Dessa forma, nas usinas e destilarias são obtidas mudas para plantio no próximo ano de experimentos de competição de clones. Os clones que ingressam nos experimentos são

definidos com base nas avaliações do kg BRIX por parcela em cana-planta e cana-soca do T3 na CECA e pela “performance” desses clones nas fases anteriores de seleção.

iv) Fase experimental nas usinas e destilarias (FE)

Os experimentos têm sido instalados conforme o delineamento estatístico de blocos ao acaso com quatro repetições e parcelas de quatro sulcos de 10 m cada. O número de clones avaliados tem sido cerca de 22 mais dois cultivares utilizados como testemunhas (RB72454 e a RB835486).

A colheita de cada experimento tem sido realizada por volta de 18 meses no primeiro corte e aos 12 meses no segundo e terceiro cortes. As parcelas têm sido totalmente colhidas sem despalha prévia com fogo e pesadas com o auxílio de dinamômetro acoplado à carregadora. Antes, porém, amostram-se dois feixes com 10 colmos para análise tecnológica em laboratórios das usinas e destilarias. Nesse caso, têm sido obtidos Pol % cana, açúcares redutores e fibra.

Paralelamente aos experimentos de competição têm sido conduzidos outros experimentos para obtenção da curva de maturação. Nesse caso, cada clone corresponde a um sulco de 2,5 m, repetido duas vezes. Coletam-se amostras de 10 colmos por parcela em cada uma das repetições e em sete épocas diferentes considerando o período da safra, iniciando-se em abril.

De modo geral, procura-se empregar um maior número possível de clones comuns a todos os experimentos, para então se proceder à análise conjunta de experimentos com tratamentos comuns e ao posterior teste de estabilidade de produção.

A seguir é apresentado um fluxograma de atividades (Quadro 1) do PMGCA da Universidade Federal de Viçosa, estabelecido a partir de 1999 (BARBOSA, 2000).

2.2. Modelos mistos aplicados ao delineamento de blocos aumentados

Os delineamentos aumentados foram propostos por Federer (1956) como alternativa em situações com limitações de material para compor repetições, bem como grande quantidade de tratamentos.

Em levantamento feito numa base de dados bibliográficos, constatou-se, entre 1975 e 1999, a publicação de cerca de 50 trabalhos relacionados a delineamentos aumentados. A maioria deles (quase 70%) refere-se exatamente ao seu emprego em

Quadro 1 – Fluxograma de atividades do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de Viçosa

Ano	Mês	Atividade	Número esperado
1	Abril/maio Novembro	Cruzamentos – UFAL ^{1/} Transplântio do T1	100 famílias 50 mil genótipos
2	Julho	Corte do campo sem seleção	50 mil genótipos
3	Abril/maio	Seleção massal e plantio do ensaio T2 *Blocos aumentados - um local *Parcelas de um sulco de seis metros + cultivares comuns	1000 clones
4	Maio Julho	Estimativa do kg brix/parcela em T2 cana-planta Corte sem seleção	1000 clones
5	Maio Maio/junho	Seleção no ensaio T2 *Seleção com base no kg brix/parcela da cana-planta e soca do T2 Plantio do FM no CECA ^{2/} *Parcelas de cinco sulcos de 5 metros	200 clones
6	Fevereiro/março/abril	Envio de clones às usinas – três locais *Em cada local instala-se um T3 *Blocos aumentados modificados com duas repetições *Parcelas de dois sulcos de 5 m + cultivares comuns Envio de clones à UFSCar ^{3/} para testes de mosaico e carvão	150 clones
7	Fevereiro/março/abril Fevereiro Maio	Envio de clones às universidades e empresas para FM Em cada local com ensaio T3 *Contagem de número de colmos por parcela *Brix e pesagem de 15 colmos por parcela *FM dos clones selecionados visualmente e com base no kg brix/parcela de cana-planta	150 clones
8	Fevereiro Maio	Em cada local com ensaio T3 *Contagem de número de colmos por parcela *Brix e pesagem de 15 colmos por parcela *FM dos clones selecionados visualmente e com base no kg brix/parcela de cana-planta e soca	150 clones
9	Março	FE + curva de maturação-CM (oito locais) *FE e CM = blocos casualizados *FE = quatro sulcos x 10 metros x quatro repetições *CM = um sulco x 5 metros x duas repetições x sete épocas de amostragem	24 clones
10	Julho	Colheita 1º corte - FE e CM	24 clones
11	Julho	Colheita 2º corte – FE	24 clones
12	Julho	Colheita 3º corte – FE	24 clones
13	-	FM dos clones promissores	-
14	-	Lançamento do(s) cultivar(es)	-

^{1/} UFAL – Universidade Federal de Alagoas.

^{2/} CECA – Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar, Oratórios, MG, Universidade Federal de Viçosa.

^{3/} UFSCar – Universidade Federal de São Carlos.

programas de melhoramento vegetal, envolvendo espécies como soja, feijão, grão-de-bico, cana-de-açúcar, leucena, aveia, cevada, trigo, batata e tomate. Outros 25% tratam do aspecto metodológico de sua utilização, e o restante (cerca de 5%) refere-se a publicações em outras áreas de pesquisa (DUARTE, 2000).

Dentre as razões da crescente adoção do delineamento aumentado pelos programas de melhoramento vegetal, podem-se citar a maior flexibilidade quanto ao número de tratamentos, a possibilidade de se testar boa parte dos tratamentos sem repetições e a economia em área, insumos, mão-de-obra etc. Sua aplicação, entretanto, tem-se deparado com problemas de ordem estatístico-experimental.

Um delineamento aumentado é obtido escolhendo-se um delineamento experimental padrão para os tratamentos-controle (ou testemunhas), aumentando-se, em seguida, os seus blocos (linhas ou colunas) em parcelas que acomodarão os tratamentos adicionais. Estes últimos tratamentos (novos genótipos) usualmente aparecem uma só vez no experimento, embora tal procedimento não seja uma exigência desse delineamento. As testemunhas podem estar dispostas em blocos completos ou incompletos, balanceados ou parcialmente balanceados. Mas o conjunto completo dos tratamentos (testemunhas + novos genótipos) sempre estará distribuído em blocos incompletos, ou seja, segundo um delineamento não ortogonal (DUARTE, 2000).

Dentre os delineamentos aumentados, o delineamento em blocos aumentados é talvez o mais utilizado, e a inferência tem sido feita tradicionalmente por meio de uma análise intrablocos, ou seja, considerando os efeitos de tratamentos e de blocos como fixos (SANTOS, 2000). Nesta análise somente comparações entre parcelas do mesmo bloco são usadas na obtenção de efeitos de tratamentos. Tais estimativas estão sujeitas a um erro, que depende unicamente das variações ao acaso dentro dos blocos, o erro intrablocos.

Vale esclarecer que não é correto dizer que a análise intrablocos só permite comparações entre tratamentos que aparecerem no mesmo bloco, nem que alguma análise adicional seja necessária para comparar tratamentos que foram testados somente em blocos distintos. Pode-se dizer, sim, que as comparações entre tratamentos que foram alocados no mesmo bloco são mais precisas do que aquelas entre tratamentos alocados em blocos diferentes (DUARTE, 2000).

Quando tratados como efeitos fixos (intrablocos), os valores genéticos são estimados, geralmente, através de médias associadas aos diferentes níveis dos efeitos fixos. Nesse caso, o processo de estimação é feito pelo método dos Quadrados Mínimos

Ordinários (OLS), para situações de homogeneidade de variância, ou pelo método dos Quadrados Mínimos Ponderados ou Generalizados (GLS), em situações de heterogeneidade de variâncias (RESENDE et al., 1996).

A utilização dos Quadrados Médios na avaliação genética, admitindo-se que os valores genéticos sejam fixos, é criticada por Martins (1995). Segundo esse autor, deve-se tratar o indivíduo como um veículo de alelos que segregam e novamente se agregam, aleatoriamente, para formarem novos genótipos.

A pressuposição errônea de que o valor genético seja fixo induz a distorções nas avaliações, interferindo nas estimativas dos valores genéticos (HENDERSON, 1984). Assim, a melhor estratégia de análise seria utilizar metodologias que consideram os valores genéticos como efeitos aleatórios (BUENO FILHO, 1997).

A teoria de modelos mistos, que consiste na avaliação dos valores genéticos tratados como de efeito aleatório, corrigindo-os quanto aos demais efeitos fixos contidos no modelo, foi proposta por Henderson, em 1949. Tal metodologia foi apresentada formalmente por Henderson em 1973, mas passou a ser utilizada na prática a partir da década de 1980, com os avanços da tecnologia computacional (RESENDE, 2002).

Tomando-se os valores genéticos como efeitos aleatórios, a sua predição pode ser efetuada utilizando uma metodologia que combina a melhor estimativa linear não tendenciosa dos efeitos fixos (BLUE), através da utilização de quadrados mínimos generalizados (GLS), com a melhor predição linear não tendenciosa dos efeitos aleatórios (BLUP).

Santos (2000), através de simulações, avaliou o uso da teoria de modelos mistos para descrever delineamentos em blocos aumentados e sua eficiência em relação à análise tradicional intrablocos. Dados moleculares foram usados na estimação da matriz de co-variâncias genéticas. Os efeitos de blocos e tratamentos regulares variaram entre fixo e aleatório e foram calculados utilizando a melhor predição linear não tendenciosa (BLUP). Quando pelo menos um desses fatores era tido como aleatório, duas variações foram consideradas, assumindo e não assumindo os componentes de variância como conhecidos. Os resultados indicaram que modelos mistos podem melhorar a inferência e, portanto, o sucesso de programas de melhoramento e que a escolha do modelo deve se basear no tipo de seleção. Se esta for truncada, o modelo cujo tratamento é aleatório e o bloco fixo deveria ser preferido; mas, se baseada num cultivar comercial, o modelo tratamento aleatório e bloco aleatório é mais apropriado.

Uma abordagem teórica sobre o processo de estimação/predição de médias de tratamentos, nos delineamentos em blocos, com ênfase nas suas aplicações em testes de genótipos, em melhoramento vegetal, foi realizada por Duarte em 2000. Esse autor procurou comparar as análises baseadas no modelo linear fixo (análise intrablocos) e no modelo linear misto (com recuperação da informação intertratamentos), buscando identificar os fatores que podem determinar diferentes classificações genotípicas. A análise teórica permitiu concluir que a abordagem de modelo misto (tratamento aleatório), comparativamente às análises tradicionais (análise intrablocos), em geral leva a: i) maior homogeneidade das médias dos tratamentos; e ii) seleção de diferentes tratamentos genéticos, quando a variância genotípica for baixa em relação à variância do erro e os ensaios forem não ortogonais e desbalanceados.

Duarte (2000) também avaliou diferentes métodos de análise estatística para blocos aumentados com aplicação no melhoramento de plantas. Os modelos alternativos de análises foram: análise intrablocos, análise com recuperação da informação interblocos, análise com recuperação da informação intertratamentos e análise recuperando ambos os tipos de informação, interblocos e intertratamentos. Instruções computacionais na linguagem SAS foram listadas para a execução das análises. Os resultados indicaram maior precisão nas estimativas dos modelos com aproveitamento de informação interfeitos, bem como a possibilidade de seleções diferenciadas entre os procedimentos, sobretudo quando a herdabilidade é baixa. Ademais, as análises que recuperam tal informação, em geral, levam à seleção de uma proporção menor de genótipos em relação à melhor testemunha do que os modelos que não a recuperam.

Atualmente, com a ampla disponibilidade de “software” estatísticos (SAS, STATISTICA, MINITAB, GENSTAB, SELEGEN ETC.), a adoção da análise intrablocos não mais se justifica. Assim, esse tipo de análise deve-se restringir a situações em que a suposição de aleatoriedade de certos efeitos (blocos e, ou, tratamentos adicionais) não puder realmente ser assumida. E, mesmo nessas situações, há quem considere o uso da modelagem mista sempre conveniente para a melhoria da eficiência das análises; haja vista a possibilidade de levar em conta alguma dependência (co-variância) entre os níveis de fatores aleatórios que não seria considerada num modelo fixo, o que geralmente implica aumento da precisão das estimativas (DUARTE, 2000).

Estudos realizados na Austrália (COX MC et al., 1996; STRINGER et al., 1996; STRINGER, 2000) têm demonstrado a eficiência da análise do BLUP em identificar

genótipos superiores de cana-de-açúcar a serem utilizados em cruzamentos nas etapas iniciais dos programas de melhoramento. O BLUP apresenta-se como um método rápido e econômico, permitindo identificar clones inferiores em menor espaço de tempo, que são removidos da coleção, e também direcionar mais eficientemente os cruzamentos, reduzindo o número de cruzamentos e facilitando a seleção de famílias nas etapas iniciais dos programas de melhoramento (STRINGER et al., 1996), procedimento esse utilizado desde 1986, na Austrália (COX MC et al., 1996).

Um modelo misto pode ser expresso na forma geral (HENDERSON, 1984)

$$\underset{\sim}{y} = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\hat{a}} + \underset{\sim}{Z} \underset{\sim}{g} + \underset{\sim}{e}$$

em que:

$\underset{\sim}{y}$: vetor (nx1) de observações;

$\underset{\sim}{X}$: matriz (nxp) de incidência dos efeitos fixos;

$\underset{\sim}{Z}$: matriz (nxq) de incidência dos efeitos genéticos, tomados como aleatório;

$\underset{\sim}{\hat{a}}$: vetor (px1) de efeitos fixos a serem estimados;

$\underset{\sim}{g}$: vetor (gx1) de efeitos aleatórios a serem preditos; e

$\underset{\sim}{e}$: vetor de erros aleatórios associados a cada observação.

Em geral, pressupõe-se que:

$$E(\underset{\sim}{g}) = 0$$

$$E(\underset{\sim}{e}) = 0$$

$$\text{Var}(\underset{\sim}{g}) = G$$

$$\text{Cov}(\underset{\sim}{g}, \underset{\sim}{e}) = \text{Cov}(\underset{\sim}{e}, \underset{\sim}{g}) = 0$$

$$\text{Decorrendo daí que } E(\underset{\sim}{y}) = \underset{\sim}{X} \underset{\sim}{\hat{a}} .$$

A matriz de variâncias e co-variâncias de $\underset{\sim}{y}$ é tipicamente assim representada:

$$V \begin{bmatrix} \underset{\sim}{g} \\ \underset{\sim}{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

Sendo G e R matrizes simétricas e positivas definidas, conseqüentemente:

$$\text{Var}(\underset{\sim}{y}) = \text{ZGZ}' + \text{R};$$

$$\text{Cov}(\underset{\sim}{y}, \underset{\sim}{g}) = \text{ZG}; \text{ e}$$

$$\text{Cov}(\underset{\sim}{y}, \underset{\sim}{e}) = \text{R}.$$

Existem três classes de preditores (HENDERSON, 1984), que são definidas como: melhor preditor (BP), melhor preditor linear (BLP) e melhor preditor linear não-viciado (BLUP).

O melhor preditor requer que a distribuição das variáveis aleatórias seja conhecida e só poderia ser aplicado eficientemente na prática em situações em que os candidatos à seleção apresentassem iguais quantidades e precisões de informações, primeiros momentos (média) e segundos momentos (variâncias) conhecidos. O melhor preditor linear deve ser aplicado em situações de diferentes quantidades e precisões de informações associadas aos candidatos à seleção e não conhecimento da distribuição dos dados observados (y), mas os primeiros e segundos momentos devem ser conhecidos. Quando y tem distribuição normal multivariada, então BLP é igual ao BP. O melhor preditor linear não-viciado é aplicado quando se tem a mesma situação apresentada para o BLP, mas com os primeiros momentos desconhecidos.

Na prática não se têm BP, BLP e BLUP, mas sim EBP, EBLP e EBLUP, significando preditores empíricos, devido à substituição dos valores paramétricos, primeiros e segundos momentos, por suas estimativas.

Dado um vetor de variáveis observáveis $\underset{\sim}{y}' = \begin{bmatrix} y_1' & y_2' & \dots & y_n' \end{bmatrix}$ e um vetor de variáveis genéticas não-observáveis $\underset{\sim}{g}' = \begin{bmatrix} g_1' & g_2' & \dots & g_n' \end{bmatrix}$, conjuntamente distribuídos, deseja-se encontrar uma função $h(\underset{\sim}{y})$ de forma a minimizar o quadrado médio do erro de predição, $E \left[\underset{\sim}{\hat{g}} - \underset{\sim}{g} \right]$. Nessa condição, o BP $\underset{\sim}{g}$ de é a média condicional do

preditor dado um vetor de observações, isto é, $h\left(\underset{\sim}{y}'\right) = E\left(\underset{\sim}{g} \mid \underset{\sim}{y}\right) = \underset{\sim}{\hat{g}}$. A forma de calcular o preditor depende da distribuição de y , podendo ser linear ou não.

Considerando os vetores $\underset{\sim}{y}$ e $\underset{\sim}{g}$ conjuntamente distribuídos, em que se conhecem seus parâmetros, primeiros e segundos momentos, mas cuja distribuição não é conhecida ou é de difícil manipulação, pode-se, então, obter um preditor de $\underset{\sim}{g}$, com

base em $\underset{\sim}{y}$, dado por:

$$\underset{\sim}{\hat{g}} = \underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{B} \underset{\sim}{y}$$

em que a e B são escolhidos de modo que seja minimizado o erro quadrático médio de predição. Assim, restringindo o preditor a ser linear, a forma da distribuição de $\underset{\sim}{y}$ não necessita ser conhecida.

Da minimização do erro quadrático médio de predição,

$$E\left[\left(\underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{B} \underset{\sim}{y} - \underset{\sim}{g}\right)' A \left(\underset{\sim}{a} + \underset{\sim}{B} \underset{\sim}{y} - \underset{\sim}{g}\right)\right], \text{ tem-se, sem qualquer suposição de}$$

normalidade, o BLP de $\underset{\sim}{g}$, dado por:

$$\underset{\sim}{\hat{g}} = \underset{\sim}{\hat{g}} + C' V^{-1} \left(\underset{\sim}{y} - \underset{\sim}{\hat{y}} \right)$$

em que:

$$\underset{\sim}{\hat{g}} = E(\underset{\sim}{g}): \text{ média de } \underset{\sim}{g};$$

$$\underset{\sim}{\hat{y}} = E(\underset{\sim}{y}): \text{ média de } \underset{\sim}{y};$$

C : matriz de co-variância entre $\underset{\sim}{g}$ e $\underset{\sim}{y}$; e

V : matriz de variância e co-variância de $\underset{\sim}{y}$.

Nas situações em que não se conhecem a distribuição conjunta dos vetores \tilde{y} e \tilde{g} e nem os primeiros momentos, mas apenas as variâncias e co-variâncias de \tilde{y} e \tilde{g} são conhecidas, pode-se obter o vetor $\hat{\tilde{w}}$, o BLUP de \tilde{w} , que por sua vez é um vetor de variáveis aleatórias dado por:

$$\tilde{w} = K'\hat{\tilde{a}} + L'\tilde{g}$$

em que K e L são matrizes conhecidas de contrastes estimáveis, ou seja, pertencentes aos espaços gerados pelas colunas de X e Z.

Um preditor linear de \tilde{w} pode ser obtido por:

$$\hat{\tilde{w}} = \tilde{a} + B\tilde{y}$$

em que o vetor \tilde{a} e a matriz B são escolhidos de modo a minimizar o erro quadrático

médio de predição, $E\left[\left(\tilde{a} + B\tilde{y} - K'\tilde{\beta} - L'\tilde{g}\right)'A\left(\tilde{a} + B\tilde{y} - K'\tilde{\beta} - L'\tilde{g}\right)\right]$, sendo

A uma matriz simétrica, positiva definida, sujeita à restrição de não tendenciosidade, ou seja, $E\left(\hat{\tilde{w}}\right) = E\left(\tilde{w}\right)$.

Sendo a distribuição conjunta de \tilde{y} e \tilde{w} dada por:

$$\begin{bmatrix} \tilde{y} \\ \tilde{w} \\ \tilde{w} \end{bmatrix} \sim N\left(\begin{bmatrix} X\hat{\tilde{a}} \\ K'\hat{\tilde{a}} \\ L'C' \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} v & LC \\ L'C' & L'GL \end{bmatrix}\right)$$

em que C é a matriz de co-variâncias entre \tilde{y} e \tilde{w} e G, a matriz de variâncias e co-variâncias entre os valores genéticos a serem preditos.

O preditor produzido pela minimização de

$E\left[\left(\tilde{a} + B\tilde{y} - K'\tilde{\beta} - L'\tilde{g}\right)'A\left(\tilde{a} + B\tilde{y} - K'\tilde{\beta} - L'\tilde{g}\right)\right]$ é

$$\hat{\tilde{w}} = K'\hat{\tilde{a}}^0 + L'C'V^{-1}(y - X\hat{\tilde{a}}^0)$$

em que $\hat{a}^0 = (X'V^{-1}X)^{-1} X'V^{-1}y$ é a solução de quadrados mínimos generalizados para os efeitos fixos, num modelo $y = X\beta + Zg + e$, sendo $y \sim N(X\hat{a}, V)$. $K'\hat{a}^0$ o melhor estimador linear não-viciado (BLUE) de $K'\hat{a}$, enquanto $\hat{g} = C'V^{-1}(y - X\hat{a}^0)$ é o melhor preditor linear não-viciado (BLUP) de g .

Obter a inversa de V exige grande esforço computacional. No entanto, uma alternativa para obtenção do BLUP já havia sido demonstrada por Henderson et al. (1959), o que consiste na maximização da função densidade de probabilidade conjunta de y e g .

Assumindo que y , g e e tenham distribuição normal multivariada, tem-se:

$$\begin{bmatrix} y \\ g \\ e \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left\{ \begin{bmatrix} X\hat{a} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ'+R & ZG & R \\ GZ' & G & \ddot{o} \\ R & \ddot{o} & R \end{bmatrix} \right\}$$

em que:

$G = A\sigma_g^2$, sendo A a matriz que indica o grau de associação genética entre os indivíduos (parentesco genético aditivo) e σ_g^2 a variância genética; e $R =$ matriz de variância e co-variância residual.

A função densidade de probabilidade conjunta de y e g é dada pelo produto da função densidade de probabilidade de y dado g , pela função densidade de probabilidade de g :

$$f\left(\begin{matrix} y \\ g \end{matrix}\right) = f\left(\begin{matrix} y \\ g \end{matrix} \middle| \begin{matrix} g \\ g \end{matrix}\right) \cdot f\left(\begin{matrix} g \\ g \end{matrix}\right)$$

ou seja:

$$f\left(\begin{matrix} y \\ g \end{matrix}\right) = \frac{1}{(2\pi)^{\frac{n}{2}}|R|^{\frac{1}{2}}} \exp\left\{-\frac{1}{2}\left[\begin{matrix} y-x\hat{a}-Zg \\ y-x\hat{a}-Zg \\ y-x\hat{a}-Zg \end{matrix}\right]' R^{-1} \begin{matrix} y-x\hat{a}-Zg \\ y-x\hat{a}-Zg \\ y-x\hat{a}-Zg \end{matrix}\right\} \frac{1}{(2\pi)^{\frac{j}{2}}|G|^{\frac{1}{2}}} \exp\left\{-\frac{1}{2}\left[\begin{matrix} g-0 \\ g-0 \\ g-0 \end{matrix}\right]' G^{-1} \begin{matrix} g-0 \\ g-0 \\ g-0 \end{matrix}\right\}$$

em que n e j são, respectivamente, os postos das matrizes R e G .

Para a maximização dessa função, usa-se o artifício da transformação logarítmica. Isso é possível, visto que, sendo $f\left(\begin{matrix} y \\ \sim \end{matrix}, \begin{matrix} g \\ \sim \end{matrix}\right)$ e $\ln\left[f\left(\begin{matrix} y \\ \sim \end{matrix}, \begin{matrix} g \\ \sim \end{matrix}\right)\right]$ funções contínuas e crescentes no espaço R^+ , seus pontos de máximo são coincidentes dentro do espaço de $\left[\begin{matrix} \hat{a}' \\ \sim \end{matrix} \begin{matrix} g' \\ \sim \end{matrix}\right]$ e $ZGZ' + R$ (MARTINS et al., 1997).

Assim, fazendo $L = \ln\left[f\left(\begin{matrix} y \\ \sim \end{matrix}, \begin{matrix} g \\ \sim \end{matrix}\right)\right]$, tem-se:

$$L = -\frac{1}{2}(n+j)\ln(2\delta) - \frac{1}{2}(\ln|R| + \ln|G|) - \frac{1}{2} \begin{pmatrix} y'R^{-1}y - 2y'R^{-1}X\hat{a} - 2y'R^{-1}Zg + 2\hat{a}'XR^{-1}Zg + \\ + \hat{a}'X'R^{-1}X\hat{a} + g'ZR^{-1}Zg + g'G^{-1}g \end{pmatrix}$$

Derivando L em relação a \hat{a} e g e tornando tais derivadas identicamente nulas,

obtem-se as seguintes equações de modelos mistos:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{a}^0 \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

Da absorção de \hat{g} nas equações de \hat{a}^0 é possível a obtenção da solução para \hat{a}^0 ,

dada por:

$$\hat{a}^0 = \left\{ X' \left[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} \right] X \right\}^{-1} X' \left[R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} \right] y$$

Demonstra-se que $R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} = V^{-1}$

\hat{a}^0 fornecido por esse sistema é também uma solução de quadrados mínimos

generalizados (GLS).

Tomando a segunda equação das EMM, tem-se o melhor preditor linear não-viciado (BLUP) de g , dado por:

$$\hat{g} = (Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} \begin{pmatrix} y - X\hat{a}^0 \end{pmatrix}$$

Se G e R são conhecidas, \hat{X}^0 é o melhor estimador linear não-viciado (BLUE) de X , e \hat{g} é o melhor preditor linear não-viciado (BLUP) de g .

2.3. Procedimentos para estimação de componentes de variância

O uso da metodologia de modelos mistos, para predição de valores genéticos, requer inicialmente o conhecimento dos componentes de variância e co-variâncias (G e R). Geralmente, estes são desconhecidos, e as predições não serão mais necessariamente as melhores, mas uma aproximação. Assim, uma determinação segura das estimativas dos componentes da variância é fundamental para o aprimoramento do processo de estimação, como o de predição, podendo resultar em alterações nas estimativas dos efeitos fixos (Best Linear Unbiased Estimation), bem como nas predições dos efeitos aleatórios (Best Linear Unbiased Prediction) (SANTOS, 2000).

Grosso modo, os métodos de estimação de componentes de variância podem ser reunidos em três categorias: i) os procedimentos derivados do método dos momentos, entre os quais se incluem o tradicional método da análise de variância e os três métodos de Henderson (1953); ii) a estimação quadrática de norma mínima (MINQE), incluindo-se os métodos MINQUE (Minimum Norm Quadratic Unbiased Estimation) e MIVQUE (Minimum Variance Quadratic Unbiased Estimation); e iii) os métodos baseados em máxima verossimilhança, ML (Maximum Likelihood), REML (Restricted Maximum Likelihood) e sua recente versão bayesiana VEIL (Variance Estimation From Integrated Likelihood) (DUARTE, 2000).

Os estimadores ANOVA são obtidos, tradicionalmente, equacionando-se os quadrados médios (QM) de cada fonte de variação, numa tabela de análise de variância, aos respectivos valores esperados teoricamente, as $E(QM)$. Para conjunto de dados balanceados, essas esperanças matemáticas podem ser construídas utilizando-se métodos práticos de fácil aplicação (BARBIN, 1998, citado por DUARTE, 2000). Todavia, para conjuntos desbalanceados, sobretudo em modelos mistos, a sua obtenção não é trivial, sendo necessária uma abordagem conceitual mais genérica (DUARTE, 2000).

O método I, de Henderson, é uma extensão do método ANOVA clássico para o caso de modelos completamente aleatórios com dados desbalanceados. O método II apresenta uma modificação do método I para alguns tipos de modelos mistos, sem

interação entre os efeitos fixos e aleatórios ou aninhamento de efeitos aleatórios dentro de efeitos fixos. Consiste em estimar os efeitos fixos de um modelo que ignora os efeitos aleatórios, ajustar os dados a esses efeitos e, em um modelo aleatório, aplicar o método I. O método III utiliza o método de ajustamento de constantes de Yates, em que a soma de quadrados em cada fator é calculada pela diferença entre as somas de quadrados obtidas pelo ajuste de um modelo completo e de um submodelo que exclui aquele fator. Após a obtenção das somas de quadrados, são calculados os quadrados médios que, iguados às respectivas esperanças matemáticas, fornecem as estimativas dos componentes de variância.

Os métodos de Henderson baseiam-se na suposição de amostragem aleatória, a qual dificilmente se verifica em dados obtidos em programas de melhoramento. Assim, as estimativas obtidas são freqüentemente tendenciosas devido à seleção empregada (RESENDE, 2002).

Os estimadores ANOVA, inclusive os métodos de Henderson, apesar de não viesados, mesmo sob desbalanceamento, não possuem propriedades importantes, como variância mínima (LITTELL; McCUTCHAN, 1987, citados por DUARTE, 2000).

O método de estimação quadrática não-viciada de norma mínima (MINQUE) e o método de estimação quadrática não-viciada de variância mínima (MIVQUE) baseiam-se na estimação de funções quadráticas dos componentes de variância, por meio de formas quadráticas nas observações. O primeiro usa a restrição de que a norma euclidiana da matriz-núcleo seja mínima e o segundo, de que a matriz-núcleo seja determinada, de forma que os estimadores tenham variância mínima (MARTINS, 1995). Ambos os estimadores possuem o inconveniente de exigirem, no seu cálculo, o fornecimento de valores iniciais dos componentes de variância. Assim, tais estimadores são funções dos dados e destes valores preestabelecidos (DUARTE, 2000).

O método da máxima verossimilhança (ML), desenvolvido por Hartley e Rao (1967), consiste em maximizar a função densidade de probabilidade das observações, geralmente confinada à suposição de normalidade, em relação aos efeitos fixos e aos componentes de variância dos efeitos aleatórios. Em situações de dados balanceados, os estimadores ML apresentam as seguintes propriedades desejáveis: suficiência, consistência, eficiência e invariância à translação (não ser afetado por mudanças nos efeitos fixos). Outra vantagem do ML é a geração de estimativas não negativas dos componentes de variância (RESENDE, 2002).

Embora os estimadores ML apresentem propriedades estatísticas ótimas, eles mostram viés por não considerar a perda de graus de liberdade, resultante da estimação dos efeitos fixos (ANDRÉ, 1999). Esse viés seria, então, removido com o desenvolvimento por Patterson e Thompson (1971) do método da verossimilhança restrita (REML) generalizado para modelos mistos desbalanceados. O método REML consiste em desdobrar a verossimilhança em duas funções, uma das quais é livre dos efeitos fixos e sujeita à maximização para encontrar as estimativas dos componentes. Assim, cada observação é dividida em duas partes independentes, uma referente aos efeitos fixos e outra aos efeitos aleatórios. Dessa forma, o REML mantém as demais propriedades do ML, é não viciado e permite também a imposição de restrições de não negatividade.

A desvantagem dos métodos ML e REML é o fato de o procedimento de procura do ponto de máximo, da função de verossimilhança, em geral requerer esquemas iterativos e a convergência, além de ser lenta, não ser garantida. Todavia, o avanço considerável na área da informática, bem como a adaptação e implementação de eficientes algoritmos computacionais, tem permitido o uso generalizado desses métodos na área do melhoramento (ANDRÉ, 1999). Nos últimos anos, tem-se dado preferência ao método REML, quando se trata de dados desbalanceados.

Vários algoritmos podem ser usados para obtenção das estimativas dos componentes de variância pelo método REML. Dentre esses se encontram o algoritmo EM (Maximização da Esperança) e o algoritmo DF (Derivative-Free). O algoritmo EM apresentado por Henderson (1986) baseia-se num processo iterativo, em que o ponto de máximo é obtido pela derivação da função densidade de probabilidade. Essa forma de implementação exige grande esforço computacional, se o número de dados é elevado, porque envolve a inversão da matriz de variâncias e co-variâncias das observações (MARTINS, 1995). Já o processo proposto por Meyer (1989) é livre da derivação da função densidade de probabilidade, sendo por isso denominado DFREML (Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood). Apresenta grande vantagem computacional em relação ao algoritmo EM, pois não requer a inversa da matriz de variâncias e co-variâncias. Ambos foram desenvolvidos para análise univariada.

Estudos de simulação, conduzidos com o objetivo de comparar os métodos REML, ML e método III de Henderson, foram realizados por Carneiro (2001). O autor avaliou o efeito do desbalanceamento na estimação dos componentes de variância, bem como a eficiência dos métodos na estimação dos componentes de variância em relação

ao valor verdadeiro. As conclusões obtidas com esses estudos foram: i) todos os métodos apresentaram ganhos genéticos esperados diferentes daqueles que seriam obtidos se fossem utilizados os valores reais dos componentes de variância; ii) os desbalanceamentos provocados não afetaram a estimação dos componentes de variância pelos diferentes métodos; as diferenças observadas foram consequência dos níveis de herdabilidade; iii) o método REML, com modelo animal, pode ser considerado o mais apropriado para estimar componentes de variância com relação às características de baixa herdabilidade.

Comparações entre as estimativas de parâmetros genéticos, obtidas pelo método III de Henderson e pelo REML, bem como as mudanças dessas estimativas ao longo das gerações, foram alguns dos objetivos do trabalho realizado por Azevedo Júnior (1998). Esse autor concluiu que as estimações de variâncias e co-variâncias obtidas pelo REML foram mais confiáveis, e as estruturas de populações que apresentaram gerações anteriores à seleção mostraram-se similares.

2.4. Interação genótipos x ambientes

A interação de genótipos por ambiente resulta da expressão genotípica diferenciada entre ambientes, o que implica redução da associação entre valores genotípicos e fenotípicos (RAIZER, 1998).

Na presença da interação genótipos x ambientes, a avaliação do genótipo com base no fenótipo poderá variar de um ambiente para outro, resultando na alteração da magnitude de suas diferenças (interação simples) ou na mudança da posição relativa dos genótipos (interação complexa) (FALCONER, 1981). Quando a interação for do tipo complexa, ela proporcionará dificuldades ao melhorista, pois o genótipo superior, nas condições ambientais em que foi selecionado, poderá não ser o melhor genótipo em outro ambiente.

As condições ambientais que influenciam a expressão do genótipo podem ser agrupadas em duas categorias: previsível e imprevisível. A primeira refere-se às características permanentes do ambiente, como clima, solo e fotoperíodo, além de aspectos direcionados pela ação do homem, como data de plantio, densidade, preparo do solo, método de colheita e outras práticas agronômicas. A segunda refere-se às variações aleatórias, como estande final, flutuações climáticas como quantidade e distribuição de chuvas, variações na temperatura, as variações pedológicas localizadas,

também denominadas efeitos microambientais e ocorrência de pragas e doenças (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

O cultivo em larga escala de poucos genótipos, usual em diversas culturas, parece conflitante com a premissa de que as variedades respondem de modo diferenciado em ambientes distintos, além da maior vulnerabilidade a doenças e outros distúrbios bióticos (TAI, 1971).

O comportamento diferenciado dos genótipos, quando desenvolvido em ambientes favoráveis e desfavoráveis, indica que a sensibilidade dos genótipos ao ambiente seja controlada por dois grupos gênicos distintos com alguns genes comuns (VERMA et al., 1978).

Entende-se por ambientes favoráveis, regiões com condições edáficas e climáticas apropriadas à aptidão da cultura, ou regiões onde se emprega alta tecnologia de cultivo. Já os ambientes desfavoráveis são regiões onde as condições climáticas ou de solo são adversas, normalmente regiões de baixa tecnologia de produção, em que a quantidade e qualidade de insumos e, ou, equipamentos agrícolas são insuficientes (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Segundo Eberhart e Russell (1966) e Tai (1971), duas estratégias têm sido adotadas pelos melhoristas visando contornar ou minimizar o problema da interação genótipos x ambientes: a) estratificação ambiental, em que a região para a qual as variedades estão sendo melhoradas é subdividida em sub-regiões com condições agroclimáticas mais homogêneas e b) seleção de genótipos que apresentam baixa interação com o ambiente, ou seja, alto grau de estabilidade de sua “performance”, que serão indicados para uma ampla região de interesse do melhoramento. Entretanto, os autores relataram que a primeira estratégia não tem sido eficiente, pois a interação genótipos x anos não pode ser minimizada pela subdivisão da região.

Segundo Arias (1996), a identificação de genótipos a ambientes específicos é oneroso, e quaisquer variações ambientais imprevistas nas condições em que foram realizadas as avaliações podem fazer que o material genético não mais se mostre adaptado. Dessa forma, a identificação de cultivares com maior estabilidade fenotípica é de grande importância para culturas que estão sujeitas a flutuações climáticas.

Muitos estudos realizados na Austrália têm mostrado que a interação genótipos x ambientes é mais importante que as interações genótipos x cortes e genótipos x anos quanto ao caráter produção de cana. Tal fato também foi comprovado por Jackson et al. (1995a), que, avaliando o comportamento de 48 famílias em sete locais na região de

Herbert, concluíram que os efeitos das interações famílias x cortes e famílias x anos, quanto aos caracteres produção de cana e açúcar, apesar de serem significativos, foram inferiores aos efeitos da interação famílias x ambientes (locais). Segundo Jackson et al. (1995b), os níveis dos nutrientes: cálcio, zinco e cobre no solo ou fatores a eles relacionados poderiam ser responsáveis pela interação famílias x ambientes em cana-de-açúcar.

A menor importância das interações genótipos x cortes e genótipos x anos, na região de Herbert, Austrália, faz que a correlação genética entre cortes varie de moderada a alta, possibilitando selecionar os genótipos nas etapas iniciais do programa de melhoramento com base em apenas um corte. Jackson (1992) verificou que, numa série de dois experimentos envolvendo quatro locais e três cortes, muitos dos genótipos selecionados com base na produção de açúcar (t/ha) de todos os cortes também foram selecionados considerando os resultados apenas do primeiro corte.

No Brasil, diversos trabalhos constataram a importância da interação genótipos x ambientes. A análise de 4.752 “seedlings” pertencentes a 33 famílias em dois locais no Estado de São Paulo revelou interação famílias x ambientes significativa em todos os caracteres avaliados (BRESSIANI, 2001). No estudo realizado por Raizer (1998), que compreende a última fase de experimentação do Programa de Melhoramento da Copersucar, 56 genótipos foram avaliados em 22 usinas cooperadas no Estado de São Paulo. Os resultados revelaram interação genótipos x ambientes altamente significativa, a 1% de probabilidade, em todos os caracteres avaliados.

Um aspecto importante da interação é a influência que essa exerce no processo seletivo dos clones, reduzindo os ganhos obtidos com a seleção realizada em vários locais. Tal fato foi comprovado nos estudos de Bull et al. (1992), em que verificaram que tanto os ganhos obtidos com a seleção de clones quanto os ganhos obtidos com a seleção de famílias foram afetados pela referida interação. Os ganhos foram relativamente pequenos quando a seleção foi realizada considerando todos os locais e anos da estação experimental.

Uma estratégia adotada por muitos pesquisadores, diante da presença da interação genótipos x ambientes, é efetuar o estudo da adaptabilidade e estabilidade nos diversos ambientes de avaliação dos genótipos. Para tanto, várias metodologias paramétricas e não-paramétricas têm sido desenvolvidas, devendo ressaltar que cada uma se distingue quanto ao conceito de estabilidade adotado e ao princípio estatístico

empregado na determinação da estabilidade (BORSOI FILHO, 2000; SANTANA et al., 1983).

Estudos da adaptabilidade e estabilidade de genótipos permitem sintetizar, em poucos parâmetros, o enorme volume de informações obtidas de um grande número de experimentos distribuídos em locais e anos agrícolas diferentes (PIRES, 1981).

2.5. Estabilidade fenotípica

Os experimentos para avaliar a interação genótipos x ambientes, apesar de sua grande importância, não fornecem informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo diante das variações ambientais. As estratégias que permitem identificar os genótipos de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais são denominadas análises de estabilidade e adaptabilidade.

A metodologia mais antiga para avaliar a “performance” genotípica é a tradicional análise de grupos de experimentos. Nesse método, a variação de ambientes dentro de cada genótipo é usada como estimador do parâmetro de estabilidade, de modo que o genótipo que apresentar menor quadrado médio, ou seja, menor variância, será considerado o mais estável (BONATO, 1978, citado por CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Plaisted e Peterson (1959) estimaram o componente de variância da interação genótipos x ambientes para cada par de variedades de batatas testado em vários locais, e a média dessas estimativas, em todas as combinações com uma variedade em comum, foi considerada uma medida de estabilidade também da variedade em comum. A variedade com menor variância da interação de variedades x ambientes é também a mais estável. Posteriormente, Plaisted (1960) propôs que fossem realizadas várias análises conjuntas de variância, omitindo um genótipo por vez. Em cada uma dessas análises, estima-se a interação genótipos x ambientes, ressaltando-se que a magnitude dessa interação indica a estabilidade do genótipo omitido. Este será considerado mais estável quanto maior for a magnitude dessa interação.

Wricke (1965), citado por Cruz e Regazzi (1997), desenvolveu uma metodologia em que a estimação do parâmetro que descreve a estabilidade é obtida pela decomposição da soma de quadrados da interação nas partes devidas a genótipos isolados e não pela decomposição do componente de variância da interação como relatado por Plaisted e Peterson (1959). No entanto, essas metodologias são bastante semelhantes.

Finlay e Wilkinson (1963) propuseram um método que se baseia em análise de regressão linear, que mede a resposta de cada genótipo às variações ambientais. Para cada genótipo é computada uma regressão linear simples da variável dependente considerada, bem como o índice ambiental, definido como a média de todos os genótipos no ambiente. Os dados experimentais são previamente transformados na escala logarítmica, visando à máxima linearização. Nessa metodologia, a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos são avaliadas pelo coeficiente de regressão e pelo rendimento médio dos genótipos em todos os ambientes. Coeficiente de regressão próximo de 1 indica estabilidade média. Quando este estiver associado à elevada produtividade, os genótipos têm adaptabilidade geral; quando estiverem associados a baixas produtividades, os genótipos são pobremente adaptados em todos os ambientes. Coeficientes de regressão maiores que 1 indicam genótipos com crescente sensibilidade às mudanças do ambiente (baixa estabilidade) e adaptados a ambientes favoráveis. Coeficientes de regressão menores que 1 indicam genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, pois esses são resistentes, ou seja, constantes nas mudanças ambientais (alta estabilidade).

Eberhart e Russell (1966) propuseram outro método que, em princípio, é semelhante ao de Finlay e Wilkinson (1963), diferindo basicamente no fato de que os dados não sofrem transformação e é incluído outro parâmetro de estabilidade, o desvio da regressão. Nessa nova metodologia, o genótipo ideal deve apresentar elevada produtividade, resposta positiva à melhoria do ambiente ($\beta_i = 1$) e comportamento previsível ($\sigma_{d_i}^2 = 0$). Os genótipos que apresentam $\beta_i = 1$ são tidos como de adaptabilidade geral, enquanto os genótipos que apresentam $\beta_i > 1$ ou $\beta_i < 1$ são tidos como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente. Logo, nessa metodologia a adaptabilidade expressa a capacidade do genótipo em aproveitar vantajosamente os estímulos do ambiente. A estabilidade é avaliada pelos desvios da regressão, sendo desejados desvios iguais a zero, pois indicam genótipos altamente previsíveis perante as variações do ambiente. Desvios diferentes de zero indicam que os genótipos são imprevisíveis àquelas variações. Nessa análise, o índice ambiental é definido como a diferença entre a média de todos os genótipos no ambiente j menos a média geral de todos os experimentos, dado por:

$$I_j = \frac{\sum_i Y_{ij}}{g} - \frac{\sum_i \sum_j Y_{ij}}{ga} \quad \sum_j I_j = 0$$

em que g é o número total de genótipos e a é o número total de ambientes.

Verma et al. (1978) propuseram uma dupla análise de regressão, uma para ambientes favoráveis (índices positivos) e outra para ambientes desfavoráveis (índices negativos). O genótipo ideal seria aquele com média elevada, baixa sensibilidade aos ambientes desfavoráveis ($\beta_{1i} < 1$) e responsivos à melhoria do ambiente ($\beta_{2i} = 1$ ou $\beta_{2i} > 1$).

Silva e Barreto (1985) propuseram a utilização de uma curva única constituída de dois segmentos de reta, com união no ponto correspondente ao valor zero do índice de ambiente. Cruz et al. (1989) aprimoraram essa técnica, tornando-a estatisticamente mais adequada ao melhoramento. Nessas duas técnicas permanece a concepção original de Verma et al. (1978), a qual permite a caracterização de cada genótipo por dois coeficientes de regressão em vez de um, como em Finlay e Wilkinson (1963) e Eberhart e Russell (1966), além dos desvios da regressão. Assim, nos ambientes desfavoráveis o parâmetro que descreve a adaptabilidade é o coeficiente de regressão β_{1i} , e nos ambientes favoráveis são os coeficientes da regressão $\beta_{1i} + \beta_{2i}$. O parâmetro que descreve a estabilidade é o componente da variância do desvio da regressão ($\sigma_{d_i}^2$).

Apesar de a análise de regressão linear ser amplamente utilizada como uma ferramenta na análise de estabilidade dos genótipos, esses métodos possuem algumas limitações que são freqüentemente discutidas. Entre essas, destaca-se o uso de médias de todos os genótipos em cada ambiente, como medida do índice ambiental; com tal procedimento, pode não ocorrer independência entre as variáveis, especialmente quando o número de genótipos é inferior a 15, o que é uma séria restrição ao uso da regressão (LIN et al., 1986). Outra limitação dessa metodologia é a possível modificação das estimativas dos parâmetros de estabilidade quando se eliminam da análise os ambientes extremos (ERAZZÚ et al., 1996).

A metodologia de Lin e Binns (1988) é uma alternativa na avaliação da estabilidade, pois não apresenta as limitações mencionadas com o uso da regressão e possibilita a identificação de genótipos com desempenho próximo ao máximo nos vários ambientes testados (FARIAS et al., 1997). Essa metodologia consiste em estimar, em cada genótipo, a estatística P_i , definida em função do quadrado da distância entre o genótipo i e

a resposta máxima observada entre todos os genótipos no ambiente j

$$\left(P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n} \right). \text{ Desse modo, o genótipo ideal será aquele que apresentar a menor}$$

estimativa de P_i , ou seja, aquele que possui o melhor desempenho no maior número de ambientes possível.

Carneiro (1998) propôs algumas alternativas às metodologias de Lin e Binns (1988) e Hernandez et al. (1993), tornando-as mais apropriadas aos estudos da adaptabilidade e estabilidade. Nessas novas alternativas, a estatística P_i permite identificar um genótipo ideal conforme a definição de Verma et al. (1978), além de estimar o parâmetro MAEC (Medida de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento).

Carneiro (1998) apresentou os métodos: diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (C.V.) – multivariado e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (C.V.) – multivariado. Segundo o referido autor, essas metodologias permitem que dados como avaliação de doenças, cujos julgamentos são notas, ou altura de plantas, cujo valor é fixo, sejam avaliados em conjunto com outras variáveis de interesse econômico.

A indicação de cultivares baseando-se em apenas um caráter pode não ser a melhor opção, pois o valor do genótipo é estreitamente relacionado por várias características. Assim, ao decidirem quais são os melhores, tanto como genitores quanto para recomendação de cultivares, é racional que o profissional leve em consideração essas características, as quais podem não ter o mesmo peso econômico, mas agregam valores àquele genótipo (MURAKAMI, 2001).

Segundo Carneiro (1998), o parâmetro MAEC apresenta algumas vantagens em relação aos parâmetros dos outros métodos, ou seja: maior facilidade de interpretação dos resultados; a recomendação é feita particularizando grupos de ambientes favoráveis e desfavoráveis; a definição de um referencial, em substituição aos pontos ótimos extremos de Lin e Binns (1988), confere uma aplicação mais ampla à estimativa do parâmetro MAEC, pois contempla o perfil de genótipo desejado pelos melhoristas, qual seja: a) produtividade alta e constante em ambientes desfavoráveis, mas com capacidade de resposta à melhoria das condições ambientais, para caracteres como produtividade de grãos; b) os menores valores possíveis, para variáveis como notas atribuídas a doenças;

e c) valores em torno de referencial fixo, para caracteres como altura de planta; evita ou minimiza os valores máximos, mínimos ou fixos obtidos em condições experimentais, em que a precisão experimental é relativamente inferior à dos demais ensaios; quando estimados pelos métodos do trapézio, contempla a dissimilaridade entre os locais, de modo que ambientes similares têm menor influência na determinação da superioridade do genótipo do que os dissimilares; e permite o uso de análises multivariadas.

Huehn (1990) desenvolveu uma metodologia não-paramétrica, para avaliar a estabilidade fenotípica dos genótipos, baseada em “ranks”. Os genótipos são ranqueados nos vários ambientes de acordo com os dados originais ou de acordo com os efeitos da interação \hat{GA}_{ij} ($\hat{GA}_{ij} = Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..}$). É importante salientar que, nos efeitos de interação, a melhor classificação (nº 1) será do genótipo que apresentar menor valor de \hat{GA}_{ij} . Nessa metodologia, um genótipo terá estabilidade máxima, em relação a um número arbitrário de ambientes se os “ranks”, apresentados pelos dados originais ou pelos efeitos de interação, mantiveram-se constantes em todos os ambientes. A medida de estabilidade do material é avaliada pelas estatísticas S_1 , S_2 e S_3 ; quanto mais próximas de zero, mais estável é o genótipo.

Annicchiarico (1992) estabeleceu um índice de confiança como medida da estabilidade do genótipo. Nesse método, as médias dos genótipos em cada ambiente são previamente transformadas em porcentual da média do ambiente, conforme a expressão:

$$Z_{ij} = \frac{100\bar{Y}_{ij}}{\bar{Y}_j}, \text{ em que } \bar{Y}_{ij} \text{ é a média do genótipo } i \text{ no ambiente } j \text{ e } \bar{Y}_j \text{ é a média do}$$

ambiente j . De posse desses valores, calcula-se um índice de confiança para cada genótipo utilizando a fórmula $I_j = \bar{Y}_i - Z_{(1-\alpha)}\hat{\sigma}_i$, sendo I_j o índice de confiança do

genótipo i ; \bar{Y}_i , a média do genótipo considerando todos os ambientes, $\bar{Y}_i = \frac{\sum_{j=1}^a Z_{ij}}{a}$;

$Z_{(1-\alpha)}$, o valor da distribuição normal standardizada, no qual a função de distribuição acumulada atinge o valor $1 - \alpha$, com nível de significância pré-fixado pelo autor em 0,25; e $\hat{\sigma}_i$, o desvio-padrão dos valores Z_{ij} . O genótipo mais estável será aquele que apresentar maior índice.

Schmidt (2000) propôs modificação no método de Annicchiarico (1992), através da decomposição do índice I_j em ambientes favoráveis (I_{jf}) e desfavoráveis (I_{jd}). As estatísticas seriam: $I_{jf} = \bar{Y}_{if} - Z_{(1-\alpha)}\hat{\sigma}_{if}$ e $I_{jd} = \bar{Y}_{id} - Z_{(1-\alpha)}\hat{\sigma}_{id}$.

Murakami (2001) propôs a análise de fatores como uma alternativa auxiliar na estratificação de ambientes e na análise da adaptabilidade. A análise de fatores é uma técnica multivariada que permite reduzir um número elevado de variáveis originais observadas em um pequeno número de variáveis abstratas, os fatores. As variáveis são agrupadas por meio de suas correlações, e as que caracterizam determinado fator estão fortemente correlacionadas entre si, mas fracamente em outro fator. A indicação dos genótipos é específica aos subgrupos de ambientes estabelecidos pelos fatores plotados no gráfico, não considerando apenas ambientes favoráveis e desfavoráveis, pois os ambientes são agrupados por similaridade de classificação dos genótipos. A recomendação dos genótipos, direcionada a cada região, dependerá do potencial produtivo destes, geralmente comparado com a variedade-padrão de cada local.

A plotagem dos escores dos fatores em um plano bidimensional permite inferências sobre a adaptabilidade dos genótipos. Em situações em que apenas dois fatores sejam suficientes para explicar mais de 80% da variação total, os escores dos genótipos, relativos aos dois fatores, são plotados de modo a estabelecer quatro quadrantes (Gráfico 1). No quadrante I estão situados aqueles genótipos de adaptabilidade ampla; nos quadrantes II e IV, genótipos com adaptabilidade específica às sub-regiões determinada pelo fator; e aqueles localizados no quadrante III, genótipos ruins, de baixo desempenho e passíveis de descarte ou de não indicação para cultivo. Nos casos em que há mais de duas sub-regiões, tem-se o número de gráficos correspondente à combinação de n ambientes, tomadas duas a duas, e, quando a análise de fatores agrupa todos os ambientes num único fator, a análise direta dos escores fornece condições para identificar quais genótipos estão apresentando baixa adaptabilidade (escores inferiores à média geral dos escores) ou alta adaptabilidade (escores superiores à média geral dos escores).

O modelo AMMI, modelo de efeitos aditivos e interação multiplicativa (MANDEL, 1971; ZOBEL et al., 1988; VAN EEUWIJK, 1995), é uma técnica de análise multivariada que tem fornecido uma valiosa contribuição para o entendimento da interação genótipos x ambientes. Esse modelo baseia-se inicialmente em estimar os efeitos médios aditivos de genótipos e de ambientes através de uma análise de variância comum e, posteriormente, calcular os efeitos multiplicativos para a interação genótipos x ambientes pela análise de componentes principais (ARIAS, 1996).

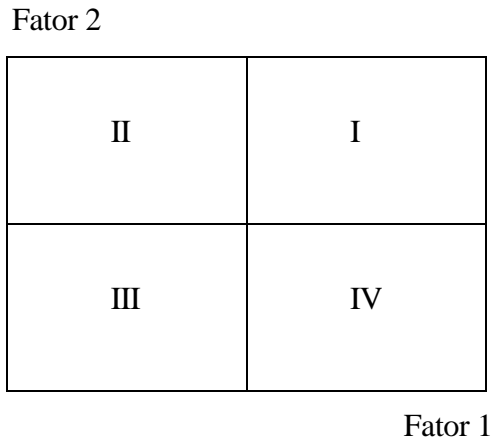


Gráfico 1 – Esquema da disposição dos quadrantes no gráfico bidimensional.

Segundo esse autor, quando o primeiro componente principal (CP1) explica a maior parte da variação da interação, em torno de 80%, a metodologia permite importantes inferências biológicas. Para análise de estabilidade, os valores estimados da variável e dos escores CP, tanto nos genótipos quanto nos ambientes, são plotados em um gráfico. Os ambientes ou genótipos próximos da origem contribuem pouco com a interação e são mais estáveis. Outro aspecto importante na análise desse gráfico diz respeito ao sinal do escore, ou seja, se o ambiente e o genótipo possuem mesmo sinal, eles interagem positivamente, mas, se os sinais diferem entre si, a interação é negativa.

Freqüentemente, a seleção de clones de melhor adaptabilidade e estabilidade tem sido feita empregando-se conjuntamente algumas metodologias que proporcionam informações complementares. Algumas delas são de aplicação mais fácil devido à menor exigência de cálculos empregando-se recursos computacionais, enquanto nas estimativas de outros parâmetros o auxílio de computadores torna-se indispensável.

2.5.1. Estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar

No Brasil, alguns programas têm aplicado métodos de estabilidade fenotípica, especialmente aqueles que envolvem o uso da regressão, na avaliação de clones e cultivares de cana-de-açúcar (BASSINELLO, 1984; PEIXOTO et al., 1986; BARBOSA, 1992; BARBOSA, 1993; BRAGA JÚNIOR, 1994; CALHEIROS; BARBOSA, 1996; RAIZER, 1998).

Pires (1981) avaliou a estabilidade da produção de colmos em seis variedades de cana-de-açúcar, de acordo com o modelo de Eberhart e Russell (1966). Para realização desses estudos foram utilizados 29 experimentos instalados em sete locais, distribuídos pelas regiões canavieiras dos Estados de Pernambuco e Rio Grande do Norte. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro repetições, e o tamanho das parcelas foi de seis sulcos de 11 m, espaçados 1,4 m. Os tratos culturais foram feitos de acordo com o uso de cada local. Através da colheita dos quatro sulcos centrais, obteve-se a produção de colmos por parcela, que, posteriormente, foi transformada para toneladas de cana por hectare. Esses dados foram obtidos para dois cortes. A análise conjunta dos 29 experimentos, considerando cada corte separadamente, revelou significância dos quadrados médios para variedades, experimentos e interação variedades x experimentos. Para avaliar os efeitos de cortes e suas interações, considerou-se o delineamento de parcelas subdivididas no tempo com variedades na parcela e corte na subparcela. Dessa análise, concluiu-se que os cortes também devem ser considerados no estudo de estabilidade, pois houve significância dos quadrados médios em cortes e em todas as suas interações. As análises de estabilidade referentes aos 29 ambientes do primeiro corte, aos 29 ambientes do segundo corte e aos 58 ambientes de ambos os cortes revelaram-se similares nas informações, pois em todas elas houve significância a 1% de probabilidade, em todas as fontes de variações (variedades, ambientes dentro de variedades, ambiente linear, interação ambiente linear x variedades e desvios da regressão). Os efeitos lineares foram muito superiores aos efeitos não-lineares, indicando que a maior parte da variação de ambientes dentro de variedades é explicada pela regressão linear simples. A significância da interação ambiente linear x variedades e dos desvios combinados da regressão revelou a existência de diferenças genotípicas entre as variedades com relação aos seus comportamentos lineares diante das variações ambientais e diferenças quanto à predição de seus comportamentos em ambientes particulares. A decomposição dos efeitos de ambientes dentro de variedades em efeitos lineares e não-lineares, para cada variedade, também apresentou significância estatística em todas as variâncias, com predominância dos efeitos lineares sobre os não-lineares.

Uma questão importante em cana-de-açúcar é determinar o número de cortes que fornece uma estimativa precisa da estabilidade dos genótipos. Esse tipo de estudo também foi realizado por Pires (1981), que comparou a estabilidade de genótipos de cana-de-açúcar estimada para o primeiro corte com a estabilidade estimada para o

segundo. Esse autor concluiu, através dos valores obtidos pelo quociente entre a variância dos efeitos lineares e a variância dos efeitos não-lineares, que o segundo corte tende a ser mais estável. Os coeficientes de regressão de um corte para outro também não apresentaram a mesma ordenação, e os coeficientes de determinação confirmaram maior predominância dos efeitos lineares no segundo corte. Tais resultados indicam que o estudo de vários ambientes em apenas um corte não fornece uma avaliação segura da estabilidade fenotípica das variedades de cana-de-açúcar, sendo a estabilidade mais bem avaliada quando se considera mais de um corte.

Viana (1990) também utilizou a metodologia de Eberhar e Russel (1966) para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 20 clones de cana-de-açúcar conduzidos em quatro experimentos instalados em usinas cooperadas ao Núcleo de Absorção e Transferência de Tecnologia (NATT) do Estado de Alagoas. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições e parcelas de cinco sulcos de 6 m. Em cada experimento, efetuaram-se três cortes. As características avaliadas em cada corte (cana-planta, cana-soca e rессoca) foram: pol % cana, toneladas de cana por hectare e toneladas de pol por hectare. Os testes de significância, para cada corte, rejeitaram as hipóteses de nulidade referentes aos efeitos dos clones, da variância dos efeitos ambientais e da variância dos efeitos de interação clone x ambiente. Entretanto, a interação ambiente linear x clone não foi rejeitada, indicando não haver diferenças genotípicas entre os materiais avaliados, quanto às respostas às variações ambientais. Mas, segundo esse mesmo autor, tais resultados podem ser atribuídos ao fato de que o teste proposto por Eberhat e Russel (1966) é apenas aproximado. A análise do padrão relativo de respostas dos clones às variações ambientais e aos seus graus relativos de estabilidade ou previsibilidade revelou grande variação nos graus de estabilidade dos clones, entre cortes, com relação a uma mesma característica, e entre características, no que se refere a um mesmo corte. Em geral, com algumas exceções, independentemente do caráter e corte considerados, os clones se mostram capazes de responder às melhorias ambientais, em menor ou maior grau. O padrão de adaptabilidade geral esteve associado a desempenhos médios variáveis, de baixo a superiores.

Cinco novas variedades de cana-de-açúcar foram avaliadas por Raizer e Vencovsky (1999), quanto ao nível de produtividade, estabilidade e adaptação, mediante a metodologia de Silva e Barreto (1985). Os dados foram comparados com a variedade-padrão RB72454. Os ensaios corresponderam à última fase de experimentação do Programa de Melhoramento da Copersucar, também denominado

Ensaio de Caracterização 92, 93 e 94, de acordo com o ano de plantio (1992 a 1994). Um total de 22 usinas, com características particulares de clima e solo fizeram parte dos estudos. As operações de preparo do solo, calagem, adubação, plantio e tratamentos culturais foram realizadas de acordo com a recomendação de cada usina.

Os ensaios foram instalados no delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições. A parcela útil foi constituída por cinco sulcos de 10 m, com espaçamento de 1,10 a 1,50 m, variando de acordo com a usina. Foram obtidos e analisados os dados das colheitas de primeiro e segundo cortes (cana-planta e cana-soca). Os caracteres analisados foram: produtividade de colmos, teor de sacarose dos colmos e produtividade de sacarose. A produtividade de sacarose, medida em toneladas de açúcar por hectare, foi estimada considerando cinco cortes (TAH5), segundo Braga Júnior (1994), e utilizada na análise de adaptabilidade e estabilidade. Em cinco anos de experimentação foram conduzidos 43 ensaios, num total de 14, 16 e 13 ensaios de caracterização, nos anos de plantio de 1992, 1993 e 1994, respectivamente.

Os procedimentos das análises individuais e conjuntas seguiram o recomendado por Cruz e Regazzi (1994). Procedida cada análise de variância individual, com verificação da variabilidade entre os genótipos avaliados, realizou-se a análise de variância conjunta em cada grupo de ensaios, observando-se alta significância dos efeitos genéticos e ambientais. O comportamento diferenciado das variedades, em função dos locais de experimentação, caracterizado pela alta significância da interação genótipos x locais, justificou os estudos de adaptabilidade e estabilidade.

Em vários casos, os parâmetros das regressões foram significativos, demonstrando associação entre a produtividade das variedades e a capacidade produtiva do ambiente. Pela baixa dispersão apresentada por grande parte dos dados, o ajuste das equações foi muito bom, confirmando a eficiência da metodologia. O maior destaque foi para a variedade SP80-185, pois se mostrou estável nos piores ambientes e responsiva nos melhores, sendo a mais indicada como padrão de estabilidade para futuros ensaios.

Lavorenti e Matsuoka (2001) propuseram analisar a estabilidade de cultivares de cana-de-açúcar, através da combinação de métodos paramétricos e não-paramétricos. O método paramétrico utilizado foi baseado num intervalo de confiança, no nível de 95%, utilizando a média de cada ambiente mais ou menos duas vezes o erro-padrão da média. Já o método não-paramétrico baseou-se na metodologia de Huenh (1990), modificada por Fox et al. (1990).

As análises abrangeram três grupos de genótipos de cana-de-açúcar, de acordo com suas características de maturação, isto é, precoces, médias e tardias. Os experimentos foram instalados entre março e abril de 1994, em cinco propriedades da região oeste do Estado de São Paulo, onde foram colhidos sucessivamente por três safras. Somente foram considerados nas análises os genótipos de cada época de maturação que estavam presentes em todos os 14 ambientes. A variável toneladas de pol por hectare (TPH) foi utilizada nos procedimentos estatísticos. Na combinação dos dois métodos estatísticos, os cultivares precoces recomendados foram RB835486 e RB855035, sendo o cultivar RB835486 também recomendado dentre aqueles de maturação média. Já no grupo dos cultivares tardios não foram observados cultivares que satisfizessem os dois métodos propostos. Houve somente indicações de alguns cultivares denominados potencialmente selecionáveis. Assim, na combinação dos dois métodos, os cultivares que potencialmente atenderiam às exigências da região seriam o RB72454 e o RB845257. Diante dos resultados, os referidos autores concluíram que os métodos utilizados, além de simples, permitiram indicar os melhores cultivares para aquela região e para cada época de colheita e confirmaram, através de modelos probabilísticos, as recomendações anteriormente realizadas pelos melhoristas.

Segundo Erazzù et al. (1996), vários autores têm apontado limitações na utilização da análise de regressão linear para avaliar as respostas dos genótipos diante das variações ambientais. E um dos problemas causados pela aproximação da regressão linear é a modificação das estimativas dos parâmetros de estabilidade, quando se eliminam das análises os genótipos ou ambientes extremos. Realizaram estudos de simulação empregando os métodos de Verma et al. (1978) e Westcott (1987), visando avaliar: a capacidade deles em detectar genótipos estáveis; a consistência dos resultados quando se eliminam ambientes de baixo e alto rendimento; e a confiabilidade das estimativas dos parâmetros de estabilidade, baseados em subgrupos de genótipos. Um total de 16 clones, incluindo quatro variedades comerciais, foi avaliado quanto à produção de açúcar por parcela (kg de açúcar/48 m²). Os cortes efetuados nos anos de 1992 até 1994, em seis regiões representativas da área canavieira de Tucumán, foram considerados como ambientes (totalizando 16 ambientes). O experimento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. Através das estimativas dos índices ambientais foi possível agrupar seis ambientes como sendo desfavoráveis e 10 como favoráveis. As análises estatísticas seguiram os seguintes passos, sempre utilizando o método de regressão (VERMA et al., 1978) e o método de coordenadas principais

(WESTCOTT, 1987): a) análises de estabilidade nos 10 ambientes favoráveis e nos seis ambientes desfavoráveis; b) análises de estabilidade em nove ambientes favoráveis e cinco desfavoráveis – nesse caso, eliminaram-se os extremos; e c) análises de estabilidade num subgrupo de oito genótipos. Diante dessas análises, os referidos autores concluíram que o método de coordenadas principais apresentou maior consistência na determinação de genótipos estáveis, quando se excluem ambientes extremos e se consideram subgrupos de genótipos.

Uma crítica que se faz às metodologias de avaliação da estabilidade dos genótipos, baseadas em regressão linear, é a não-independência entre as variáveis do modelo. Tal fato é uma consequência da utilização dos dados dos próprios genótipos na obtenção dos índices ambientais. Esse processo como tal viola os princípios básicos da análise de regressão (ROSSE et al., 2002). Uma alternativa para eliminar esse problema seria utilizar outro índice ambiental que não fosse a média dos cultivares.

Dentro desse contexto, Pereira et al. (1992) realizaram um estudo em que se utiliza, como índice ambiental, o desempenho da testemunha e também compara os resultados da aplicação dessa metodologia com o processo tradicional de obtenção dos índices. Neste trabalho, o índice é obtido através de uma variável independente fornecida pela média dos vários ambientes de um cultivar utilizado como testemunha a partir da expressão $X_j = Y_{tj} - Y_t/n$, em que X_j representa o índice ambiental obtido pela média da testemunha no j-ésimo ambiente. Numa primeira análise, utilizaram-se 10 cultivares de feijão, avaliados em 16 ambientes, as quais envolveram dois anos (1989 e 1990), duas safras (seca e inverno) e duas épocas de semeadura (fevereiro e março na seca e julho e agosto no inverno). Numa segunda análise, empregaram-se 18 cultivares de feijão, avaliados em 11 ambientes envolvendo três safras comuns. O cultivar utilizado como testemunha nas duas análises foi Carioca e a variável analisada, a produção de feijão por parcela (g/parcela). Vale salientar que, nessa metodologia proposta, a interpretação é a mesma, exceto que a referência passa a ser a testemunha. Pelo método de Cruz et al. (1989), os referidos autores concluíram que a utilização de uma testemunha, como índice ambiental, possibilitou melhor discriminação entre os materiais; contudo, o ajustamento dos dados à reta de regressão foi inferior ao método tradicional.

2.6. Estabilidade genotípica

Segundo Resende, M.D.V. de (comunicação pessoal), a análise da estabilidade genotípica tem sido realizada desde 1994 pela Aracruz Celulose. E, sendo uma técnica recente, nesses anos de aplicação o pesquisador desconhece qualquer referência que tenha feito tal análise.

Essa técnica consiste em fazer a análise de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos (genitor, clone, família, indivíduos), utilizando-se os valores genéticos preditos, ao contrário da análise convencional, que utiliza os valores fenotípicos. Daí o termo estabilidade genotípica ou genética.

Resende (2002) descreveu o método de Wricke (1965) como aquele utilizado para realizar tal análise. Segundo esse autor, a metodologia apresentada permite uma descrição contínua (por meio das contribuições porcentuais) da estabilidade genética dos materiais, fornecendo uma distribuição coerente com a natureza quantitativa do caráter estabilidade. Adicionalmente, permite uma classificação discreta dos genótipos em estáveis e não-estáveis, empregando-se para isso uma distribuição F com $(\lambda - 1)$ e $(g - 2)(\lambda - 1)$ graus de liberdade.

Essa estatística F, apresentada por Lisboa Júnior (1991), citado por Resende (2002), compara a contribuição ω_i de cada genótipo para a interação com o remanescente da interação.

O estimador de \hat{U}_i é dado por:

$$\omega_i = r \sum_j \hat{G}A_{ij}^2 = r \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j - \bar{Y}_{..})^2$$
, em que Y_{ij} = média do genótipo i no ambiente j , \bar{Y}_i = média do genótipo i , \bar{Y}_j = média do ambiente j e $\bar{Y}_{..}$ = média geral.

Assim,

$$F_i = \frac{QM\hat{u}_i}{QMR} = \frac{(g-2)g\hat{u}_i}{(g-1)\sum_i \hat{u}_i - g\hat{u}_i} \sim F[(\lambda-1), (g-2)(\lambda-2)]$$
, em que g e λ são o número

de genótipos e locais avaliados, respectivamente.

$$QM\hat{u}_i = \frac{\left(\frac{g\hat{u}_i}{g-1}\right)}{(\lambda-1)}$$
: quadrado médio da ecovalência do genótipo i

$$\text{QMR} = \frac{\left(\sum_i \hat{u}_i - \hat{u}_i \frac{g}{g-1} \right)}{(g-2)(\lambda-1)} : \text{quadrado médio da interação remanescente}$$

Em comunicação pessoal, Resende relatou a possibilidade de se aplicarem outros métodos convencionais aos valores genotípicos. Essa tem sido uma das propostas deste estudo, ou seja, avaliar a repetibilidade dos parâmetros de estabilidade genotípica utilizando diferentes métodos convencionais.

3. MATERIAL E MÉTODOS

As áreas experimentais selecionadas para este estudo são representativas das principais regiões produtoras de cana-de-açúcar do Estado de Minas Gerais, conforme o trabalho de Koffler et al. (1988). Os experimentos de competição de clones e cultivares foram conduzidos nas seguintes unidades:

Ambientes	Empresas	Municípios	Região em Minas Gerais
1- AGR	Destilaria Agropéu	Pompeu	Centro-oeste
2- ATE	Destilaria Atenas	São Pedro dos Ferros	Zona da Mata
3- DAB	Destilaria Alvorada do Bebedouro	Guaranésia	Sul de Minas
4- DWD	Destilaria W.D.	João Pinheiro	Centro-oeste
5- UAP	Usina Passos	Passos	Sul de Minas
6- UJA	Usina Jatiboca	Urucânia	Zona da Mata
7- UTR	Usina Triálcool	Canápolis	Triângulo Mineiro

Cada empresa onde se instalaram os experimentos foi denominada ambiente, totalizando, assim, sete ambientes para estudos da estabilidade e adaptabilidade genotípica.

Como tratamentos regulares, utilizaram-se 70 clones desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de Viçosa, no Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-Açúcar – CECA, localizado em Oratórios, MG. O material correspondeu aos clones da fase III de ensaios de clones. Na Tabela 1, encontra-se a relação desses clones e dos dois cultivares empregados como testemunhas.

Tabela 1 – Relação dos clones e cultivares utilizados nos experimentos, bem como dos genitores que lhes deram origem

CLONES	GENITORES
RB72454 ^{1/}	CP53-76 x ?
RB835486 ^{1/}	L60-14 x ?
RB845210	RB72454 x SP70-1143
RB855595	SP70-1143 x TUC71-7
RB867515	RB72454 x ?
RB896391	RB785554 x ?
RB896406	RB72454 x ?
RB928064	SP70-1143 x ?
RB928168	SP70-1078 x ?
RB937553	SP70-1143 x RB72454
RB937568	SP70-1143 x RB72454
RB937570	SP70-1143 x RB72454
RB937638	SP71-1406 x RB72454
RB947501	SP71-1406 x RB72454
RB947506	RB765418 x RB72454
RB947519	RB72454 x SP70-1143
RB947520	RB72454 x SP70-1143
RB947532	RB72454 x SP70-1143
RB947547	RB72454 x SP71-1406
RB947565	RB72454 x SP71-1406
RB947568	RB72454 x SP71-1406
RB947575	RB765418 x RB72454
RB947577	RB765418 x RB72454
RB947583	RB72454 x SP71-1406
RB947596	RB72454 x ?
RB947603	RB72454 x SP70-1143
RB947609	RB765418 x RB72454
RB947624	RB765418 x RB72454
RB947625	RB765418 x RB72454
RB947639	RB72454 x SP71-1406
RB947643	RB72454 x SP71-1406
RB947645	RB72454 x SP71-1406
RB947648	RB72454 x SP71-1406
RB947649	RB72454 x SP71-1406
RB947653	SP70-1143 x RB765418
RB947656	SP70-1143 x RB765418
RB947663	RB72454 x SP70-1143
RB947677	SP71-1406 x RB72454
RB947679	SP71-1406 x RB72454
RB957508	SP71-6949 x ?
RB957509	SP71-6949 x ?
RB957539	RB72454 x SP71-6163
RB957544	RB83102 x ?
RB957546	RB83102 x ?
RB957554	RB83102 x ?
RB957569	RB739359 x ?
RB957575	RB739359 x ?
RB957576	RB739359 x ?
RB957610	RB83102 x ?
RB957612	RB83102 x ?
RB957615	RB83102 x ?
RB957638	SP70-3370 x ?
RB957649	RB855511 x ?
RB957689	RB751194 x RB83102
RB957695	RB751194 x RB83102
RB957697	RB751194 x RB83102
RB957712	RB751194 x RB83102
RB957743	RB72454 x SP71-6163
RB957751	RB72454 x SP79-1011
RB967505	SP79-1011 x RB855036
RB967510	SP70-1143 x RB72454
RB967561	RB72454 x SP79-2313
RB967585	RB72454 x SP70-1143
RB967589	RB72454 x SP70-1143
RB967590	SP79-1011 x RB855036
RB967603	RB72454 x SP80-1520
RB967623	CP56-3374 x ?
RB967672	RB865515 x ?
RB977509	SP80-1842 x ?
SP85-3877	H39-3633 x SP72-1861
SP86-42	SP70-1143 x ?
SP87-365	SP77-3067 x ?

^{1/} Cultivares utilizados como padrões ou testemunhas.

As mudas de cana foram oriundas dos campos de multiplicação instalados no ano 2000, nas referidas empresas. No plantio foi empregado o procedimento convencional com toletes de três ou quatro gemas, obtendo-se densidade de 18 gemas por metro linear de sulco. Os experimentos foram implantados em fevereiro e março de 2001, caracterizando o plantio de cana de ano e meio. O delineamento empregado foi o de blocos aumentados (DBA) com cinco blocos. Em cada local foram instalados, lado a lado, dois experimentos em DBA com os mesmos clones e variedades-padrão. As parcelas foram de dois sulcos de 5 m de comprimento cada, sem bordaduras. Empregaram-se bordaduras somente ao redor dos experimentos. Os tratamentos comuns foram as variedades comerciais RB72454 e RB835486. O espaçamento entre linhas foi de 1,40 m. Os tratamentos culturais de cana-planta e soca foram executados de acordo com o usual em cada usina. É importante salientar que os tratamentos foram dispostos aleatoriamente nos blocos, e cada bloco foi composto por duas testemunhas e 14 clones, totalizando 16 tratamentos por bloco.

As avaliações foram realizadas em cana-planta e soca durante os anos de 2002 e 2003, respectivamente. A colheita manual foi realizada aos 17 meses no primeiro corte e aos 12 meses no segundo.

Os procedimentos realizados durante a coleta dos dados foram:

- 1 - Três leituras de Brix em diferentes colmos, com a amostragem feita no 5º entrenó, a contar da base para o ápice utilizando o refratômetro manual.
- 2 - Contagem do número total de colmos por sulco.
- 3 - Amostragem aleatória e pesagem de 10 colmos por sulco, por meio de dinamômetro, desprezando-se os ponteiros.

Através das três leituras de Brix, obteve-se a variável Brix médio por parcela; o peso de 10 colmos por sulco também foi transformado em peso médio do colmo. Do número total de colmos e peso de 10 colmos por sulcos, obteve-se o peso total de colmos por parcela. Foi também estimada a tonelada de cana por hectare (TCH), utilizando-se a seguinte expressão: $(\text{peso total da parcela} \times 10)/14$, em que 14 é a área útil da parcela, em m^2 . A tonelada de Brix por hectare (TBH) foi obtida pela equação $(\text{TCH} \times \text{Brix médio})/100$.

Ao todo foram analisadas cinco variáveis: Brix médio por parcela (Brix), em graus Brix; número de colmos por parcela (NC); peso médio do colmo (PMC), em quilos por parcela; toneladas de Brix por hectare (TBH); e toneladas de canas por hectare (TCH).

3.1. Análises estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas pelo procedimento REML/BLUP, em que os componentes de variância são estimados pela máxima verossimilhança restrita (REML), sendo os valores genotípicos preditos pela melhor predição linear não-viciada (BLUP).

Todos os dados amostrados foram padronizados no nível de repetição (experimento) por ambiente. Em geral, é sempre recomendável a padronização quando se lida com dados de vários experimentos ou de diferentes idades ou safras, a menos que se utilize o modelo multivariado (RESENDE, 2002). A fórmula empregada foi: Média do experimento + (dado bruto – média do experimento) x DPFM/DPFE, sendo DPFM o desvio-padrão fenotípico médio de todos os experimentos e DPFE, o desvio-padrão fenotípico do experimento. Feita a padronização dos dados, procedeu-se às análises para obtenção dos valores genotípicos, sendo estes obtidos pela análise individual e conjunta, utilizando os modelos 16 (avaliação de clones no delineamento em blocos aumentados ou látice, no nível de médias ou total por parcela) e 11 (avaliação de clones no delineamento em blocos aumentados ou látice, no nível de médias ou total por parcela, em vários ambientes), respectivamente, fornecidos pelo “software” Selegen-REML/BLUP (RESENDE et al., 1994; RESENDE; OLIVEIRA, 1997).

A escolha dos modelos 11 e 16 se deve ao fato de que eles são adequados para qualquer delineamento de blocos incompletos, incluindo desbalanceamentos e não ortogonalidade. Como as repetições são completas, estas foram ajustadas como efeitos fixos, não sendo necessário tratar as testemunhas como tal, ou seja, tanto os tratamentos regulares quanto os comuns foram tomados como sendo uma única população de clones, considerando todos como aleatórios. Mesmo assim, as testemunhas desempenharam o seu papel e ajudaram na recuperação da informação genética interblocos incompletos.

O “software” Selegen foi desenvolvido em 1994 para servir de base ao melhoramento genético de plantas perenes, podendo ser utilizado para a seleção genética de quaisquer indivíduos pertencentes a espécies florestais e espécies frutíferas. O sistema está fundamentado em algoritmos, que maximizam a eficiência da seleção em diferentes situações experimentais. Possui cerca de 50 métodos de seleção, univariados e multivariados, o que viabiliza, de acordo com os objetivos da seleção, um máximo aproveitamento das diversas variáveis avaliadas nos indivíduos. A seleção é baseada nos

valores genéticos (para a propagação sexuada) e genotípicos (para a propagação assexuada) preditos de cada indivíduo. Pode ser aplicado em espécies alógamas ou autógamias, e com sistema reprodutivo misto, desde que se conheça a taxa de autofecundação (RESENDE, 2002).

3.1.1. Modelos mistos

Modelo 16: avaliação de clones no delineamento em blocos aumentados ou látice, no nível de médias ou total por parcela

Modelo linear misto

$y = Xr + Zg + Wb + e$, em que y , r , g , b e e são vetores de dados, de efeitos fixos (repetições ou experimentos), de efeitos genotípicos de clones (aleatórios), de efeitos de blocos (aleatórios) e de erros aleatórios, respectivamente. X , Z e W são matrizes de incidência para r , g e b , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad \text{Var} \begin{bmatrix} g \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_b^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\ddot{e}_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\ddot{e}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

$$\text{em que: } \ddot{e}_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - b^2}{h_g^2}; \quad \ddot{e}_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h_g^2 - b^2}{b^2}$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2}: \text{herdabilidade individual no sentido amplo no bloco.}$$

$$b^2 = \sigma_b^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2): \text{correlação devida ao ambiente comum do bloco.}$$

$$\sigma_g^2: \text{variância genotípica entre clones.}$$

$\hat{\sigma}_b^2$: variância ambiental entre blocos.

$\hat{\sigma}_e^2$: variância residual.

Estimadores iterativos de componentes de variância por REML via algoritmo EM

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}'X'y - \hat{g}'Z'y - \hat{b}'W'y]/[N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{ tr } C^{22}]/q$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{ tr } C^{33}]/s$$

C^{22} , C^{33} : advêm da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

tr: operador traço matricial.

$r(x)$: posto da matriz X.

N, q, s : número total de dados, de clones e de blocos, respectivamente.

Modelo 11: avaliação de clones no delineamento em blocos aumentados ou látice, no nível de médias ou total por parcela, em vários locais

Modelo linear misto

$y = Xr + Zg + Wb + H\partial + e$, em que y , r , g , b , ∂ e e são vetores de dados, dos efeitos de repetições (fixos), de efeitos genotípicos de clones (aleatórios), dos efeitos de bloco (aleatório), dos efeitos aleatórios de interação genótipos x ambientes e de erros aleatórios, respectivamente. X, Z, W e H são matrizes de incidência para r , g , b e ∂ , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias

$$y|r, V \sim N(Xr, V)$$

$$g|\hat{\sigma}_g^2 \sim N(0, I \hat{\sigma}_g^2)$$

$$b|\hat{\sigma}_b^2 \sim N(0, I \hat{\sigma}_b^2)$$

$$\partial|\hat{\sigma}_\partial^2 \sim N(0, I \hat{\sigma}_\partial^2)$$

$$e|\hat{\sigma}_e^2 \sim N(0, I \hat{\sigma}_e^2)$$

As co-variâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo são consideradas nulas.

Assim:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ \partial \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ \partial \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WB & HC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ BW' & 0 & C & 0 & 0 \\ CH' & 0 & 0 & B & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

em que

$$G = \sigma_g^2;$$

$$B = I \sigma_b^2;$$

$$C = I \sigma_\partial^2;$$

$$R = I \sigma_e^2; e$$

$$V = Z\sigma_g^2 Z' + W I \sigma_b^2 W' + H' I \sigma_\partial^2 H + I \sigma_e^2 = ZGZ' + WBW' + HCH' + R.$$

Equações de modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W & X'H \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\ddot{e}_1 & Z'W & Z'H \\ W'X & W'Z & W'W + I\ddot{e}_2 & W'H \\ H'X & H'Z & H'W & H'H + I\ddot{e}_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \\ \hat{\partial} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \\ H'y \end{bmatrix}, \text{ em que:}$$

$$\ddot{e}_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h^2 - b^2 - \partial^2}{h^2}; \quad \ddot{e}_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h^2 - b^2 - \partial^2}{b^2} \quad \ddot{e}_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\partial^2} = \frac{1 - h^2 - b^2 - \partial^2}{\partial^2}$$

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2 + \sigma_\partial^2} : \text{herdabilidade individual no sentido restrito, na repetição.}$$

$$b^2 = \sigma_b^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2 + \sigma_\partial^2) : \text{correlação devida ao ambiente comum do bloco.}$$

$$\partial^2 = \sigma_\partial^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2 + \sigma_\partial^2) : \text{proporção da variância fenotípica total explicada pela interação genótipos x ambiente.}$$

σ_g^2 : variância genotípica entre clones.

σ_b^2 : variância ambiental entre blocos.

σ_∂^2 : variância da interação genótipos x ambientes.

σ_e^2 : variância residual.

Estimadores iterativos dos componentes de variância por REML, via algoritmo EM

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{r}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{b}' W'y - \hat{\delta}' H'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{22})] / q$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{33})] / s, \text{ em que:}$$

$\hat{\sigma}_\delta^2 = [\hat{\delta}'\hat{\delta} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr}(C^{44})] / \zeta$, em que C^{22} , C^{33} e C^{44} advêm da inversa da matriz dos coeficientes das equações de modelo misto.

tr : operador traço matricial.

r(x) : posto da matriz X.

N, q, s, η : número total de dados, de clones, de blocos e combinações clone x ambiente, respectivamente.

3.1.2. Modelos estatísticos do delineamento

Análise individual – Modelo 16

Um arquivo de dados, envolvendo todos os ambientes e experimentos, foi gerado. A partir deste foram extraídos todos os demais arquivos utilizados nas análises individuais e conjuntas. O arquivo apresentou a seguinte seqüência de colunas:

Indivíduo	Tratamento	Experimento ou repetição	Bloco	Árvore	Variáveis
1	Y ₁₁₁	1	1	1	X ₁₁₁
2	Y ₂₁₁	1	1	1	X ₂₁₁
3	Y ₃₁₁	1	1	1	X ₃₁₁
...
16	Y ₁₆₁₁	1	1	1	X ₁₆₁₁
17	Y ₁₁₂	1	2	1	X ₁₁₂
18	Y ₂₁₂	1	2	1	X ₂₁₂
19	Y ₃₁₂	1	2	1	X ₃₁₂
...
32	Y ₁₆₁₂	1	2	1	X ₁₆₁₂
33	Y ₁₁₃	1	3	1	X ₁₁₃
34	Y ₂₁₃	1	3	1	X ₂₁₃
35	Y ₃₁₃	1	3	1	X ₃₁₃
...
48	Y ₁₆₁₃	1	3	1	X ₁₆₁₃

49	Y_{114}	1	4	1	X_{114}
50	Y_{214}	1	4	1	X_{214}
51	Y_{314}	1	4	1	X_{314}
...
64	Y_{1614}	1	4	1	X_{1614}
65	Y_{115}	1	5	1	X_{115}
66	Y_{215}	1	5	1	X_{215}
67	Y_{315}	1	5	1	X_{315}
...
80	Y_{1615}	1	5	1	X_{1615}
81	Y_{126}	2	6	1	X_{126}
82	Y_{226}	2	6	1	X_{226}
83	Y_{326}	2	6	1	X_{326}
...
96	Y_{1626}	2	6	1	X_{1626}
97	Y_{127}	2	7	1	X_{127}
98	Y_{227}	2	7	1	X_{227}
99	Y_{327}	2	7	1	X_{327}
...
112	Y_{1627}	2	7	1	X_{1627}
113	Y_{128}	2	8	1	X_{128}
114	Y_{228}	2	8	1	X_{228}
115	Y_{328}	2	8	1	X_{328}
...
128	Y_{1628}	2	8	1	X_{1628}
129	Y_{129}	2	9	1	X_{129}
130	Y_{229}	2	9	1	X_{229}
131	Y_{329}	2	9	1	X_{329}
...
144	Y_{1629}	2	9	1	X_{1629}
145	Y_{1210}	2	10	1	X_{1210}
146	Y_{22310}	2	10	1	X_{2210}
147	Y_{3210}	2	10	1	X_{3210}
...
160	Y_{16210}	2	10	1	X_{16210}
161	Y_{i311}	3	11	1	X_{i311}
...
240	Y_{i315}	3	15	1	X_{i315}
...
961	Y_{i1361}	13	61	1	X_{i1361}
...
1040	Y_{i1365}	13	65	1	X_{i1365}
...
1041	Y_{i1466}	14	66	1	X_{i1466}
...
1120	Y_{i1470}	14	70	1	X_{i1470}

Verifica-se que neste arquivo de dados a numeração dos experimentos e blocos é feita em seqüência, ou seja, os experimentos 1 e 2 pertencem ao ambiente 1, os experimentos 3 e 4 pertencem ao ambiente 2, e assim sucessivamente até os experimentos 13 e 14, que pertencem ao ambiente 7. O mesmo acontece com blocos, sendo os de 1 a 5 pertencentes ao experimento 1, os de 6 a 10 pertencentes ao experimento 2, e assim sucessivamente até os blocos 61 a 65 pertencentes ao experimento 13 e os blocos 66 a 70 pertencentes ao experimento 14. A coluna de tratamentos, representada pela variável Y_{ijk} , significa tratamento i no bloco j da repetição k , sendo o tratamento $i = 1$ no bloco 1 não o mesmo tratamento $i = 1$ no bloco 2. Os valores de i variando de 1 a 16 foi somente para mostrar que em cada bloco existem 16 tratamentos. Como esse programa foi desenvolvido para o melhoramento florestal, a coluna da variável árvore (que se refere também ao número de observações por parcela) foi preenchida com o valor 1, conforme sugestão do autor do programa. A taxa de erros utilizada em todas as análises foi 0,00001.

De posse desse arquivo fica fácil proceder-se à análise por ambiente (empresas), bastando isolar as partes pertencentes a cada ambiente e salvar como arquivo prn ou txt, ou seja, texto separado por espaços, dentro da pasta do Selegen-REML/BLUP.

O modelo estatístico é dado por:

$$Y_{ijk} = \bar{\mu} + r_k + g_i + b/r_{kj} + e_{ijk}$$

em que:

$\bar{\mu}$ = média geral

Y_{ijk} = valor observado do i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco da k -ésima repetição;

r_k = efeito fixo da k -ésima repetição ($k = 1, 2$);

g_i = efeito aleatório do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, 3, \dots, t$, sendo t = tratamentos regulares + tratamentos comuns);

b/r_{kj} = efeito aleatório do j -ésimo bloco ($j = 1, 2, 3, 4, 5$) dentro da k -ésima repetição; e

e_{ijk} = resíduo.

O arquivo de resultado apresentou:

1. Componentes de variância (REML individual)

V_g = variância genotípica entre clones;

V_b = variância entre blocos;

V_e = variância residual;

V_f = variância fenotípica individual;

h^2 = herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c_b^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; e

m = média geral do experimento.

2. Componentes de média (BLUP individual)

Neste item, o programa fornece, dentre outros, a ordem dos clones a serem selecionados, os valores genotípicos ($u + g$) e o ganho genético da população melhorada.

Análise conjunta – Modelo 11

Feitas as análises individuais, avaliou-se a homogeneidade das variâncias visando verificar a possibilidade de realizar a análise conjunta dos ambientes. O teste utilizado foi o F máximo, dado por:

$$F = \frac{\text{maior QMR}}{\text{menor QMR}}$$

O critério adotado, a fim de se proceder à análise conjunta, foi o de reunir em um mesmo grupo os ambientes cujos quadrados médios residuais não ultrapassem a relação aproximada de 7:1.

O arquivo utilizado nesta análise é semelhante ao apresentado no item 4.1.1, com a exceção de que a coluna interação foi inserida entre as colunas bloco e árvore. A coluna da interação refere-se à combinação tratamento – ambiente, ressaltando-se que cada combinação deve receber um número diferente. Por exemplo, tratamento 1 no ambiente 1 recebe o número 1, tratamento 2 no ambiente 1 recebe o número 2, tratamento 72 no ambiente 1 recebe o número 72, tratamento 1 no ambiente 2 recebe o número 73, tratamento 2 no ambiente 2 recebe o número 74, e assim sucessivamente até o tratamento 72 no ambiente 7, que recebe o número 504 (72 tratamentos x 7 ambientes = 504).

O modelo estatístico é dado por:

$$Y_{ijk\lambda} = \bar{y} + g_i + a_\lambda + r/a_{k\lambda} + b/r/a_{jk\lambda} + ga_{i\lambda} + e_{ijk}$$

em que:

\bar{y} = média geral;

$Y_{ijk\lambda}$ = valor observado do i-ésimo tratamento no j-ésimo bloco da k-ésima repetição do λ -ésimo ambiente;

g_i = efeito aleatório do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, 3, \dots, t$, sendo t = tratamentos regulares + tratamentos comuns);

a_λ = efeito fixo do λ -ésimo ambiente ($\lambda = 1, 2, \dots, 7$);

$r/a_{k\lambda}$ = efeito fixo da k-ésima ($k = 1, 2$) repetição dentro do λ -ésimo ambiente;

$b/r/a_{jk\lambda}$ = efeito aleatório do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, 3, 4, 5$) dentro da k-ésima repetição do λ -ésimo ambiente;

$ga_{i\lambda}$ = efeito da interação do i-ésimo tratamento com o λ -ésimo ambiente; e

e_{ijk} = resíduo.

O arquivo de resultado apresenta:

1. Componentes de variância (REML individual)

V_g = variância genotípica entre clones, livre da interação genótipos x ambientes;

V_p = variância ambiental entre parcelas;

V_b = variância entre blocos;

V_{ga} = variância da interação genótipos x ambientes;

V_e = variância residual;

V_f = variância fenotípica individual;

h^2 = herdabilidade individual no sentido amplo no bloco, ou seja, dos efeitos genotípicos;

c_p^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c_b^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c_i^2 = coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x ambientes;

r_g = correlação genotípica através dos locais, dada por $r_g = \frac{V_g}{V_g + V_{ga}}$; e

m = média geral do experimento.

2. Componentes de média (BLUP individual)

Como na análise individual, neste item o programa também fornece, dentre outros, a ordem dos clones a serem selecionados, os valores genotípicos ($u + g$) e a média da população melhorada.

De posse dos valores genotípicos das análises individuais e da análise conjunta foi possível estimar os ganhos obtidos com as seleções direta e indireta e, com os valores genotípicos da análise conjunta, fazer estudos da adaptabilidade e estabilidade genotípica.

Visando obter informações sobre quais locais estão interagindo mais, foram realizadas análises conjuntas de locais dois a dois. Essas análises ocorreram de forma semelhante à análise conjunta dos sete ambientes, bastando somente separar os arquivos considerando os pares de ambientes (total de 21) e “rodá-los” no modelo 11.

3.2. Ganhos com a seleção

Os ganhos indiretos foram obtidos de diferentes formas: ganho indireto quando a seleção é baseada no valor genotípico do ambiente j' ; ganho indireto quando a seleção é baseada nos valores genotípicos da análise conjunta considerando os sete ambientes e ganho indireto quando a seleção é baseada nos valores de P_i (parâmetro MAEC, considerando todos os ambientes, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998)).

Se a seleção é direta, ou seja, seleção e ganho obtidos no mesmo ambiente, o ganho é denominado ganho direto, e é dado pela média dos valores genotípicos dos indivíduos selecionados (que neste caso serão 14 genótipos, 20% dos 70 avaliados). Mas, se a seleção é indireta, o ganho é denominado ganho indireto e pode ser expresso considerando-se os diferentes ganhos com a seleção indireta:

i) Ganho no ambiente j resultante da seleção no ambiente j' ($GS_{j(j')}$)

$GS_{j(j)}$ = a média no ambiente j dos valores genotípicos dos 14 indivíduos selecionados no ambiente j'.

ii) Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base no desempenho médio obtido na análise conjunta de todos os ambientes ($GS_{j(c)}$)

$GS_{j(c)}$ = a média no ambiente j dos valores genotípicos dos 14 indivíduos selecionados com base no desempenho médio obtido na análise conjunta de todos os ambientes.

iii) Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de P_i ($GS_{j(P_i)}$)

$GS_{j(P_i)}$ = a média dos valores genotípicos no ambiente j dos 14 indivíduos selecionados com base nos valores de P_i (parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, segundo as metodologias: diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual/DRRB-CV e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual/TQ-CV, ambas adaptadas por Carneiro (1998).

3.3. Metodologias utilizadas nas análises de adaptabilidade e estabilidade genotípica

As metodologias empregadas para estudo da adaptabilidade e estabilidade genotípica foram: Wricke (1965), Eberhart e Russell (1966) e as adaptadas por Carneiro (1998). Maiores detalhes sobre essas metodologias são apresentados nos tópicos subsequentes.

a) Wricke (1965)

Este método consiste em decompor a soma de quadrados da interação genótipos x ambientes nas partes devidas a genótipos isolados. O genótipo que apresentar menor contribuição para a soma de quadrados da interação genótipos x ambientes será considerado mais estável.

Modelo estatístico:

$$\hat{u}_i = r \sum_j \hat{G}A_{ij}^2 = r \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2 \qquad \hat{u}_i (\%) = \frac{\hat{u}_i}{\sum_i \hat{u}_i} \times 100$$

em que:

Y_{ij} = valor genotípico do genótipo i no ambiente j;

\bar{Y}_i = valor genotípico médio do genótipo i;

\bar{Y}_j = média do ambiente j; e

$\bar{Y}_{..}$ = média geral.

b) Eberhart e Russell (1966)

Este método consiste numa expansão do modelo de Finlay e Wilkinson (1963), em que a análise de regressão é realizada sem a transformação logarítmica, e a variância dos desvios da regressão é utilizada para medir a estabilidade dos genótipos.

Modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \hat{a}_{0i} + \hat{a}_{1i} I_j + \hat{\delta}_{ij} + \bar{a}_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = valor genotípico do genótipo i (i = 1,2,...,g) no ambiente j (j = 1,2,...,a);

β_{0i} = valor genotípico médio do genótipo i;

β_{1i} = coeficiente de regressão linear que mede a resposta do genótipo às variações ambientais;

I_j = índice ambiental codificado $\left(I_j = \frac{1}{g} \sum_j Y_{ij} - \frac{1}{ga} \sum_i \sum_j Y_{ij} \right)$, em que g é o número de genótipos e a, o número de ambientes;

δ_{ij} = desvio da regressão; e

\bar{a}_{ij} = erro experimental médio.

Nessa metodologia, a inferência a respeito da adaptabilidade e estabilidade do genótipo é baseada na média (β_{0i}), na resposta linear às variações ambientais (β_{1i}) e no desvio de regressão (δ_{ij}).

Um genótipo é considerado ideal se apresentar média elevada, que no caso específico desta tese seria valor genotípico elevado, coeficiente de regressão igual a 1 e desvios da regressão próximos de zero. Genótipos com adaptabilidade geral ou ampla são aqueles com β_{1i} igual a 1; genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis são aqueles com β_{1i} maior que 1; e genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis são aqueles com β_{1i} menor que 1. Quanto mais próximo de zero for o desvio da regressão, mais estável ou mais previsível é o genótipo.

Uma medida auxiliar que tem sido bastante utilizada para avaliar a estabilidade dos genótipos é o coeficiente de determinação R_i^2 , dado por:

$$R_i^2 = \frac{SQ(\text{reglinear})_i}{SQ(A/G_i)}$$

Maiores detalhes sobre a obtenção das estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, dos testes e da análise de variância conjunta com a decomposição da soma de quadrados da interação genótipos x ambientes, são obtidos em Cruz e Regazzi (1994).

O método de Silva e Barreto (1985) modificado por Cruz et al. (1989) tem sido utilizado em muitos estudos de estabilidade. Entretanto, pode-se verificar, através do modelo estatístico desses autores, $Y_{ij} = \hat{a}_{0i} + \hat{a}_{1i}I_j + \hat{a}_{2i}T(I_j) + \ddot{a}_{ij} + \bar{a}_{ij}$, que, se a hipótese $H_0: \beta_{2i} = 0$ para todo i não for rejeitada, o comportamento do genótipo às variações ambientais é mais bem explicado pela regressão linear simples em vez da regressão linear bissegmentada. Tal fato foi constatado em quase todos os genótipos avaliados neste estudo, o que levou a decidir por apenas se utilizar o método de Eberhart e Russell (1966).

c) Carneiro (1998)

Carneiro (1998) propôs a decomposição da estatística P_i desenvolvida por Lin e Binns (1988) nas partes devidas a ambientes favoráveis e desfavoráveis, de forma que essas estatísticas passam a ser denominadas MAEC (Medidas de Adaptabilidade e Estabilidade de Comportamento).

$$P_{if} = \frac{\sum_{j=1}^f (Y_{ij} - M_j)^2}{2f} \quad \text{e} \quad P_{id} = \frac{\sum_{j=1}^d (Y_{ij} - M_j)^2}{2d}$$

em que f e d são o número de ambientes favoráveis (índice ambiental positivo incluindo o valor zero) e desfavoráveis (índice ambiental negativo), respectivamente; Y_{ij} é a produtividade média do genótipo i no ambiente j e M_j , a resposta média máxima observada entre os genótipos no ambiente j .

Carneiro (1998) também propôs substituir nas fórmulas anteriores o valor M_j , resposta média máxima observada entre os genótipos no ambiente j , pelo valor Y_{gj} , resposta ideal do genótipo hipotético no ambiente j , e multiplicar a estatística P_i pelo fator de ponderação $f_j = CV_j/CVT$, em que CV_j e CVT correspondem ao coeficiente de

variação residual do ambiente j e à soma dos coeficientes de variação de todos os ambientes, respectivamente. Essa nova estatística o referido autor denominou diferenças em relação à reta bissegmentada ponderada pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV), já que o rendimento médio do genótipo ideal no j -ésimo ambiente é obtido pelo modelo bi-segmentado de Cruz et al. (1989): $E(Y_{gj}) = \hat{\alpha}_{0g} + \hat{\alpha}_{1g} I_j + \hat{\alpha}_{2g} T(I_j)$, em que:

Y_{gj} = resposta ideal do genótipo hipotético no ambiente j ;

β_{0g} = valor fornecido para que a resposta ideal seja máxima para todos os ambientes, ou seja, o valor máximo de produção em todo o experimento;

β_{1g} e β_{2g} = valores estabelecidos em 0,5 e 1,0, respectivamente, de forma a refletir baixa resposta aos ambientes desfavoráveis ($\beta_{1g} = 0,5$), e responsivos às condições favoráveis ($\beta_{1g} + \beta_{2g} = 1,5$);

I_j = índice ambiental codificado;

$T(I_j) = 0$ se $I_j \leq 0$; e

$T(I_j) = I_j - I_+$ se $I_j > 0$, sendo I_+ a média dos índices positivos.

Usando o princípio básico do método Lin e Binns (1988) e a recomendação de Verma et al. (1978), Carneiro (1998) aprimorou a metodologia desenvolvida por Hernandez et al. (1993), incorporando a ela o parâmetro MAEC. Segundo Carneiro (1998), a estimativa da área sob a curva de regressão da produtividade dos genótipos em função dos índices ambientais determina apenas a adaptação do genótipo (número de descendentes deixados pelo indivíduo).

Uma seqüência de alterações foi sugerida por esse autor, e como conseqüência desenvolveu-se a metodologia do trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV).

$$\text{Estatística: } P_i = \sum_{j=1}^n \left[\left(\frac{Y_{g(j+1)} + Y_{gj}}{2} \right) - \left(\frac{Y_{i(j+1)} + Y_{ij}}{2} \right) \right]^2 (\bar{Y}_{.(j+1)} - \bar{Y}_{.j}) f_{.j}$$

em que:

P_i = estimativa do parâmetro MAEC;

n = número de ambientes;

$Y_{g(j+1)}$ = rendimento médio do genótipo ideal no ambiente $j + 1$;

Y_{gi} = rendimento médio do genótipo ideal no ambiente j ;

$Y_{j(j+1)}$ = rendimento médio do genótipo i no ambiente $j + 1$;

Y_{ij} = rendimento médio do genótipo i no ambiente j ;

$\bar{Y}_{.(j+1)}$ = rendimento médio de todos os genótipos no ambiente $j + 1$;

\bar{Y}_j = rendimento médio de todos os genótipos no ambiente j ; e

$f_{\bar{j}}$ = fator de ponderação, em que $f_{\bar{j}} = [f_{(j+1)} + f_j] / 2$, sendo $f_{(j+1)} = CV_{(j+1)}/CVT$; e

$f_j = CV_j/CVT$, em que $CV_{(j+1)}$, CV_j e CVT são os coeficientes de variação residual dos ambientes $j + 1$, j e total de todos os ambientes, respectivamente.

O rendimento médio do genótipo ideal é obtido como relatado na metodologia diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual.

Todas essas análises foram realizadas com o auxílio do programa computacional em genética e estatística – GENES (CRUZ, 1997).

O grau de liberdade do resíduo, utilizado nas análises biométricas, foi calculado da seguinte maneira:

$$\text{Bloco/Rep/Local} = (5-1) \times 2 \times 7 = 56$$

$$\text{Rep/Local} = (2-1) \times 7 = 7$$

$$\text{Local} = 7 - 1 = 6$$

$$\text{Clone} = 72 - 1 = 71$$

$$\text{Clone} \times \text{Local} = (72-1) \times (7-1) = 426$$

$$\text{Resíduo} = 1119 - 56 - 7 - 6 - 71 - 426 = 553$$

O número de repetições, utilizado nas análises biométricas, foi obtido através da média harmônica do número de repetições dos tratamentos. Tal procedimento é necessário, uma vez que as testemunhas (tratamentos comuns) e os tratamentos regulares apresentavam diferentes repetições nos ambientes, sendo estas da ordem de 10 e 2, respectivamente. Para estimação da média harmônica do número de repetições, utilizou-se o procedimento adaptado de Ramalho et al. (2000), dado por:

$$\bar{r}_h = \left(\frac{k}{\left(\frac{1}{r_c} \times 70 \right) + \left(\frac{1}{r_r} \times 2 \right)} \right) \times \frac{1}{a}, \text{ sendo } k \text{ o número total de tratamentos (70 tratamentos}$$

regulares $\times 7$ ambientes = 490; 2 tratamentos comuns $\times 7$ ambientes = 14; logo, $k = 490$

+ 14 = 504); r_c o número de repetições dos tratamentos comuns por ambiente ($r_c = 2$); r_r o número de repetições dos tratamentos regulares por ambiente ($r_r = 10$); e a o número de ambientes ($a = 7$). O valor encontrado para \bar{r}_h foi de 2,04545.

3.4. Correlação entre os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade

A correlação entre os parâmetros foi calculada através da correlação ordinal de Spearman, que mede o grau de associação entre as estimativas dos diversos parâmetros ou a correlação genotípica. Tal coeficiente, obtido para cada par de estimativa de dois parâmetros u e u' , é dado por (STEEL; TORRIE, 1980):

$$r_{s\ uu'} = 1 - \frac{6 \sum d_i^2}{n^3 - n}$$

em que d_i é a diferença entre a ordem de classificação do genótipo i , para as estimativas dos parâmetros u e u' , e n é o número de pares de valores das estimativas dos parâmetros uu' . O teste t , para o referido coeficiente de correlação, foi obtido por (STEEL; TORRIE 1980):

$$t = r_{s\ uu'} \sqrt{\frac{n-2}{1 - (r_{s\ uu'})^2}}, \text{ com } n-2 \text{ graus de liberdade.}$$

Esses parâmetros são: os valores genotípicos ($u+g$); parâmetro de estabilidade de Wricke (1965) (i (%)); os parâmetros MAEC estimados segundo a metodologia diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual, considerando todos os ambientes (Pig-DRRB-CV), apenas os ambientes favoráveis (Pif-DRRB-CV) e apenas os ambientes desfavoráveis (Pid-DRRB-CV); os parâmetros MAEC, estimados segundo a metodologia trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual, considerando todos os ambientes (Pig-TQ-CV), apenas os ambientes favoráveis (Pif-TQ-CV) e apenas os ambientes desfavoráveis (Pid-TQ-CV); e os parâmetros de adaptabilidade ($\hat{\alpha}_i$) e estabilidade (R_i^2 (%)), segundo Eberhart e Russell (1966).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Ganhos com a seleção de clones de cana-de-açúcar utilizando valores genotípicos preditos

Quanto à precisão dos experimentos, verificou-se, através das análises individuais, que os coeficientes de variação residual foram baixos para Brix e, para as demais características, variaram entre moderados a baixos. Os maiores valores foram estimados para as características TBH e TCH no ambiente UTR (27,6585% e 30,7521%, respectivamente). De acordo com Jackson et al. (1995), os coeficientes de variação residual para a característica TBH variaram entre 14,2% e 23,1% e para a característica TCH, entre 12,9% e 22,9%. Já Erazzú et al. (1996) obtiveram estimativas dos coeficientes de variação residual que variaram entre 8,90% e 25,56% para a produtividade de açúcar.

Os valores genotípicos dos 72 genótipos de cana-de-açúcar, obtidos pelas análises individuais dos sete ambientes e pela análise conjunta, bem como as estimativas dos valores de Pi segundo as metodologias DRRB-CV e TQ-CV, ambas adaptadas por Carneiro (1998), encontram-se nas Tabelas 2, 3, 4, 5 e 6, que correspondem às características BRIX, NC, PMC, TBH e TCH, respectivamente.

No ambiente DAB, encontrou-se o maior valor genotípico para as características NC e TCH. Para NC esse valor foi de 194,13, predito para o genótipo RB947649, enquanto para TCH, 191,22, predito para o genótipo RB928094. Já o ambiente UAP forneceu o maior valor genotípico para as características PMC e TBH. Para PMC esse

Tabela 2 – Valores genotípicos dos 72 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, considerando as análises individual e conjunta (Conj) e estimativas dos valores de Pi estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV para a característica Brix médio por parcela (BRIX)

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB72454	17,70	20,59	19,14	18,85	21,83	21,75	22,58	20,35	2,37	24,33
RB835486	19,44	21,05	20,54	21,09	23,75	23,53	24,34	21,92	1,26	13,20
RB845210	18,37 ^{1/}	21,25	19,89	19,43	22,67	21,99	21,24	20,77	2,08	19,81
RB855595	18,42	21,70	21,11	20,19	23,22	22,94	22,68	21,63	1,57	14,90
RB867515	17,52	21,04	19,85	19,74	22,33	21,89	22,45	20,70	2,11	21,26
RB896391	18,12	21,37	19,79	19,34	22,94	21,99	23,15	21,03	1,90	19,58
RB896406	19,08	20,51	19,61	20,62	22,31	20,55	22,43	20,70	2,07	20,50
RB928064	18,30	20,73	19,39	19,89	22,05	21,77	22,78	20,69	2,08	21,29
RB928168	17,78	21,13	20,55	20,92	21,80	22,76	23,47	21,30	1,78	17,69
RB937553	17,17	20,57	19,48	18,61	21,80	21,36	20,81	19,81	2,69	25,93
RB937568	17,58	20,96	19,33	18,94	22,15	21,36	22,80	20,39	2,29	23,62
RB937570	18,54	21,46	20,32	20,28	23,49	22,63	23,61	21,63	1,55	16,02
RB937638	18,19	20,89	20,04	19,04	22,80	21,18	23,13	20,73	2,07	20,92
RB947501	17,70	20,71	19,75	19,88	21,94	20,66	22,32	20,33	2,32	23,10
RB947506	18,08	20,60	20,05	20,41	22,03	21,44	22,19	20,64	2,11	20,71
RB947519	17,13	20,88	19,04	18,42	20,79	21,09	22,60	19,86	2,68	27,17
RB947520	18,52	21,55	20,00	20,52	23,11	22,81	23,91	21,66	1,53	16,26
RB947532	17,67	21,02	19,94	18,91	22,75	22,40	24,03	20,99	1,96	20,51
RB947547	17,56	20,57	19,29	19,90	20,85	21,12	21,36	19,95	2,57	25,12
RB947565	18,03	20,87	19,63	20,48	23,3	21,96	23,14	21,14	1,84	19,41
RB947568	17,00	21,74	19,74	19,52	21,49	21,21	23,52	20,65	2,21	22,65
RB947575	18,34	20,99	20,50	20,85	23,19	21,49	22,63	21,18	1,79	17,61
RB947577	17,71	20,81	19,35	19,46	22,25	22,35	23,44	20,74	2,06	21,80
RB947583	17,52	20,94	17,32	19,14	20,33	20,50	22,41	19,65	2,85	30,38
RB947596	17,89	20,73	19,18	19,96	21,83	21,50	22,31	20,43	2,24	22,90
RB947603	18,13	20,91	20,06	19,17	22,67	22,07	22,66	20,79	2,02	20,15
RB947609	18,51	21,33	19,25	20,57	22,86	21,68	23,16	21,17	1,81	19,16
RB947624	17,32	21,23	19,71	19,40	22,89	21,51	23,13	20,78	2,09	21,72
RB947625	18,93	21,30	19,18	20,80	21,11	22,16	23,68	21,16	1,84	19,09
RB947639	18,46	21,69	20,04	19,84	21,95	22,31	21,71	20,99	1,95	18,55
RB947643	19,19	21,01	20,38	20,84	23,01	21,74	22,13	21,25	1,73	16,57
RB947645	16,32	20,85	19,69	19,77	20,96	22,57	22,94	20,39	2,38	24,21
RB947648	16,25	20,81	18,03	17,56	20,79	21,19	20,97	19,21	3,22	32,76
RB947649	17,48	21,54	19,73	19,88	22,01	22,05	22,85	20,88	2,03	20,71
RB947653	18,72	22,09	20,56	20,00	22,4	22,77	24,05	21,75	1,52	15,32
RB947656	17,73	20,75	17,95	18,62	21	18,98	20,58	19,19	3,18	31,37
RB947663	17,04	21,17	20,04	19,11	22,91	22,26	23,29	20,89	2,06	21,20
RB947677	16,90	20,38	18,73	18,80	22,12	20,97	21,54	19,75	2,73	27,99
RB947679	16,86	21,08	19,19	18,96	21,57	21,18	22,20	20,11	2,54	25,86
RB957508	17,64	20,29	19,77	18,37	21,81	20,32	21,32	19,71	2,74	26,27
RB957509	17,41	20,36	18,86	18,11	21,82	20,01	21,61	19,52	2,89	28,91
RB957539	17,95	21,19	20,15	19,78	22,04	21,73	22,36	20,78	2,06	20,16
RB957544	17,54	20,87	20,73	20,32	23,86	22,16	23,88	21,38	1,72	17,74
RB957546	15,92	20,73	12,61	18,80	21,44	21,56	21,79	18,89	3,72	46,29
RB957554	17,05	20,40	19,91	20,18	22,8	21,80	22,70	20,62	2,16	22,13
RB957569	17,28	20,32	18,91	19,61	22,16	21,90	23,42	20,42	2,28	24,52
RB957575	17,12	20,46	20,17	20,18	22,9	20,22	22,41	20,37	2,33	23,13
RB957576	18,28	20,65	20,27	19,28	22,98	21,78	22,08	20,71	2,06	20,05
RB957610	19,52	21,71	20,71	21,47	23,82	22,22	25,39	22,38	1,18	12,62
RB957612	17,87	21,07	19,26	19,76	22,8	22,38	23,55	21,00	1,91	20,60
RB957615	17,46	20,27	18,83	19,80	23,11	21,93	23,51	20,61	2,14	23,51
RB957638	17,98	20,08	19,25	19,16	22,28	21,92	23,57	20,47	2,21	23,29
RB957649	17,07	21,37	18,64	18,92	22,47	22,47	22,93	20,61	2,23	24,07
RB957689	17,06	20,56	18,86	19,33	21,85	21,38	22,73	20,16	2,46	25,95
RB957695	17,17	21,63	19,03	18,56	22,28	21,37	22,42	20,38	2,37	24,40
RB957697	18,16	21,55	20,45	20,66	23,86	23,67	23,86	21,97	1,41	14,89
RB957712	16,94	20,91	18,19	19,58	22,56	21,30	23,27	20,36	2,36	26,25
RB957743	17,51	20,77	18,84	19,39	23,17	22,06	22,56	20,60	2,17	23,17

Continua...

Tabela 2 – Cont.

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB957751	17,24	21,07	19,37	19,28	23,38	21,49	21,72	20,47	2,26	22,93
RB967505	16,70	20,40	19,35	19,29	21,27	21,23	22,66	19,99	2,59	26,57
RB967510	17,12	20,95	20,03	19,82	22,72	22,16	23,92	20,99	1,97	20,74
RB967561	17,81	21,06	19,48	19,58	21,72	22,07	22,65	20,67	2,14	21,79
RB967585	18,09	20,45	19,60	19,35	22,66	21,41	23,03	20,59	2,14	22,08
RB967589	17,36	20,66	18,67	18,19	22,47	21,78	23,17	20,27	2,42	25,88
RB967590	17,20	20,87	19,50	20,11	21,99	21,62	21,39	20,38	2,35	23,22
RB967603	19,18	20,92	20,19	20,88	22,1	22,60	23,57	21,44	1,63	16,37
RB967623	19,67	21,27	20,67	20,35	23,96	22,33	23,63	21,87	1,40	14,09
RB967672	18,16	20,60	18,41	18,51	20,84	21,25	21,08	19,70	2,75	27,15
RB977509	18,95	21,62	19,89	20,25	24,08	22,57	22,58	21,64	1,56	15,88
SP85-3877	17,65	20,69	19,15	20,06	21,73	21,18	22,59	20,35	2,29	23,68
SP86-42	18,29	20,81	20,36	20,81	22,87	22,07	23,83	21,33	1,70	17,53
SP87-365	18,33	21,20	20,15	19,50	22,1	21,44	22,28	20,76		
(%)CV	4,3385	5,2687	3,002	4,0473	3,4208	3,8071	2,9988			
QMR	0,1510	0,0036	0,0175	0,0582	0,0649	0,0173	0,1057	15,4086		

OBS: Os valores destacados representam os 14 clones com maior valor genotípico ou menores estimativas de Pi.

Pig-DRRB-CV, Pig-TQ-CV: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

$$(\%)CV : \text{Coeficiente de variação residual} = \frac{\sqrt{\text{QMR}}}{m} \times 100$$

QMR : Quadrado médio do resíduo

Tabela 3 – Valores genotípicos dos 72 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, considerando as análises individual e conjunta (Conj) e estimativas dos valores de Pi estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV para a característica número de colmos por parcela (NC)

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB72454	111,73	78,02	164,88	114,13	146,85	71,52	92,12	111,34	662,76	91590,81
RB835486	112,48	56,67	134,54	104,42	107,49	67,75	86,79	95,90	876,93	133827,04
RB845210	123,12	78,61	152,96	114,47	149,20	83,10	80,59	112,07	655,70	92317,44
RB855595	135,84	92,59	168,88	142,96	159,74	88,08	117,52	132,50	437,26	59633,18
RB867515	123,29	69,76	153,61	112,50	142,34	75,60	84,56	108,21	704,18	96855,08
RB896391	145,51	75,94	188,86	117,24	167,62	121,12	90,99	131,52	479,34	61118,66
RB896406	138,65	105,15	190,75	149,00	180,12	113,07	82,21	141,81	385,88	50720,06
RB928064	111,38	87,38	165,55	126,54	147,15	85,14	83,59	117,08	603,60	88215,24
RB928168	97,92	75,40	139,76	96,63	122,59	89,42	79,91	99,28	778,52	128117,81
RB937553	91,12	80,06	157,34	122,55	155,27	112,64	96,53	117,66	579,42	87516,10
RB937568	117,69	81,01	167,06	115,18	141,10	75,34	80,46	111,62	668,45	95347,24
RB937570	115,32	67,77	147,97	117,13	143,21	66,66	70,58	102,88	783,73	104468,39
RB937638	97,97	74,12	128,66	104,40	119,37	54,60	57,20	87,85	949,83	143133,43
RB947501	120,89	85,87	173,78	116,32	155,45	87,35	78,62	117,85	598,65	83465,80
RB947506	100,60	70,75	162,33	125,74	161,43	78,65	86,25	111,82	670,21	85832,92
RB947519	130,69	90,76	159,02	134,39	152,34	81,92	103,02	124,05	519,34	73581,16
RB947520	116,84	81,71	151,39	123,86	147,07	103,82	78,96	115,74	606,83	91371,02
RB947532	105,51	59,26	153,24	106,64	160,77	65,44	72,48	101,06	816,74	99706,82
RB947547	106,51	62,46	159,38	106,76	128,37	61,48	71,29	97,03	853,49	117880,61
RB947565	91,37	62,11	141,98	91,13	137,98	39,83	62,54	85,40	1011,21	134244,89
RB947568	116,62	66,49	146,33	116,36	137,78	68,19	71,55	101,57	790,19	107693,45
RB947575	111,72	68,94	141,92	93,14	133,96	61,24	77,80	96,54	840,92	120233,21
RB947577	97,99	72,24	154,80	105,23	126,70	73,89	81,84	100,28	779,66	118127,67
RB947583	124,3	64,45	154,02	111,84	137,83	78,22	75,58	105,26	746,98	102344,97
RB947596	85,63	87,70	151,44	111,31	142,21	76,61	73,87	103,46	740,16	113166,81
RB947603	129,31	88,19	152,82	118,72	134,89	76,23	88,09	113,37	628,62	95496,98
RB947609	102,10	76,12	136,39	89,03	116,58	67,01	68,95	90,97	884,83	141481,39
RB947624	114,95	82,86	174,73	119,58	153,30	74,09	90,41	116,44	613,76	82185,71
RB947625	104,54	74,72	133,98	82,48	121,44	60,20	74,55	91,23	896,40	139440,62
RB947639	110,73	74,10	147,48	96,24	125,33	54,44	69,77	94,80	868,29	126719,04
RB947643	131,91	54,70	165,81	128,09	146,72	85,28	82,83	112,71	689,23	83960,39
RB947645	110,55	70,72	151,36	116,37	146,71	77,90	72,16	105,15	738,90	101379,20
RB947648	117,38	60,34	149,66	99,63	134,92	79,84	66,77	99,63	824,49	115277,03
RB947649	154,05	69,96	194,13	128,90	153,79	79,76	89,96	125,95	568,77	65335,19
RB947653	114,87	87,05	154,99	128,91	113,45	67,33	76,92	105,82	722,38	113688,22
RB947656	93,30	74,08	163,99	115,56	128,71	64,74	91,27	103,76	751,75	109322,40
RB947663	121,08	79,35	150,53	132,17	154,74	90,52	96,89	119,61	570,00	79300,68
RB947677	106,38	57,49	147,41	108,11	135,76	78,85	54,91	95,84	880,39	120748,37
RB947679	94,86	82,69	170,88	119,33	142,14	84,49	64,58	108,03	713,36	104853,78
RB957508	102,65	78,82	147,68	114,65	145,14	83,07	73,30	106,05	718,00	105232,60
RB957509	119,03	75,24	157,47	109,09	140,11	84,28	76,54	108,25	696,26	101028,26
RB957539	126,02	75,63	160,27	117,45	135,59	71,48	77,73	109,42	703,86	98728,21
RB957544	133,31	83,50	165,63	110,42	150,21	78,22	80,68	115,41	629,82	86926,37
RB957546	102,37	63,92	100,03	92,63	131,90	59,09	60,56	83,48	1001,66	146059,10
RB957554	103,42	76,62	154,86	117,54	128,42	91,86	82,81	107,43	688,63	108204,60
RB957569	98,13	68,73	153,55	135,85	152,67	76,74	79,74	108,73	711,16	93115,32
RB957575	85,09	75,01	150,32	95,42	134,23	53,61	72,13	93,33	890,08	128602,92
RB957576	121,39	91,49	142,52	121,51	138,96	78,17	75,36	110,51	662,07	100988,03
RB957610	132,09	70,68	179,88	127,11	153,45	94,58	91,85	121,48	564,95	72758,61
RB957612	130,14	100,63	162,88	144,25	167,80	95,25	105,02	132,86	427,45	60319,40
RB957615	131,33	82,28	183,70	133,38	165,81	80,69	99,51	127,53	515,32	62788,18
RB957638	115,67	72,01	153,31	125,35	143,21	82,05	91,04	111,62	655,13	91596,21
RB957649	127,24	81,54	182,76	136,54	145,10	92,38	99,68	125,84	517,64	72255,17
RB957689	147,33	68,21	158,27	124,6	148,48	89,87	105,09	121,54	569,83	74996,23
RB957695	119,09	75,60	155,97	128,57	129,17	86,27	86,42	111,91	652,88	97965,95
RB957697	128,83	80,46	157,73	128,71	146,14	90,32	96,59	119,82	564,16	81081,51
RB957712	125,51	88,16	158,80	121,86	148,95	108,3	93,55	122,55	521,66	81267,02
RB957743	133,16	77,99	172,93	134,85	143,85	83,13	87,65	120,76	583,73	78639,00

Continua...

Tabela 3 – Cont.

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB957751	108,16	73,37	142,82	123,36	139,68	86,89	75,29	106,22	713,46	104371,60
RB967505	128,11	85,01	159,04	118,99	152,40	65,49	74,16	112,56	674,31	89275,39
RB967510	116,23	82,68	140,49	93,79	145,14	73,14	82,86	104,47	727,43	107776,91
RB967561	93,25	76,64	159,11	134,83	146,62	101,10	79,27	112,99	643,24	94360,36
RB967585	103,87	86,35	165,91	114,34	142,35	79,28	85,11	111,58	652,01	97396,89
RB967589	107,66	78,60	169,71	114,28	137,67	79,16	85,73	110,11	671,22	98210,48
RB967590	116,80	82,51	170,71	115,4	150,33	84,47	80,24	115,15	627,37	88482,95
RB967603	106,60	82,90	155,00	105,45	143,20	68,80	77,32	105,18	731,41	105960,69
RB967623	121,95	64,46	170,22	120,29	146,13	80,21	88,08	112,77	669,42	86801,75
RB967672	119,12	72,59	153,20	117,06	133,05	76,07	66,05	104,57	758,84	108252,61
RB977509	115,53	84,89	151,05	111,58	146,98	92,99	102,48	116,33	581,29	89523,30
SP85-3877	107,07	78,45	149,59	126,37	145,14	91,83	91,85	113,25	623,51	92280,45
SP86-42	134,64	96,68	193,44	147,80	163,22	118,3	131,32	145,65	319,87	46401,86
SP87-365	105,17	97,52	180,37	149,47	161,33	107,69	94,44	131,20	454,99	67184,79
(%)CV	10.5355	20.1847	6.6483	10.5898	8.3874	15.0029	16.9344			
QMR	44,362	0,670	16,7648	26,3437	7,3410	3,6538	1,2588			

OBS: Os valores destacados representam os 14 clones com maior valor genotípico ou menores estimativas de Pi.
 Pig-DRRB-CV, Pig-TQ-CV: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

$$(\%)CV : \text{Coeficiente de variação residual} = \frac{\sqrt{\text{QMR}}}{m} \times 100$$

QMR : Quadrado médio do resíduo

Tabela 4 – Valores genotípicos dos 72 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, considerando as análises individual e conjunta (Conj) e estimativas dos valores de Pi estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV para a característica peso médio do colmo (PMC)

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB72454	1,60	1,58	1,60	1,69	1,70	1,51	1,14	1,56	0,0291	0,0390
RB835486	1,52	1,53	1,36	1,67	1,68	1,50	1,21	1,49	0,0325	0,0414
RB845210	1,50	1,52	1,48	1,63	1,79	1,45	1,06	1,49	0,0344	0,0477
RB855595	1,30	1,52	1,24	1,22	1,57	1,22	1,04	1,23	0,0528	0,0726
RB867515	1,50	1,53	1,92	2,04	2,06	1,70	1,25	1,75	0,0194	0,0298
RB896391	1,28	1,52	1,35	1,52	1,63	1,28	1,00	1,30	0,0468	0,0675
RB896406	1,32	1,53	1,30	1,34	1,49	1,34	0,91	1,27	0,0525	0,0763
RB928064	1,52	1,54	1,83	1,65	1,84	1,57	1,14	1,61	0,0271	0,0407
RB928168	1,54	1,52	1,56	1,47	1,79	1,68	1,22	1,55	0,0289	0,0411
RB937553	1,40	1,54	1,39	1,46	1,60	1,30	1,00	1,36	0,0446	0,0622
RB937568	1,49	1,54	1,51	1,56	1,79	1,53	1,24	1,54	0,0298	0,0412
RB937570	1,46	1,54	1,83	1,64	1,88	1,97	1,14	1,68	0,0251	0,0423
RB937638	1,37	1,53	1,57	1,77	1,92	1,46	1,24	1,55	0,0289	0,0417
RB947501	1,34	1,54	1,49	1,65	1,66	1,58	0,88	1,42	0,0415	0,066
RB947506	1,34	1,55	1,57	1,53	1,65	1,33	0,98	1,41	0,0422	0,0634
RB947519	1,37	1,54	1,30	1,45	1,49	1,45	1,04	1,36	0,0452	0,0637
RB947520	1,42	1,54	1,85	1,97	1,80	1,53	1,19	1,63	0,0263	0,0390
RB947532	1,50	1,53	1,79	1,75	1,75	1,53	1,41	1,63	0,0236	0,0309
RB947547	1,37	1,52	1,36	1,34	1,54	1,47	0,99	1,32	0,0463	0,0677
RB947565	1,44	1,52	1,30	1,49	1,62	1,30	1,17	1,37	0,0408	0,0519
RB947568	1,41	1,54	1,21	1,4	1,51	1,43	0,80	1,30	0,0529	0,0755
RB947575	1,60	1,55	1,52	1,82	1,95	1,56	1,18	1,66	0,0251	0,0331
RB947577	1,37	1,55	1,82	2,09	2,11	1,55	1,28	1,71	0,022	0,0339
RB947583	1,49	1,55	1,63	1,84	1,66	1,40	1,11	1,55	0,0322	0,0436
RB947596	1,37	1,56	1,55	1,84	1,72	1,54	1,11	1,57	0,0322	0,0484
RB947603	1,41	1,53	1,56	1,56	1,67	1,52	1,16	1,47	0,034	0,0497
RB947609	1,56	1,55	1,58	1,69	1,77	1,50	1,35	1,62	0,0255	0,0322
RB947624	1,47	1,52	1,24	1,50	1,66	1,37	1,18	1,40	0,0393	0,0493
RB947625	1,54	1,55	1,57	1,68	1,75	1,50	1,11	1,56	0,0308	0,0427
RB947639	1,55	1,53	1,60	1,28	1,67	1,69	0,86	1,45	0,041	0,0623
RB947643	1,63	1,53	1,48	1,64	1,70	1,28	0,93	1,44	0,0393	0,0489
RB947645	1,44	1,55	1,55	1,70	1,57	1,47	0,97	1,46	0,0386	0,0562
RB947648	1,54	1,53	1,58	1,83	1,77	1,68	1,25	1,61	0,025	0,0341
RB947649	1,44	1,54	1,21	1,32	1,54	1,21	1,00	1,29	0,0506	0,0654
RB947653	1,36	1,53	1,25	1,19	1,37	1,24	0,97	1,22	0,0568	0,0775
RB947656	1,46	1,52	1,54	1,59	1,68	1,61	1,24	1,50	0,0306	0,0432
RB947663	1,38	1,55	1,26	1,53	1,58	1,47	0,91	1,38	0,0461	0,0668
RB947677	1,58	1,53	1,72	2,02	1,90	1,68	1,35	1,72	0,0192	0,025
RB947679	1,51	1,54	1,66	1,61	1,80	1,52	1,03	1,53	0,0323	0,0478
RB957508	1,49	1,55	1,32	1,67	1,86	1,48	1,00	1,52	0,0359	0,0498
RB957509	1,56	1,55	1,63	1,55	1,77	1,39	1,04	1,54	0,034	0,0469
RB957539	1,46	1,54	1,48	1,78	1,66	1,68	1,20	1,56	0,0297	0,0418
RB957544	1,49	1,53	1,48	1,39	1,55	1,33	0,99	1,38	0,0438	0,0600
RB957546	1,37	1,52	0,98	1,27	1,57	1,22	0,97	1,22	0,0568	0,0726
RB957554	1,50	1,52	1,62	1,27	1,71	1,39	0,92	1,39	0,0428	0,0622
RB957569	1,44	1,54	1,44	1,58	1,62	1,75	1,10	1,51	0,0344	0,0512
RB957575	1,47	1,54	1,97	1,78	1,99	1,55	1,18	1,66	0,0242	0,0374
RB957576	1,41	1,53	1,41	1,44	1,67	1,52	0,98	1,39	0,0412	0,0613
RB957610	1,40	1,53	1,54	1,44	1,71	1,30	1,04	1,40	0,0408	0,0583
RB957612	1,32	1,54	1,32	1,48	1,61	1,30	1,02	1,34	0,0461	0,0652
RB957615	1,33	1,53	1,42	1,48	1,56	1,40	1,03	1,35	0,0439	0,0642
RB957638	1,48	1,53	1,42	1,65	1,66	1,56	1,05	1,46	0,0357	0,0503
RB957649	1,41	1,53	1,42	1,48	1,70	1,60	1,20	1,47	0,0343	0,0493
RB957689	1,49	1,53	1,54	1,40	1,58	1,51	0,98	1,42	0,0405	0,0590
RB957695	1,43	1,52	1,43	1,51	1,48	1,50	0,98	1,37	0,0432	0,0619
RB957697	1,41	1,53	1,40	1,44	1,71	1,40	1,07	1,41	0,0400	0,0566
RB957712	1,61	1,54	1,55	1,77	1,82	1,66	1,01	1,61	0,0294	0,0414
RB957743	1,38	1,53	1,44	1,53	1,75	1,25	0,90	1,37	0,0451	0,0649

Continua...

Tabela 4 – Cont.

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB957751	1,63	1,53	1,42	1,65	1,76	1,51	1,12	1,52	0,0313	0,0395
RB967505	1,51	1,53	1,67	1,58	1,63	1,52	1,21	1,53	0,0309	0,0430
RB967510	1,49	1,52	1,36	1,37	1,67	1,55	1,10	1,42	0,0383	0,0533
RB967561	1,48	1,55	1,56	1,73	1,78	1,58	0,90	1,54	0,0354	0,0540
RB967585	1,49	1,54	1,59	1,64	1,68	1,44	1,22	1,54	0,0312	0,0420
RB967589	1,53	1,54	1,47	1,75	1,70	1,42	1,29	1,55	0,0295	0,0361
RB967590	1,43	1,53	1,73	1,72	1,82	1,57	1,11	1,57	0,0295	0,0456
RB967603	1,54	1,55	1,76	1,78	1,87	1,87	1,13	1,70	0,0237	0,0375
RB967623	1,50	1,54	1,34	1,43	1,64	1,42	1,13	1,44	0,0386	0,0511
RB967672	1,52	1,54	1,32	1,62	1,68	1,51	1,11	1,48	0,0353	0,0466
RB977509	1,44	1,54	1,55	1,52	1,81	1,50	1,15	1,52	0,0325	0,0476
SP85-3877	1,54	1,52	1,67	1,52	1,81	1,75	1,14	1,57	0,0283	0,0426
SP86-42	1,48	1,55	1,15	1,45	1,52	1,17	0,93	1,32	0,0520	0,0646
SP87-365	1,44	1,53	1,28	1,36	1,66	1,20	0,83	1,29	0,0523	0,0710
%CV	13.7544	13.0433	9.0401	8.2833	10.33	10.5868	15.883	13.7544		
QMR	0,0404	0,0401	0,0183	0,0172	0,0310	0,0246	0,0297	0,0404		

OBS: Os valores destacados representam os 14 clones com maior valor genotípico ou menores estimativas de Pi.
 Pig-DRRB-CV, Pig-TQ-CV: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

$$(\%)CV : \text{Coeficiente de variação residual} = \frac{\sqrt{\text{QMR}}}{m} \times 100$$

QMR : Quadrado médio do resíduo

Tabela 5 – Valores genotípicos dos 72 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, considerando as análises individual e conjunta (Conj) e estimativas dos valores de Pi estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH)

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB72454	22,61	18,66	35,24	25,88	36,71	16,99	18,07	24,90	27,42	1047,21
RB835486	23,34	14,84	26,21	26,00	30,24	16,50	17,07	22,09	34,51	1521,77
RB845210	22,82	17,42	30,54	25,87	38,56	18,14	13,85	24,05	30,93	1194,34
RB855595	20,89	17,43	32,66	25,63	38,15	16,39	18,40	24,44	29,21	1149,40
RB867515	22,04	17,00	36,98	28,81	40,42	20,09	18,55	26,59	24,74	872,31
RB896391	21,57	16,54	36,35	24,64	41,13	21,02	14,82	24,95	28,46	999,29
RB896406	21,86	18,75	35,54	28,39	38,72	20,08	12,74	25,62	28,45	974,14
RB928064	22,48	18,08	37,98	28,43	39,05	20,20	15,67	26,59	25,90	876,50
RB928168	19,99	16,89	30,72	22,60	33,93	23,20	17,59	23,50	30,09	1336,47
RB937553	18,09	17,59	30,31	24,80	36,22	20,02	13,79	22,52	32,94	1326,97
RB937568	21,39	17,63	32,67	24,56	35,55	17,37	16,13	23,75	30,81	1217,42
RB937570	21,68	17,96	35,92	27,26	40,84	21,75	14,73	26,01	26,63	937,90
RB937638	19,22	17,17	27,93	24,84	35,37	12,80	13,68	21,08	37,36	1480,30
RB947501	20,04	18,13	35,34	26,81	37,18	20,00	11,72	24,11	31,21	1079,03
RB947506	18,50	17,19	34,38	27,30	37,25	15,82	13,36	23,03	33,21	1153,04
RB947519	20,61	18,94	29,70	25,66	31,97	17,94	17,42	23,58	30,71	1349,57
RB947520	21,48	18,43	36,93	31,42	40,09	23,76	17,53	28,02	22,72	802,53
RB947532	20,49	15,77	36,01	25,03	39,97	16,55	19,14	24,45	28,90	1046,96
RB947547	18,81	16,08	30,07	22,36	29,66	14,75	13,64	19,65	39,10	1581,64
RB947565	18,72	15,90	26,83	21,15	34,70	9,95	12,94	18,84	42,63	1695,61
RB947568	20,18	17,33	28,02	24,49	32,21	15,87	11,80	20,89	37,53	1518,04
RB947575	23,40	17,54	31,05	25,51	40,03	14,97	17,95	24,50	29,26	1149,16
RB947577	18,62	17,39	35,98	27,66	38,90	18,06	18,47	24,97	27,73	1011,15
RB947583	22,54	17,19	29,93	27,14	32,78	16,86	14,83	23,03	32,37	1202,59
RB947596	17,83	19,57	31,52	28,04	35,84	17,43	15,49	24,01	30,72	1209,84
RB947603	22,41	17,71	33,43	25,88	34,51	17,72	16,84	24,21	29,39	1155,38
RB947609	21,76	17,99	28,51	22,65	32,76	15,91	16,78	22,39	33,40	1468,70
RB947624	20,92	17,33	32,15	25,02	37,64	16,10	17,02	23,89	30,68	1201,76
RB947625	22,50	18,10	28,11	21,88	30,99	14,35	15,44	21,61	35,74	1552,70
RB947639	22,64	17,42	32,87	21,54	32,12	15,22	10,48	21,28	37,79	1393,28
RB947643	27,91	15,20	35,25	28,49	37,86	16,28	13,67	24,80	29,99	971,22
RB947645	19,15	17,32	32,27	26,77	32,42	18,68	13,15	22,37	33,56	1283,65
RB947648	21,01	15,93	29,36	23,75	33,95	19,75	15,24	22,15	33,05	1392,30
RB947649	24,80	17,37	34,47	24,98	36,05	15,99	16,52	24,43	29,51	1100,68
RB947653	20,09	18,51	29,02	23,25	26,70	13,52	13,52	20,45	38,88	1630,89
RB947656	18,79	16,23	32,58	25,09	33,23	16,36	18,18	22,44	32,42	1298,58
RB947663	19,49	18,52	28,05	26,74	36,68	20,38	14,65	23,69	30,92	1308,62
RB947677	21,37	15,62	32,17	26,91	37,54	19,45	15,38	23,60	30,37	1149,68
RB947679	19,45	18,14	36,71	25,42	36,73	18,87	12,86	23,90	31,37	1086,72
RB957508	20,52	17,89	28,12	25,50	38,90	16,44	12,79	22,58	33,89	1333,47
RB957509	23,20	17,39	32,08	23,65	36,60	16,16	13,70	22,98	32,76	1243,55
RB957539	22,33	18,22	32,67	28,42	33,58	19,07	14,81	24,59	29,48	1139,91
RB957544	23,35	17,87	35,41	23,68	36,79	15,24	14,75	23,82	31,35	1124,77
RB957546	17,59	16,49	20,62	20,66	31,40	11,84	10,86	17,23	46,51	2060,82
RB957554	19,54	16,59	33,30	23,35	34,15	19,23	13,01	22,12	34,12	1297,56
RB957569	19,69	16,78	30,33	28,68	36,53	21,36	14,83	24,00	30,10	1189,05
RB957575	18,23	17,13	37,25	24,59	39,70	13,40	14,87	23,05	33,38	1110,87
RB957576	22,06	18,03	30,27	25,02	36,41	17,92	12,66	23,08	32,72	1279,17
RB957610	23,70	17,30	37,90	26,88	41,32	18,10	18,32	26,37	25,22	866,50
RB957612	20,85	19,13	30,28	28,82	40,32	18,06	17,69	25,73	27,02	1090,66
RB957615	20,59	16,86	34,41	27,40	39,91	17,11	17,45	24,90	28,47	1036,23
RB957638	21,38	16,45	29,76	27,29	36,32	19,11	16,13	23,66	30,33	1232,15
RB957649	21,33	17,74	33,84	27,15	37,39	22,41	19,44	26,15	25,00	1024,60
RB957689	24,47	16,29	32,26	24,79	34,70	20,26	16,43	24,08	29,24	1182,74
RB957695	20,58	16,70	30,12	25,67	30,48	18,50	14,09	21,96	34,25	1403,62
RB957697	22,60	17,61	31,86	26,88	39,99	20,23	17,77	25,79	26,40	1060,44
RB957712	24,03	18,68	30,87	28,68	40,26	26,77	15,28	27,31	24,26	990,93
RB957743	21,71	17,16	32,84	27,66	38,70	15,89	12,48	23,61	32,43	1124,61

Continua...

Tabela 5 – Cont.

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB957751	22,34	16,78	27,92	27,07	36,79	19,52	15,91	23,57	30,22	1274,48
RB967505	22,21	17,66	34,78	26,16	34,12	16,11	16,96	24,22	29,93	1128,60
RB967510	21,22	17,22	28,15	21,23	36,31	18,81	16,61	22,58	32,45	1443,15
RB967561	19,57	17,95	34,02	30,19	38,14	24,27	12,41	25,55	28,44	999,24
RB967585	20,55	18,14	35,31	25,46	35,91	16,77	17,55	24,44	29,24	1108,94
RB967589	20,76	17,57	32,53	25,95	35,34	17,20	19,24	24,28	28,92	1182,91
RB967590	20,46	17,59	37,22	27,78	39,56	19,69	15,10	25,56	27,77	944,01
RB967603	22,86	18,71	35,07	26,97	38,08	21,31	15,96	26,21	26,02	982,25
RB967623	24,59	17,18	34,30	25,09	37,97	17,47	17,42	25,18	27,91	1058,07
RB967672	22,92	17,30	27,43	25,01	33,12	17,39	12,76	22,13	34,73	1445,22
RB977509	22,56	18,61	32,03	25,10	41,22	21,32	18,28	26,32	25,40	1057,84
SP85-3877	21,82	16,83	32,87	26,46	37,39	24,48	16,59	25,30	26,74	1075,90
SP86-42	24,50	18,93	34,34	29,63	37,34	18,78	18,26	27,11	24,58	940,40
SP87-365	20,21	17,95	33,79	27,51	39,01	17,35	12,00	24,00	31,94	1099,86
(%)CV	18,5286	25,045	10,3684	16,2769	9,5807	20,9794	27,6585			
QMR	15,6205	19,0738	11,1975	17,7385	12,1396	14,4073	18,2317			

OBS: Os valores destacados representam os 14 clones com maior valor genotípico ou menores estimativas de Pi.
 Pig-DRRB-CV, Pig-TQ-CV: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

$$(\%)CV : \text{Coeficiente de variação residual} = \frac{\sqrt{\text{QMR}}}{m} \times 100$$

QMR : Quadrado médio do resíduo

Tabela 6 – Valores genotípicos dos 72 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, considerando as análises individual e conjunta (Conj) e estimativas dos valores de Pi estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV para a característica toneladas de cana por hectare (TCH)

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB72454	125,29	90,58	179,39	134,57	167,41	78,16	77,95	121,89	534,53	77375,14
RB835486	120,12	69,57	129,23	124,02	125,51	70,25	69,58	101,84	770,24	113658,78
RB845210	125,95	82,01	153,77	131,13	170,85	82,55	62,47	116,17	623,02	92474,03
RB855595	116,34	81,42	155,85	127,29	165,83	71,58	81,38	114,80	609,21	95761,98
RB867515	124,26	80,02	182,29	145,84	182,80	93,14	81,38	128,55	487,39	70027,40
RB896391	119,66	77,59	181,76	126,24	180,80	97,02	62,36	119,90	583,26	84185,26
RB896406	117,10	93,14	177,43	139,59	174,45	97,69	54,08	123,85	570,84	78842,22
RB928064	122,80	87,37	191,22	142,55	177,58	93,56	67,78	128,74	515,77	70612,79
RB928168	112,72	79,04	149,21	110,74	152,99	103,97	74,60	111,26	623,09	101206,74
RB937553	101,01	85,26	154,66	128,71	165,29	94,96	65,36	112,72	624,52	97633,18
RB937568	120,73	84,28	165,20	126,10	160,39	81,08	70,33	116,36	606,72	90260,40
RB937570	117,42	84,49	174,36	134,55	176,98	97,60	60,93	121,23	571,43	82304,16
RB937638	104,55	81,48	140,19	128,93	155,79	58,83	56,58	101,42	773,73	117011,11
RB947501	112,55	87,89	176,34	134,17	170,04	97,87	49,45	118,18	620,53	85717,07
RB947506	102,43	82,42	168,90	135,26	170,25	73,33	57,51	111,02	676,08	98549,34
RB947519	119,54	92,03	153,02	135,10	149,71	84,36	76,15	118,09	577,58	86855,47
RB947520	117,58	86,73	178,93	154,62	175,45	105,70	73,69	130,48	481,53	67042,42
RB947532	116,49	74,65	174,96	128,86	177,39	73,61	78,81	117,12	596,19	89712,65
RB947547	106,72	76,35	153,02	111,43	136,37	68,11	57,70	96,83	793,00	117761,36
RB947565	103,88	74,16	136,71	104,29	149,67	42,52	55,04	89,78	900,95	140846,74
RB947568	116,41	80,23	137,95	122,52	145,49	73,32	46,84	100,36	785,75	114516,89
RB947575	128,01	83,42	151,38	123,90	175,42	69,36	75,43	115,71	612,12	96133,85
RB947577	104,79	83,08	180,13	141,31	176,54	80,85	77,51	120,71	559,10	83518,45
RB947583	127,59	82,06	168,59	138,93	156,45	79,68	64,21	117,16	612,04	83507,80
RB947596	97,30	95,90	161,46	139,82	162,49	80,69	66,43	116,30	613,63	93060,95
RB947603	124,13	84,98	161,86	131,91	151,49	80,61	72,80	116,16	599,65	86935,03
RB947609	117,88	85,33	147,20	110,95	143,25	72,65	71,14	106,47	691,06	108237,97
RB947624	119,44	82,02	159,55	127,04	164,01	73,56	71,40	114,59	628,41	94964,08
RB947625	120,10	85,84	146,98	107,44	143,55	63,53	64,47	103,62	739,08	113744,17
RB947639	123,56	81,08	161,72	106,56	145,18	67,95	45,41	101,48	792,26	111672,95
RB947643	145,89	71,18	169,84	138,90	165,51	74,77	60,56	116,59	634,62	82113,38
RB947645	113,73	82,86	160,30	134,81	151,98	82,31	53,94	109,51	680,95	95219,82
RB947648	127,88	75,27	158,75	127,65	158,82	92,57	69,68	115,06	605,25	88751,04
RB947649	140,76	81,68	171,46	125,07	162,37	71,76	70,17	118,14	605,24	84417,54
RB947653	109,69	85,76	142,44	116,11	117,53	59,05	54,17	95,31	836,62	119991,51
RB947656	105,27	77,19	173,70	129,75	152,78	84,84	85,22	114,72	589,76	86659,50
RB947663	112,46	88,14	140,75	138,73	161,23	92,04	61,08	114,04	628,16	94998,07
RB947677	122,98	73,98	167,32	140,36	170,33	92,14	66,93	117,73	586,57	82978,00
RB947679	112,26	87,08	186,45	131,10	167,38	89,16	54,97	118,00	616,45	85008,12
RB957508	113,92	87,90	141,83	134,12	178,69	79,68	57,01	113,03	653,92	100954,08
RB957509	132,25	84,96	167,47	123,99	167,33	79,31	60,41	116,69	622,55	89002,41
RB957539	124,14	86,15	158,88	141,73	151,90	88,72	65,54	118,21	594,03	82983,76
RB957544	133,50	85,60	168,51	117,55	157,30	69,04	60,19	112,91	665,88	93915,88
RB957546	105,20	78,07	109,69	104,90	143,00	53,46	45,87	86,33	938,99	150678,19
RB957554	114,02	79,24	164,76	115,33	149,50	88,82	54,37	106,81	701,53	101582,14
RB957569	109,51	80,99	157,26	145,86	163,94	98,99	62,78	117,09	600,02	86257,56
RB957575	103,22	82,62	179,39	122,16	174,87	63,45	64,56	111,07	677,50	101799,33
RB957576	119,33	87,08	146,11	128,05	158,40	82,53	54,36	110,29	677,46	100281,32
RB957610	124,15	80,37	180,61	129,20	176,58	81,93	72,35	119,95	567,00	82423,82
RB957612	116,35	92,02	155,50	145,81	178,47	81,43	74,66	123,71	544,34	83504,42
RB957615	117,68	81,99	178,72	138,06	175,25	77,58	73,04	121,25	570,45	82534,27
RB957638	118,69	79,81	152,50	140,34	162,95	87,62	67,56	115,42	607,70	89238,45
RB957649	122,57	83,12	177,40	140,70	167,34	101,64	83,74	128,03	484,90	70595,07
RB957689	143,53	77,71	166,01	126,52	157,85	95,04	70,46	119,89	569,40	80009,67
RB957695	119,05	77,43	152,56	134,39	134,78	86,33	59,97	107,75	688,60	94976,65
RB957697	124,15	82,50	156,87	130,80	169,66	87,50	74,92	119,47	569,03	87383,46
RB957712	140,55	90,53	167,97	145,93	179,93	127,32	65,44	135,72	457,09	63430,22
RB957743	122,56	82,16	171,60	140,46	169,88	71,58	53,32	115,35	658,28	89027,33

Continua...

Tabela 6 – Cont.

Genótipos	AGR	ATE	DAB	DWD	UAP	UJA	UTR	Conj	Pig DRRB-CV	Pig TQ-CV
RB957751	128,48	79,12	143,35	139,34	160,22	90,97	69,90	115,47	597,04	88337,69
RB967505	131,61	86,32	176,72	133,36	157,37	74,88	72,33	120,90	578,37	79787,97
RB967510	123,10	81,95	140,14	106,04	163,21	84,43	67,15	108,68	670,42	110349,83
RB967561	108,40	85,74	171,11	153,57	173,05	112,26	51,77	123,27	577,62	77156,76
RB967585	113,93	89,18	177,54	129,68	158,92	78,29	75,60	118,76	578,70	85288,86
RB967589	119,89	84,18	171,15	137,92	156,12	79,29	82,20	120,32	558,04	80956,38
RB967590	117,69	84,77	186,83	137,93	179,90	91,84	66,92	125,03	542,18	76795,24
RB967603	119,87	90,15	171,69	131,51	170,92	95,72	66,23	122,95	551,60	81296,31
RB967623	127,08	80,59	163,83	124,17	160,11	78,73	73,02	115,76	608,78	90198,48
RB967672	127,60	83,22	144,26	131,25	152,81	81,96	56,71	110,79	673,03	96995,33
RB977509	119,47	87,31	159,13	124,31	174,13	95,53	80,81	122,61	531,13	86452,07
SP85-3877	121,80	80,28	167,55	132,69	173,32	117,38	72,43	124,30	516,44	77181,41
SP86-42	134,37	92,45	167,46	145,44	165,01	85,34	76,12	128,07	509,36	71719,55
SP87-365	110,65	84,45	166,64	140,08	177,33	80,59	51,84	115,45	651,62	92490,02
(%)CV	15,6388	24,0684	9,1048	14,4641	10,3457	20,988	30,7521			
QMR	347,762	400,613	218,349	357,357	282,508	305,482	411,435			

OBS: Os valores destacados representam os 14 clones com maior valor genotípico ou menores estimativas de Pi. Pig-DRRB-CV, Pig-TQ-CV: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

$$(\%)CV : \text{Coeficiente de variação residual} = \frac{\sqrt{\text{QMR}}}{m} \times 100$$

QMR : Quadrado médio do resíduo

valor foi de 2,11, predito para o genótipo RB947577, enquanto para TBH, 41,32, predito para o genótipo RB957610. Este genótipo também apresentou o maior valor genotípico para Brix, que foi 25,39 no ambiente UTR.

Confrontando esses resultados com os dados obtidos para as testemunhas, verifica-se quanto estes foram superiores.

Para Brix, a testemunha RB72454 apresentou valores que variaram entre 17,70 e 22,58. Em todos os ambientes, a testemunha RB835486 apresentou valores genotípicos para Brix superiores àqueles preditos para a testemunha RB72454. Estes variaram entre 19,44 e 24,34. Ambas apresentaram o menor valor genotípico para Brix no ambiente AGR e o maior valor genotípico para Brix no ambiente UTR (Tabela 2).

Para o NC, os menores valores genotípicos preditos para as testemunhas foram 71,52 no ambiente UJA e 56,67 no ambiente ATE para RB72454 e RB835486, respectivamente. Já os maiores valores genotípicos preditos para essas testemunhas foram 164,88 e 134,54, ambos no ambiente DAB (Tabela 3).

Para o PMC, os menores valores genotípicos preditos para as testemunhas RB72454 e RB835486 foram 1,14 e 1,21 respectivamente, ambos no ambiente UTR. Já

os maiores valores genotípicos preditos para elas foram 1,70 e 1,68 no ambiente UAP, respectivamente (Tabela 4).

Para a TBH, a testemunha RB72454 apresentou valores genotípicos que variaram entre 16,99 e 36,71 e a testemunha RB835486, valores genotípicos que variaram entre 16,50 e 30,24. O menor e o maior valor genotípico, preditos para essas testemunhas, aconteceram nos ambientes UJA e UAP, respectivamente (Tabela 5).

Por fim, verificou-se que para a característica TCH a testemunha RB72454 apresentou valores genotípicos que variaram entre 77,95 e 179,39, enquanto para a testemunha RB835486 esses valores oscilaram entre 69,58 e 129,23. O menor e o maior valor genotípico, preditos para essas testemunhas, aconteceram nos ambientes UTR e DAB, respectivamente (Tabela 6).

É notória a superioridade da testemunha RB72454 em relação à RB835486. Com exceção do Brix, em que a RB835486 foi superior à RB72454 em todos os ambientes, para todas as demais características avaliadas a RB72454 mostrou-se superior à RB835486, valores esses confirmados pela análise conjunta. Tal fato era esperado, uma vez que a RB835486 é utilizada como referência para Brix e a RB72454 o é para produtividade.

Avaliando os valores genotípicos preditos, obtidos pela análise conjunta, também se verificou que muitos clones foram superiores às testemunhas. Entretanto, para Brix, notou-se que apenas um clone (RB957610) foi superior à testemunha RB835486 e aqueles que se mostraram superiores à RB72454 não apresentaram valores tão distantes com relação aos desta.

A superioridade da média dos selecionados em relação à média de todos os 70 genótipos (excluídas as testemunhas) permitiu obter ganhos com a seleção em todos os ambientes, para todas as características avaliadas (Tabelas 7, 8, 9, 10 e 11).

Os ganhos diretos preditos para Brix variaram entre 3,0559% e 6,0702% (Tabela 7). O maior ganho foi no ambiente AGR e o menor, no ambiente ATE. Com exceção do ambiente ATE, cujo menor ganho foi estimado para a característica PMC, em todos os demais ambientes o Brix apresentou os menores ganhos diretos. Entretanto, esses valores mostram-se bem próximos aos encontrados na literatura. Chang e Milligan (1992), Gravois e Milligan (1992) e Hogarth (1971) estimaram ganhos para o Brix da ordem de 3,8%, 3,8% e 6,03%, respectivamente. Estimativas superiores a essas foram obtidas por Bressiani et al. (2002) e Hogarth (1971) com a seleção baseada em médias de famílias. Os valores estimados foram 7,7% e 8,6%, respectivamente.

Tabela 7 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção (GS), obtidos em sete ambientes a partir da seleção direta baseada nos valores genotípicos de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica Brix médio por parcela (BRIX)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	GS _j	GS(%)
AGR	17,7820	18,8614	1,0794	6,0702
ATE	20,9560	21,5964	0,6404	3,0559
DAB	19,4850	20,4979	1,0129	5,1984
DWD	19,6430	20,7271	1,0841	5,5190
UAP	22,3367	23,4686	1,1319	5,0674
UJA	21,7110	22,6607	0,9497	4,3743
UTR	22,7251	23,8914	1,1663	5,1322

Tabela 8 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção (GS), obtidos em sete ambientes a partir da seleção direta baseada nos valores genotípicos de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica número de colmos por parcela (NC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	GS _j	GS(%)
AGR	115,4064	136,2829	20,8764	18,0895
ATE	77,4581	91,8229	14,3647	18,5451
DAB	158,0630	180,5100	22,4470	14,2013
DWD	117,9604	138,0929	20,1324	17,0671
UAP	143,7216	161,4671	17,7456	12,3472
UJA	80,9553	103,2093	22,2540	27,4892
UTR	82,7921	102,3921	19,6000	23,6738

Tabela 9 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção (GS), obtidos em sete ambientes a partir da seleção direta baseada nos valores genotípicos de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica peso médio do colmo (PMC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	GS _j	GS(%)
AGR	1,4577	1,5679	0,1101	7,5530
ATE	1,5351	1,5507	0,0156	1,0162
DAB	1,4979	1,7750	0,2771	18,4992
DWD	1,5806	1,8629	0,2823	17,8597
UAP	1,7037	1,9029	0,1991	11,6863
UJA	1,4816	1,7071	0,2256	15,2268
UTR	1,0817	1,2686	0,1861	17,2081

Tabela 10 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção (GS), obtidos em sete ambientes a partir da seleção direta baseada nos valores genotípicos de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	GS _j	GS(%)
AGR	21,2837	23,9421	2,6584	12,4903
ATE	17,4577	18,6629	1,2051	6,9030
DAB	32,3180	36,5371	4,2191	13,0550
DWD	25,8736	28,8171	2,9436	11,3768
UAP	36,4493	40,3400	3,8907	10,6743
UJA	18,1310	22,3229	4,1919	23,1201
UTR	15,3769	18,3771	3,0003	19,5117

Tabela 11 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção (GS), obtidos em sete ambientes a partir da seleção direta baseada nos valores genotípicos de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente e preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de cana por hectare (TCH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	GS _j	GS(%)
AGR	119,1453	133,5071	14,3619	12,0541
ATE	83,2481	90,0779	6,8297	8,2040
DAB	162,5241	181,1014	18,5773	11,4305
DWD	130,7350	144,6086	13,8736	10,6120
UAP	162,9210	178,1329	15,2119	9,3370
UJA	83,5357	103,1236	19,5879	23,4485
UTR	65,7363	78,8521	13,1159	19,9523

Os ganhos diretos, preditos para a característica NC nos ambientes AGR, ATE, UAP, UJA e UTR, foram superiores aos ganhos das demais características avaliadas nesses ambientes. Os maiores valores foram 23,6738% e 27,4892% nos ambientes UTR e UJA, respectivamente (Tabela 8). Nos ambientes DAB e DWD, os ganhos diretos preditos para NC atingiram o valor de 14,2013% e 17,0671, sendo superados apenas pelos ganhos diretos preditos para a característica PMC.

Quanto à característica PMC, verificou-se a tendência de os ambientes AGR e ATE apresentarem ganhos diretos bastante inferiores em relação aos demais ambientes. Esses ganhos foram da ordem de 7,5530% e 1,0162%, enquanto nos demais ambientes eles variaram entre 11,6863% e 18,4992% (Tabela 9).

Por fim, verificou-se que os ganhos obtidos para as características TBH e TCH seguiram um padrão bastante semelhante entre os ambientes, ou seja, ambas apresentaram as maiores estimativas de ganho no ambiente UJA (23,1201% para TBH e 23,4485% para TCH) e as menores no ambiente ATE (6,9030% para TBH e 8,2040% para TCH). Valores intermediários a esses foram encontrados nos demais ambientes (Tabelas 10 e 11). Bressiani et al. (2002) estimaram ganhos diretos para TBH da ordem de 15,9% e 8,7% e para TCH da ordem de 14,8% e 13,1%.

Os ganhos indiretos, quando a seleção é praticada com base no desempenho médio obtido na análise conjunta, foram inferiores aos ganhos diretos para todas as características avaliadas (Tabelas 12, 13, 14, 15 e 16). No entanto, notou-se que naqueles ambientes onde os ganhos diretos foram superiores também o foram os ganhos indiretos. O mesmo foi verificado em ambientes onde os ganhos diretos foram inferiores, como é o caso do ambiente ATE.

Na Tabela 12, apresentam-se os ganhos indiretos para Brix quando a seleção é baseada nos valores genotípicos da análise conjunta dos ambientes. Verifica-se que em todos os ambientes esses ganhos indiretos apresentaram valores bem próximos aos ganhos diretos. Estes variaram entre 1,8052% e 4,9967%. Da mesma forma que nos ganhos diretos (Tabela 7), também neste caso essa característica apresentou os menores ganhos indiretos estimados para todos os ambientes, com exceção apenas do ambiente ATE, cujo menor ganho indireto foi para o PMC.

Ganhos indiretos para Brix da ordem de 4,9% e 5,3% com a seleção baseada na média de dois locais foram estimados por Jackson et al. (1995) e Bressiani et al. (2002), respectivamente. Entretanto, esses autores trabalharam com dados de famílias, o que resultou em ganhos maiores do que os apresentados neste trabalho.

Quanto ao NC (Tabela 13), os ganhos indiretos, quando a seleção é baseada nos valores genotípicos da análise conjunta dos ambientes, variaram entre 9,9149% e 20,0779%. Quando comparados aos ganhos diretos (Tabela 8), verificou-se que para os ambientes ATE e UJA houve uma considerável redução no ganho que foi de aproximadamente 8 pontos percentuais. Para os demais ambientes, essa redução foi da ordem de 3 pontos percentuais, aproximadamente. Também neste caso os maiores ganhos foram estimados nos ambientes UJA e UTR.

Semelhantemente aos ganhos diretos estimados para o PMC (Tabela 9), também os ganhos indiretos, quando a seleção se baseou nos valores genotípicos da análise conjunta dos ambientes, foram consideravelmente baixos nos ambientes AGR (3,9308%) e ATE (0,2215), comparados aos demais ambientes avaliados (Tabela 14). Para os demais ambientes, os ganhos indiretos variaram entre 10,3481% e 16,3095%. A maior redução no ganho dessa variável, em detrimento da seleção indireta baseada na análise conjunta, ocorreu no ambiente UTR.

Tabela 12 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(c)}$), baseada nos valores genotípicos da análise conjunta de sete ambientes utilizando 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica Brix médio por parcela (BRIX)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(c)}$	$GS_{j(c)} (\%)$
AGR	17,7820	18,6300	0,8480	4,7689
ATE	20,9560	21,3343	0,3783	1,8052
DAB	19,4850	20,4586	0,9736	4,9967
DWD	19,6430	20,5957	0,9527	4,8501
UAP	22,3367	23,1979	0,8611	3,8551
UJA	21,7110	22,4829	0,7719	3,5553
UTR	22,7251	23,5157	0,7906	3,4790

$GS_{j(c)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base no desempenho médio obtido na análise conjunta de todos os ambientes.

Tabela 13 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(c)}$), baseada nos valores genotípicos da análise conjunta de sete ambientes utilizando 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica número de colmos por parcela (NC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(c)}$	$GS_{j(c)} (\%)$
AGR	115,4064	133,6679	18,2614	15,8236
ATE	77,4581	85,5779	8,1197	10,4827
DAB	158,0630	176,7621	18,6991	11,8302
DWD	117,9604	135,1679	17,2074	14,5874
UAP	143,7216	157,9714	14,2499	9,9149
UJA	80,9553	96,7243	15,7690	19,4787
UTR	82,7921	99,4150	16,6229	20,0779

$GS_{j(c)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base no desempenho médio obtido na análise conjunta de todos os ambientes.

Tabela 14 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(c)}$), baseada nos valores genotípicos da análise conjunta de sete ambientes utilizando 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica peso médio do colmo (PMC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(c)}$	$GS_{j(c)} (\%)$
AGR	1,4577	1,5150	0,0573	3,9308
ATE	1,5351	1,5386	0,0034	0,2215
DAB	1,4979	1,7421	0,2443	16,3095
DWD	1,5806	1,8107	0,2301	14,5578
UAP	1,7037	1,8800	0,1763	10,3481
UJA	1,4816	1,6500	0,1684	11,3661
UTR	1,0817	1,2143	0,1326	12,2585

$GS_{j(c)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base no desempenho médio obtido na análise conjunta de todos os ambientes.

Tabela 15 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(c)}$), baseada nos valores genotípicos da análise conjunta de sete ambientes utilizando 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(c)}$	$GS_{j(c)} (\%)$
AGR	21,2837	22,3164	1,0327	4,8521
ATE	17,4577	18,1800	0,7223	4,1374
DAB	32,3180	34,7686	2,4506	7,5828
DWD	25,8736	28,0143	2,1407	8,2737
UAP	36,4493	39,6143	3,1650	8,6833
UJA	18,1310	20,8964	2,7654	15,2523
UTR	15,3769	16,8086	1,4317	9,3107

$GS_{j(c)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base no desempenho médio obtido na análise conjunta de todos os ambientes.

Tabela 16 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(c)}$), baseada nos valores genotípicos da análise conjunta de sete ambientes utilizando 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de cana por hectare (TCH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(c)}$	$GS_{j(c)} (\%)$
AGR	119,1453	121,4636	2,3183	1,9458
ATE	83,2481	86,8300	3,5819	4,3027
DAB	162,5241	173,8021	11,2780	6,9393
DWD	130,7350	141,3250	10,5900	8,1004
UAP	162,9210	174,8286	11,9076	7,3088
UJA	83,5357	98,2950	14,7593	17,6683
UTR	65,7363	70,5779	4,8416	7,3652

$GS_{j(c)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base no desempenho médio obtido na análise conjunta de todos os ambientes.

Para as características TBH e TCH, os maiores ganhos indiretos, quando a seleção se baseou nos valores genotípicos da análise conjunta dos ambientes, foram para o ambiente UJA (15,2523% e 17,6683%, respectivamente). E, ao contrário do que foi relatado para a seleção direta (Tabelas 10 e 11), o ganho estimado para o ambiente UTR foi bastante reduzido quando da constatação da seleção indireta. Esse ganho se reduziu em aproximadamente 10 e 12 pontos percentuais para as características TBH e TCH, respectivamente (Tabelas 15 e 16). Considerando todas as características e ambientes avaliados, essas foram as maiores quedas verificadas para o caso dessa seleção indireta.

Ganhos indiretos para as características TBH e TCH quando a seleção se baseou na média de dois locais também foram estimados por Jackson et al. (1995) e Bressiani et al. (2002), que foram da ordem de 7,7% e 9% para a TBH e 7,9% e 9,9% para a TCH.

Os ganhos indiretos quando a seleção é baseada nas estimativas de Π (Tabelas 17 a 26) foram bastante semelhantes entre si e entre os ganhos indiretos quando a seleção se baseou na análise conjunta. Isso ocorreu para todas as características avaliadas. Inclusive, no caso particular da variável Brix, os ganhos indiretos baseados na análise conjunta e nos valores de Π estimados pela metodologia DRRB-CV foram

Tabela 17 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia DRRB-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica Brix médio por parcela (BRIX)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	17,7820	18,6300	0,8480	4,7689
ATE	20,9560	21,3343	0,3783	1,8052
DAB	19,4850	20,4586	0,9736	4,9967
DWD	19,6430	20,5957	0,9527	4,8501
UAP	22,3367	23,1979	0,8611	3,8551
UJA	21,7110	22,4829	0,7719	3,5553
UTR	22,7251	23,5157	0,7906	3,4790

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 18 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia DRRB-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica número de colmos por parcela (NC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	115,4064	133,3586	17,9521	15,5555
ATE	77,4581	85,7543	8,2961	10,7104
DAB	158,0630	175,6764	17,6134	11,1433
DWD	117,9604	134,7293	16,7689	14,2157
UAP	143,7216	158,1350	14,4134	10,0287
UJA	80,9553	97,2379	16,2826	20,1131
UTR	82,7921	100,0536	17,2614	20,8491

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 19 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia DRRB-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica peso médio do colmo (PMC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	1,4577	1,5100	0,0523	3,5878
ATE	1,5351	1,5371	0,0020	0,1303
DAB	1,4979	1,7429	0,2450	16,3562
DWD	1,5806	1,7893	0,2087	13,2038
UAP	1,7037	1,8779	0,1741	10,2189
UJA	1,4816	1,6514	0,1699	11,4673
UTR	1,0817	1,2293	0,1476	13,6452

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 20 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia DRRB-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	21,2837	22,1821	0,8984	4,2211
ATE	17,4577	18,0286	0,5709	3,2702
DAB	32,3180	34,4893	2,1713	6,7185
DWD	25,8736	27,8679	1,9943	7,7079
UAP	36,4493	39,4721	3,0229	8,2934
UJA	18,1310	21,0943	2,9633	16,3438
UTR	15,3769	17,3243	1,9474	12,6645

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 21 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia DRRB-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de cana por hectare (TCH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	119,1453	121,8671	2,7219	2,2845
ATE	83,2481	85,8843	2,6361	3,1666
DAB	162,5241	174,1329	11,6087	7,1428
DWD	130,7350	139,6971	8,9621	6,8552
UAP	162,9210	173,8636	10,9426	6,7165
UJA	83,5357	95,0479	11,5121	13,7811
UTR	65,7363	74,3757	8,6394	13,1425

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 22 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia TQ-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica Brix médio por parcela (BRIX)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	17,7820	18,7657	0,9837	5,5320
ATE	20,9560	21,3471	0,3911	1,8663
DAB	19,4850	20,4450	0,9600	4,9269
DWD	19,6430	20,6507	1,0077	5,1301
UAP	22,3367	23,1900	0,8533	3,8202
UJA	21,7110	22,5807	0,8697	4,0058
UTR	22,7251	23,5486	0,8234	3,6233

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 23 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia TQ-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, para a característica número de colmos por parcela (NC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	115,4064	133,3514	17,9450	15,5494
ATE	77,4581	84,9486	7,4904	9,6703
DAB	158,0630	176,1714	18,1084	11,4564
DWD	117,9604	135,9043	17,9439	15,2118
UAP	143,7216	158,3850	14,6634	10,2026
UJA	80,9553	95,4543	14,4990	17,9099
UTR	82,7921	99,6536	16,8614	20,3660

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 24 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s), e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia TQ-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica peso médio do colmo (PMC)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (\%)$
AGR	1,4577	1,5214	0,0637	4,3699
ATE	1,5351	1,5379	0,0027	0,1759
DAB	1,4979	1,6993	0,2014	13,4455
DWD	1,5806	1,8064	0,2259	14,2920
UAP	1,7037	1,8614	0,1577	9,2563
UJA	1,4816	1,5950	0,1134	7,6539
UTR	1,0817	1,2386	0,1569	14,5049

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 25 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia TQ-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(Pi)}$	$GS_{j(Pi)} (%)$
AGR	21,2837	22,3400	1,0563	4,9630
ATE	17,4577	17,7507	0,2930	1,6783
DAB	32,3180	35,7393	3,4213	10,5864
DWD	25,8736	28,2307	2,3571	9,1101
UAP	36,4493	39,4079	2,9586	8,1170
UJA	18,1310	20,7257	2,5947	14,3108
UTR	15,3769	15,8221	0,4453	2,8959

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual.

Tabela 26 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(Pi)}$), baseada nos valores de Pi, estimados pela metodologia TQ-CV^{1/}, de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de cana por hectare (TCH)

AMBIENTES	\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(c)}$	$GS_{j(Pi)} (%)$
AGR	119,1453	124,4300	5,2847	4,4355
ATE	83,2481	85,8936	2,6454	3,1777
DAB	162,5241	175,2686	12,7444	7,8415
DWD	130,7350	140,5836	9,8486	7,5333
UAP	162,9210	170,7921	7,8711	4,8312
UJA	83,5357	97,9143	14,3786	17,2125
UTR	65,7363	70,3264	4,5901	6,9826

$GS_{j(Pi)}$: Ganho esperado no ambiente j, quando a seleção é praticada com base nos valores de Pi.

^{1/} Trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual.

exatamente os mesmos. Assim, considerou-se que os ganhos baseados em P_i , estimados pelas duas metodologias adaptadas por Carneiro (1998), não diferiram dos baseados na análise conjunta, uma vez que os valores das estimativas foram muito próximos. Desse modo, a discussão dos ganhos indiretos baseados na análise conjunta também é válida para os ganhos indiretos baseados em P_i , com pequenas modificações nos valores apresentados. Uma única exceção aconteceu no ambiente UTR para a característica TBH, em que o ganho predito quando a seleção se baseou nos valores de P_i estimados pela metodologia TQ-CV foi bastante inferior aos demais ganhos indiretos em questão.

Nas Tabelas 27, 28, 29, 30 e 31, encontram-se os ganhos indiretos quando a seleção é praticada no ambiente j' e o ganho é estimado no ambiente j .

Da mesma forma como aconteceu com os ganhos indiretos para Brix quando a seleção é baseada nos valores genotípicos da análise conjunta ou nos valores de P_i , também no presente caso a seleção indireta apresentou ganhos inferiores àqueles estimados com a seleção direta. O maior ganho para Brix foi de 4,9539 para o ambiente AGR quando a seleção foi praticada no ambiente DWD. E o menor ganho foi de 0,7382 para o ambiente ATE quando a seleção foi praticada também no ambiente DWD (Tabela 27).

Para o NC, o maior ganho foi para o ambiente UJA, quando a seleção foi praticada no ambiente UTR (18,5425). Em média, os ambientes UJA, UTR e DWD apresentaram os maiores ganhos indiretos quando a seleção se baseou no ambiente j' . O menor ganho foi para o ambiente AGR, com a seleção praticada em UJA (3,1250) (Tabela 28).

Valores negativos para a estimativa do ganho indireto quando a seleção é baseada no ambiente j' foram verificados para as características PMC, TBH e TCH (Tabelas 29, 30 e 31). Para as três características, as menores estimativas desses ganhos ocorreram nos ambientes AGR e ATE. Elas foram as menores estimativas de ganhos para esses ambientes considerando todos os demais ganhos avaliados, ou seja, ganhos diretos e ganhos indiretos baseados na análise conjunta e nos valores de P_i . Para o PMC, a maior estimativa desse ganho indireto ocorreu no ambiente DAB, quando a seleção foi realizada no ambiente UAP (13,3053). Já para as características TBH e TCH as maiores estimativas desses ganhos ocorreram no ambiente UJA, com a seleção realizada no ambiente DWD (11,8449 e 12,8935, respectivamente).

Tabela 27 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(j')}$), considerando todas as possíveis combinações de pares de ambientes, através da análise de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica Brix médio por parcela (BRIX)

Pares de Ambientes		\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(j')}$	$GS_{j(j')} (\%)$
j	j'				
AGR	ATE	17,7820	18,1886	0,4066	2,2866
AGR	DAB	17,7820	18,4821	0,7001	3,9371
AGR	DWD	17,7820	18,6629	0,8809	4,9539
AGR	UAP	17,7820	18,3636	0,5816	3,2707
AGR	UJA	17,7820	18,1843	0,4023	2,2624
AGR	UTR	17,7820	18,4079	0,6259	3,5199
ATE	AGR	20,9560	21,3864	0,4304	2,0538
ATE	DAB	20,9560	21,1871	0,2349	1,1209
ATE	DWD	20,9560	21,1107	0,1547	0,7382
ATE	UAP	20,9560	21,1936	0,2376	1,1338
ATE	UJA	20,9560	21,3150	0,3590	1,7131
ATE	UTR	20,9560	21,1893	0,2333	1,1133
DAB	AGR	19,4850	20,1286	0,6436	3,3031
DAB	ATE	19,4850	19,9471	0,4621	2,3716
DAB	DWD	19,4850	20,1093	0,6243	3,2040
DAB	UAP	19,4850	20,1021	0,6171	3,1671
DAB	UJA	19,4850	20,0443	0,5593	2,8704
DAB	UTR	19,4850	20,1179	0,6329	3,2481
DWD	AGR	19,6430	20,4314	0,7884	4,0136
DWD	ATE	19,6430	20,0000	0,3570	1,8174
DWD	DAB	19,6430	20,5021	0,8501	4,3278
DWD	UAP	19,6430	20,3343	0,6913	3,5193
DWD	UJA	19,6430	20,0621	0,4191	2,1336
DWD	UTR	19,6430	20,2671	0,6241	3,1772
UAP	AGR	22,3367	22,8636	0,5269	2,3589
UAP	ATE	22,3367	22,8557	0,5190	2,3235
UAP	DAB	22,3367	23,1043	0,7550	3,3801
UAP	DWD	22,3367	22,8093	0,4726	2,1158
UAP	UJA	22,3367	22,8036	0,4669	2,0903
UAP	UTR	22,3367	22,9379	0,6011	2,6911
UJA	AGR	21,7110	22,2357	0,5247	2,4167
UJA	ATE	21,7110	22,3350	0,6240	2,8741
UJA	DAB	21,7110	22,2414	0,5046	2,3242
UJA	DWD	21,7110	22,1057	0,3947	1,8180
UJA	UAP	21,7110	22,2857	0,5747	2,6470
UJA	UTR	21,7110	22,4486	0,7376	3,3974
UTR	AGR	22,7251	23,1264	0,4013	1,7659
UTR	ATE	22,7251	23,2729	0,5477	2,4101
UTR	DAB	22,7251	23,3729	0,6273	2,7604
UTR	DWD	22,7251	23,3586	0,6334	2,7872
UTR	UAP	22,7251	23,2307	0,5056	2,2249
UTR	UJA	22,7251	23,4464	0,7213	3,1740

$GS_{j(j')}$: Ganho no ambiente j resultante da seleção no ambiente j'.

Tabela 28 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(j')}$), considerando todas as possíveis combinações de pares de ambientes, através da análise de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica número de colmos por parcela (NC)

Pares de Ambientes		\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(j')}$	$GS_{j(j')} (\%)$
j	j'				
AGR	ATE	115,4064	120,5700	5,1636	4,4743
AGR	DAB	115,4064	126,5207	11,1143	9,6306
AGR	DWD	115,4064	124,8743	9,4679	8,2040
AGR	UAP	115,4064	124,7586	9,3521	8,1036
AGR	UJA	115,4064	119,0129	3,6064	3,1250
AGR	UTR	115,4064	125,4671	10,0607	8,7176
ATE	AGR	77,4581	82,6614	5,2033	6,7176
ATE	DAB	77,4581	82,5807	5,1226	6,6134
ATE	DWD	77,4581	86,2050	8,7469	11,2924
ATE	UAP	77,4581	83,3371	5,8790	7,5899
ATE	UJA	77,4581	85,3336	7,8754	10,1673
ATE	UTR	77,4581	85,2721	7,8140	10,0880
DAB	AGR	158,0630	174,0714	16,0084	10,1279
DAB	ATE	158,0630	165,7964	7,7334	4,8926
DAB	DWD	158,0630	171,9314	13,8684	8,7740
DAB	UAP	158,0630	174,2936	16,2306	10,2684
DAB	UJA	158,0630	168,6486	10,5856	6,6971
DAB	UTR	158,0630	167,4750	9,4120	5,9546
DWD	AGR	117,9604	131,5507	13,5903	11,5211
DWD	ATE	117,9604	130,5271	12,5667	10,6533
DWD	DAB	117,9604	129,6579	11,6974	9,9164
DWD	UAP	117,9604	131,6807	13,7203	11,6313
DWD	UJA	117,9604	130,7143	12,7539	10,8120
DWD	UTR	117,9604	132,6693	14,7089	12,4694
UAP	AGR	143,7216	156,2886	12,5670	8,7440
UAP	ATE	143,7216	150,5686	6,8470	4,7641
UAP	DAB	143,7216	155,8314	12,1099	8,4259
UAP	DWD	143,7216	154,3271	10,6056	7,3793
UAP	UJA	143,7216	154,0779	10,3563	7,2058
UAP	UTR	143,7216	154,9536	11,2320	7,8151
UJA	AGR	80,9553	91,8214	10,8661	13,4223
UJA	ATE	80,9553	90,1943	9,2390	11,4125
UJA	DAB	80,9553	92,9521	11,9969	14,8192
UJA	DWD	80,9553	91,1400	10,1847	12,5806
UJA	UAP	80,9553	95,2243	14,2690	17,6258
UJA	UTR	80,9553	95,9664	15,0111	18,5425
UTR	AGR	82,7921	96,8386	14,0464	16,9659
UTR	ATE	82,7921	92,0457	9,2536	11,1769
UTR	DAB	82,7921	90,6814	7,8893	9,5290
UTR	DWD	82,7921	95,9393	13,1471	15,8797
UTR	UAP	82,7921	95,2564	12,4643	15,0549
UTR	UJA	82,7921	94,3543	11,5621	13,9652

$GS_{j(j')}$: Ganho no ambiente j resultante da seleção no ambiente j'.

Tabela 29 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(j')}$), considerando todas as possíveis combinações de pares de ambientes, através da análise de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica peso médio do colmo (PMC)

Pares de Ambientes		\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(j')}$	$GS_{j(j')} (\%)$
j	j'				
AGR	ATE	1,4577	1,4743	0,0166	1,1388
AGR	DAB	1,4577	1,4886	0,0309	2,1198
AGR	DWD	1,4577	1,4893	0,0316	2,1678
AGR	UAP	1,4577	1,4943	0,0366	2,5108
AGR	UJA	1,4577	1,5079	0,0501	3,4369
AGR	UTR	1,4577	1,4971	0,0394	2,7029
ATE	AGR	1,5351	1,5371	0,0020	0,1303
ATE	DAB	1,5351	1,5371	0,0020	0,1303
ATE	DWD	1,5351	1,5414	0,0063	0,4104
ATE	UAP	1,5351	1,5386	0,0034	0,2215
ATE	UJA	1,5351	1,5336	-0,0016	-0,1042
ATE	UTR	1,5351	1,5336	-0,0016	-0,1042
DAB	AGR	1,4979	1,5793	0,0814	5,4343
DAB	ATE	1,4979	1,5336	0,0357	2,3833
DAB	DWD	1,4979	1,6707	0,1729	11,5428
DAB	UAP	1,4979	1,6971	0,1993	13,3053
DAB	UJA	1,4979	1,6164	0,1186	7,9178
DAB	UTR	1,4979	1,6200	0,1221	8,1514
DWD	AGR	1,5806	1,6750	0,0944	5,9724
DWD	ATE	1,5806	1,7071	0,1266	8,0096
DWD	DAB	1,5806	1,7850	0,2044	12,9318
DWD	UAP	1,5806	1,7707	0,1901	12,0271
DWD	UJA	1,5806	1,6793	0,0987	6,2445
DWD	UTR	1,5806	1,7464	0,1659	10,4960
UAP	AGR	1,7037	1,7879	0,0841	4,9363
UAP	ATE	1,7037	1,7543	0,0506	2,9700
UAP	DAB	1,7037	1,8514	0,1477	8,6694
UAP	DWD	1,7037	1,8521	0,1484	8,7105
UAP	UJA	1,7037	1,7864	0,0827	4,8541
UAP	UTR	1,7037	1,8021	0,0984	5,7757
UJA	AGR	1,4816	1,5836	0,1020	6,8844
UJA	ATE	1,4816	1,4864	0,0049	0,3307
UJA	DAB	1,4816	1,6221	0,1406	9,4897
UJA	DWD	1,4816	1,5914	0,1099	7,4177
UJA	UAP	1,4816	1,6336	0,1520	10,2592
UJA	UTR	1,4816	1,5571	0,0756	5,1026
UTR	AGR	1,0817	1,1414	0,0351	2,4108
UTR	ATE	1,0817	1,0714	-0,0009	-0,0558
UTR	DAB	1,0817	1,1907	0,1307	8,7268
UTR	DWD	1,0817	1,1979	0,1737	10,9906
UTR	UAP	1,0817	1,1643	0,0970	5,6934
UTR	UJA	1,0817	1,1421	0,0884	5,9686

$GS_{j(j')}$: Ganho no ambiente j resultante da seleção no ambiente j'.

Tabela 30 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(j')}$), considerando todas as possíveis combinações de pares de ambientes, através da análise de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH)

Pares de Ambientes		\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(j')}$	$GS_{j(j')} (\%)$
j	j'				
AGR	ATE	21,2837	21,3207	0,0370	0,1738
AGR	DAB	21,2837	21,1036	-0,1801	-0,8462
AGR	DWD	21,2837	21,6893	0,4056	1,9057
AGR	UAP	21,2837	21,6914	0,4077	1,9156
AGR	UJA	21,2837	21,6529	0,3691	1,7342
AGR	UTR	21,2837	21,4657	0,1820	0,8551
ATE	AGR	17,4577	17,4714	0,0137	0,0785
ATE	DAB	17,4577	17,5771	0,1194	0,6839
ATE	DWD	17,4577	17,9786	0,5209	2,9838
ATE	UAP	17,4577	17,5821	0,1244	0,7126
ATE	UJA	17,4577	17,6814	0,2237	1,2814
ATE	UTR	17,4577	17,5100	0,0523	0,2996
DAB	AGR	32,3180	33,1314	0,8134	2,5169
DAB	ATE	32,3180	32,7171	0,3991	1,2349
DAB	DWD	32,3180	34,2793	1,9613	6,0688
DAB	UAP	32,3180	34,6471	2,3291	7,2068
DAB	UJA	32,3180	32,9371	0,6191	1,9157
DAB	UTR	32,3180	33,4829	1,1649	3,6045
DWD	AGR	25,8736	25,7693	-0,1043	-0,4031
DWD	ATE	25,8736	27,2857	1,4121	5,4577
DWD	DAB	25,8736	26,9143	1,0407	4,0222
DWD	UAP	25,8736	27,0571	1,1836	4,5745
DWD	UJA	25,8736	26,9686	1,0950	4,2321
DWD	UTR	25,8736	26,4814	0,6079	2,3495
UAP	AGR	36,4493	37,2000	0,7507	2,0596
UAP	ATE	36,4493	36,6743	0,2250	0,6173
UAP	DAB	36,4493	39,3143	2,8650	7,8602
UAP	DWD	36,4493	38,3293	1,8800	5,1578
UAP	UJA	36,4493	38,3121	1,8629	5,1109
UAP	UTR	36,4493	38,3964	1,9471	5,3419
UJA	AGR	18,1310	18,0057	-0,1253	-0,6911
UJA	ATE	18,1310	19,5757	1,4447	7,9681
UJA	DAB	18,1310	19,0579	0,9269	5,1122
UJA	DWD	18,1310	20,2786	2,1476	11,8449
UJA	UAP	18,1310	19,4871	1,3561	7,4795
UJA	UTR	18,1310	18,6943	0,5633	3,1068
UTR	AGR	15,3769	15,3821	0,0053	0,0345
UTR	ATE	15,3769	15,8600	0,4831	3,1417
UTR	DAB	15,3769	15,6621	0,2853	1,8554
UTR	DWD	15,3769	15,7500	0,3731	2,4264
UTR	UAP	15,3769	16,9629	1,5860	10,3142
UTR	UJA	15,3769	16,1650	0,7881	5,1252

$GS_{j(j')}$: Ganho no ambiente j resultante da seleção no ambiente j'.

Tabela 31 – Estimativas da média dos valores genotípicos originais (\bar{X}_0), da média dos valores genotípicos dos selecionados (\bar{X}_s) e do ganho com a seleção indireta ($GS_{j(j')}$), considerando todas as possíveis combinações de pares de ambientes, através da análise de 70 genótipos de cana-de-açúcar (excluindo-se as testemunhas), avaliados no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em sete ambientes, com valores preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica toneladas de cana por hectare (TCH)

Pares de Ambientes		\bar{X}_0	\bar{X}_s	$GS_{j(j')}$	$GS_{j(j')} (\%)$
j	j'				
AGR	ATE	119,1453	118,0336	-1,1117	-0,9750
AGR	DAB	119,1453	117,8071	-1,3381	0,4510
AGR	DWD	119,1453	120,6821	1,5369	0,6398
AGR	UAP	119,1453	119,5943	0,4490	-0,1927
AGR	UJA	119,1453	120,1950	1,0497	0,1052
AGR	UTR	119,1453	118,9593	-0,1860	2,6428
ATE	AGR	83,2481	82,4364	-0,8117	-0,9331
ATE	DAB	83,2481	84,5271	1,2790	2,3053
ATE	DWD	83,2481	84,5821	1,3340	4,7845
ATE	UAP	83,2481	84,0993	0,8511	3,8606
ATE	UJA	83,2481	84,6221	1,3740	9,3356
ATE	UTR	83,2481	84,4693	1,2211	0,5978
DAB	AGR	162,5241	163,2571	0,7330	-1,1231
DAB	ATE	162,5241	166,2707	3,7466	1,5364
DAB	DWD	162,5241	169,9693	7,4451	4,4829
DAB	UAP	162,5241	172,4579	9,9337	6,3280
DAB	UJA	162,5241	169,7250	7,2009	4,8936
DAB	UTR	162,5241	166,8843	4,3601	6,5198
DWD	AGR	130,7350	131,5714	0,8364	1,2899
DWD	ATE	130,7350	136,9900	6,2550	1,6024
DWD	DAB	130,7350	136,5957	5,8607	4,5809
DWD	UAP	130,7350	137,9243	7,1893	5,0102
DWD	UJA	130,7350	135,7857	5,0507	12,8935
DWD	UTR	130,7350	134,7650	4,0300	5,2061
UAP	AGR	162,9210	162,6071	-0,3139	0,3769
UAP	ATE	162,9210	169,2107	6,2897	1,0224
UAP	DAB	162,9210	173,2307	10,3097	6,1121
UAP	DWD	162,9210	171,0836	8,1626	5,4991
UAP	UJA	162,9210	170,7993	7,8783	7,1937
UAP	UTR	162,9210	167,8657	4,9447	4,9769
UJA	AGR	83,5357	83,6236	0,0879	0,8810
UJA	ATE	83,5357	91,3343	7,7986	1,6505
UJA	DAB	83,5357	87,6236	4,0879	4,4307
UJA	DWD	83,5357	94,3064	10,7707	3,8633
UJA	UAP	83,5357	89,5450	6,0093	4,8357
UJA	UTR	83,5357	83,3400	-0,1957	0,9194
UTR	AGR	65,7363	67,4736	1,7373	-0,1561
UTR	ATE	65,7363	66,1293	0,3930	1,4668
UTR	DAB	65,7363	70,0221	4,2859	2,6827
UTR	DWD	65,7363	69,1586	3,4223	3,0826
UTR	UAP	65,7363	69,0079	3,2716	3,0350
UTR	UJA	65,7363	66,3407	0,6044	-0,2343

$GS_{j(j')}$: Ganho no ambiente j resultante da seleção no ambiente j'.

No geral, verificou-se que para todos os ambientes e características avaliados os ganhos indiretos, quando a seleção se baseou no ambiente j' , foram inferiores aos demais ganhos analisados neste estudo.

Diante dos resultados, verificou-se que muitos genótipos apresentaram valores genotípicos superiores aos das testemunhas RB72454 e RB835486. Essa superioridade foi observada para todas as características e ambientes avaliados. Tal fato é importante, uma vez que no melhoramento da cana-de-açúcar a seleção é baseada em variedades comerciais, sendo selecionados os clones que apresentam produtividade igual ou superior à delas. É evidente que, além da produtividade de cana e açúcar, esses clones precisam agregar um conjunto de outras características físicas, químicas e morfológicas para serem selecionados e comporem um grupo de clones promissores, com a possibilidade de se tornarem um cultivar aceito pelos produtores.

Quanto aos ganhos com a seleção, verificou-se pouca eficiência quando a seleção foi feita no ambiente j' e a resposta foi esperada no ambiente j , apresentando, algumas vezes, resposta negativa para PMC, TBH e TCH. Já a seleção com base na média dos sete ambientes ou nos valores de P_i apresentou ganhos que foram superiores àqueles estimados pela seleção baseada no ambiente j' , embora sempre inferiores aos estimados com a seleção direta (seleção e ganho em um mesmo ambiente).

Não existe uma coerência dos ganhos estimados para os pares de ambientes. Ou seja, a seleção no ambiente j' para dado caráter poderá resultar em ganhos satisfatórios, ganhos não-satisfatórios ou perdas dependendo do ambiente para o qual é estimada. Esta situação torna difícil estabelecer um padrão de seleção onde seja possível obter ganhos em todos os ambientes para todas as características avaliadas, baseado nesse tipo de seleção. Essa incoerência dos ganhos quando a seleção é praticada no ambiente j' e o ganho estimado no ambiente j implica existência de interações fracas ou fortes entre esses ambientes. Assim, tornou-se interessante estimar a interação considerando pares de ambientes.

Essas análises (Tabela 32) revelaram que, para Brix, os ambientes que mais interagiram, ou seja, que apresentaram maior estimativa para a variância da interação genótipos x ambientes, foram DAB e UTR (0,6822) e os que menos interagiram, ou seja, apresentaram menor estimativa para a variância da interação genótipos x ambientes, foram AGR e DWD (0,1118). Para NC, os ambientes que mais interagiram foram AGR e ATE (156,4354) e os que menos interagiram, DWD e UJA (37,5832). Em ambas as características, a maior correlação genotípica entre ambientes foi entre os

Tabela 32 – Estimativas da variância da interação genótipos x ambientes ($\hat{\sigma}_{ga}^2$) e da correlação genotípica entre ambientes (r_g) (entre parênteses), ambos estimados para todos os possíveis pares de ambientes analisados utilizando o procedimento REML/BLUP do "software" Selegen, para Brix médio por parcela (BRIX), número de colmos por parcela (NC), peso médio do colmo (PMC), toneladas de Brix por hectare (TBH) e toneladas de cana por hectare (TCH), avaliados em sete ambientes no delineamento de blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, utilizando-se 72 genótipos de cana-de-açúcar

PARES DE AMBIENTES		CARACTERÍSTICAS				
		BRIX	NC	PMC	TBH	TCH
AGR	ATE	0,2697 (0,5893)	156,4354 (0,2815)	0,0014 (0,7820)	4,8694 (0,0411)	127,9651 (0,0250)
AGR	DAB	0,3618 (0,6669)	103,3291 (0,6344)	0,0141 (0,5184)	7,7417 (0,3208)	187,5459 (0,2653)
AGR	DWD	0,1118 (0,8680)	111,2901 (0,5944)	0,0134 (0,5305)	5,5986 (0,3457)	169,3783 (0,1971)
AGR	UAP	0,2843 (0,6681)	113,3014 (0,5568)	0,0059 (0,7294)	8,0766 (0,2702)	206,3822 (0,1194)
AGR	UJA	0,4148 (0,4958)	146,2128 (0,4921)	0,0074 (0,6921)	7,4554 (0,2849)	165,0430 (0,3279)
AGR	UTR	0,4901 (0,4635)	87,1821 (0,6637)	0,0081 (0,6104)	4,2290 (0,5065)	103,0352 (0,4633)
ATE	DAB	0,4948 (0,4390)	104,5805 (0,5453)	0,0120 (0,3954)	5,6054 (0,347)	114,6685 (0,3939)
ATE	DWD	0,3153 (0,5281)	48,5956 (0,7718)	0,0057 (0,7183)	1,9341 (0,6949)	32,4956 (0,7778)
ATE	UAP	0,3179 (0,5412)	74,0099 (0,6334)	0,0061 (0,5168)	5,2438 (0,3721)	91,3994 (0,4775)
ATE	UJA	0,1599 (0,7699)	77,9316 (0,6641)	0,0087 (0,4069)	3,8504 (0,5158)	93,8564 (0,4967)
ATE	UTR	0,3374 (0,5484)	67,7682 (0,6864)	0,0106 (0,1056)	5,6553 (0,1336)	129,5795 (0,0828)
DAB	DWD	0,4284 (0,6115)	50,1068 (0,8229)	0,0078 (0,8188)	3,7548 (0,7056)	82,7318 (0,7051)
DAB	UAP	0,4680 (0,5911)	51,6156 (0,8009)	0,0018 (0,9516)	2,5249 (0,8243)	37,0712 (0,8701)
DAB	UJA	0,5752 (0,4664)	96,1787 (0,6761)	0,0087 (0,7828)	7,8701 (0,4511)	138,7855 (0,5577)
DAB	UTR	0,6822 (0,4261)	80,7199 (0,7047)	0,0120 (0,6682)	7,2375 (0,4287)	143,7477 (0,4610)
DWD	UAP	0,3001 (0,6644)	49,2211 (0,8074)	0,0015 (0,9593)	2,7322 (0,7826)	55,6837 (0,7897)
DWD	UJA	0,2771 (0,6735)	37,5832 (0,8668)	0,0126 (0,6703)	0,5406 (0,9527)	18,0596 (0,9320)
DWD	UTR	0,2799 (0,7014)	41,0220 (0,8429)	0,0073 (0,7915)	5,2376 (0,4485)	113,8872 (0,4586)
UAP	UJA	0,2512 (0,7136)	69,6696 (0,7383)	0,0066 (0,7883)	5,6318 (0,5982)	92,3902 (0,6826)
UAP	UTR	0,3260 (0,6646)	90,1096 (0,6354)	0,0049 (0,8307)	6,7263 (0,4569)	147,0014 (0,3939)
UJA	UTR	0,1420 (0,8451)	63,3134 (0,7699)	0,0112 (0,6295)	7,3960 (0,3670)	163,8388 (0,3476)

ambientes que menos interagiram e a menor, entre os que mais interagiram. Para o PMC, os ambientes que mais interagiram foram AGR e DAB (0,0141) e os que menos interagiram, AGR e ATE (0,0014). A menor e a maior correlação genotípica foram entre os ambientes ATE e UTR e DWD e UAP, respectivamente. Com relação às características TBH e TCH, os ambientes que mais interagiram foram AGR e UAP e os que menos interagiram, DWD e UJA. Estes últimos também apresentaram as maiores correlações genotípicas, que foram 0,9527 para TBH e 0,9320 para TCH. As menores correlações entre ambientes aconteceram para AGR e ATE (0,2702 e 0,1194 para TBH e TCH, respectivamente).

Diante desses resultados, comprovou-se que na maioria dos casos existe interação entre todos os pares de ambientes para todas as características avaliadas e que na maioria das vezes eles interagem diferentemente de acordo com cada característica.

Ficou evidente que os maiores ganhos ocorrerão com a seleção específica dentro de cada local. Cabe ao melhorista a escolha entre selecionar os clones de alta produtividade nos sete ambientes (adaptabilidade geral) ou selecionar os melhores clones específicos para cada ambiente, mesmo que tenha produzido bem em apenas um ambiente (adaptabilidade específica). Entretanto, essa seleção específica assume que as etapas subsequentes do programa respeitem essa regionalização.

Uma vez que o melhoramento da cana-de-açúcar realizado pela UFV visa obter cultivares que produzem bem em todos os ambientes, o mais coerente é que a seleção seja feita com base nos valores genotípicos preditos pela análise conjunta ou nos valores de P_i estimados segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual ou trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual. Embora a resposta inicial seja menor, o material selecionado certamente terá uma condição melhor para a adaptabilidade geral.

4.2. Adaptabilidade e estabilidade genotípica

Pela análise da Tabela 33, os clones mais estáveis, segundo a metodologia de Wricke (1965), ou seja, com menores estimativas de ω_i (%) para as características Brix, NC, PMC, TBH e TCH, foram: RB937570, RB947645, RB947625, RB937568 e RB937568, respectivamente. Considerando uma taxa de seleção de 20%, esses clones, com exceção do RB937570, não seriam selecionados para a próxima etapa do melhoramento, pois não se encontram entre os 14 primeiros clones (excluindo-se as

Tabela 33 – Estimativas dos parâmetros de estabilidade genotípica segundo a metodologia de Wricke (1965) para 72 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen e a ordem de classificação desses genótipos para as características Brix médio por parcela (BRIX), número de colmos por parcela (NC), peso médio do colmo (PMC), toneladas de Brix por hectare (TBH) e toneladas de cana por hectare (TCH)

GENÓTIPOS	BRIX		NC		PMC		TBH		TCH	
	i (%)	cl	i (%)	cl	i (%)	cl	i (%)	cl	i (%)	cl
RB72454	0,2782	66	0,6273	61	0,3069	68	0,6520	63	0,6957	58
RB835486	1,2078	29	2,577	9	0,9025	44	3,5293	3	3,5724	2
RB845210	1,8577	11	0,3396	70	0,2541	71	0,6548	62	0,4882	65
RB855595	1,0277	40	1,2347	31	1,9148	14	0,7410	60	1,0709	43
RB867515	0,2026	71	0,4147	66	4,0714	4	1,0399	45	1,0578	44
RB896391	0,2950	65	4,1383	3	0,5671	59	2,0061	12	1,8336	16
RB896406	2,5995	6	2,3839	10	0,7297	55	1,2272	37	1,4454	31
RB928064	0,2747	67	0,3672	69	1,4086	25	1,0472	43	1,2700	37
RB928168	1,6443	15	2,0409	15	1,2501	31	2,6837	8	2,7589	6
RB937553	1,4300	24	4,2969	2	0,4025	65	0,8804	52	1,2674	38
RB937568	0,2418	68	0,3714	68	0,4370	63	0,1707	72	0,1478	72
RB937570	0,1516	72	0,5681	62	4,2503	2	1,2603	34	0,9355	51
RB937638	0,8809	43	1,258	29	1,6769	19	1,0903	42	1,2319	39
RB947501	0,7589	48	0,7608	51	1,3456	27	1,5520	21	1,8266	17
RB947506	0,9640	41	1,6616	23	0,7561	53	1,2276	36	1,2999	36
RB947519	1,0882	35	0,8282	50	0,8537	47	1,5532	20	1,0904	42
RB947520	0,2118	69	1,3683	27	3,4270	7	1,5337	22	1,3278	33
RB947532	1,4990	21	2,0538	14	2,1627	12	2,1852	10	1,6461	25
RB947547	1,5081	18	0,6393	56	0,8212	50	0,9975	47	0,6880	59
RB947565	0,5173	54	1,8373	19	1,2013	33	1,8381	13	1,8864	14
RB947568	1,7816	12	0,4592	64	1,6912	18	0,8318	55	0,9988	47
RB947575	1,2203	28	0,9077	44	1,0793	36	1,7505	14	1,6774	24
RB947577	0,5472	52	0,6384	58	5,8601	1	1,5734	19	1,8875	13
RB947583	2,8154	3	0,6552	55	1,5834	21	0,9911	48	0,5200	63
RB947596	0,3120	64	2,1558	13	1,3172	28	1,1804	40	1,7741	19
RB947603	0,4610	56	1,0746	37	0,2988	69	0,4033	69	0,4913	64
RB947609	0,6067	51	1,3353	28	0,8659	46	1,5154	23	1,5508	28
RB947624	0,5384	53	0,8561	48	1,4940	23	0,4682	67	0,3245	71
RB947625	2,7765	4	1,8244	20	0,1301	72	2,2950	9	1,7552	20
RB947639	1,6092	16	1,0954	36	4,0876	3	2,1723	11	1,8008	18
RB947643	1,9016	8	2,2945	12	1,9005	15	3,3342	5	2,5010	8
RB947645	2,7710	5	0,3051	72	0,9472	40	1,0245	46	0,4869	66
RB947648	1,7806	13	0,9545	41	0,9330	42	0,7972	57	0,6541	60
RB947649	0,4201	61	4,5829	1	1,8599	16	1,1355	41	1,6781	23
RB947653	0,7702	46	2,956	5	2,3172	10	3,5391	2	3,1728	4
RB947656	3,4840	2	1,9894	17	0,6301	57	1,2125	38	2,0045	11
RB947663	1,1818	31	0,894	46	0,9797	39	1,4801	24	1,6420	26
RB947677	0,3321	62	1,1369	33	2,2257	11	0,3778	70	0,6157	61
RB947679	0,4536	57	2,3293	11	0,5793	58	1,6208	18	1,8443	15
RB957508	1,6039	17	0,6279	60	1,4574	24	1,4670	25	1,9592	12
RB957509	1,0369	38	0,3272	71	0,8273	49	0,6774	61	0,7346	55
RB957539	0,4492	58	0,6861	53	1,3050	29	0,8676	53	0,7101	57
RB957544	1,6707	14	1,0727	38	0,9127	43	1,4467	27	1,5706	27
RB957546	20,3153	1	3,8359	4	3,5551	5	3,3049	6	3,2601	3
RB957554	0,9340	42	1,0982	35	2,5571	8	0,7891	58	0,9122	52
RB957569	0,8239	45	2,0199	16	1,6363	20	1,3353	32	1,4335	32
RB957575	2,3955	7	1,7374	22	3,5510	6	3,6138	1	2,7349	7
RB957576	1,1286	34	1,4098	25	0,4634	62	0,5512	66	0,7174	56
RB957610	1,8913	9	1,1828	32	0,8110	51	1,6334	16	0,9775	48
RB957612	0,4895	55	0,8607	47	0,5305	60	1,3849	28	1,2088	40
RB957615	1,3680	25	1,2365	30	0,2683	70	0,9667	49	0,9594	49
RB957638	1,0834	36	0,4064	67	0,4065	64	0,5638	65	0,5355	62

Continua...

Tabela 33 – Cont.

GENÓTIPOS	BRIX		NC		PMC		TBH		TCH	
	i (%)	cl	i (%)	cl	i (%)	cl	i (%)	cl	i (%)	cl
RB957649	1,4994	20	0,9709	39	0,9452	41	0,9196	51	0,7936	54
RB957689	0,2044	70	2,7619	8	0,9940	38	1,0445	44	1,6977	21
RB957695	1,0829	37	0,9285	43	0,7500	54	1,3656	29	1,6783	22
RB957697	1,0310	39	0,4638	63	0,3720	67	0,5908	64	0,3644	69
RB957712	1,4655	23	1,1095	34	1,1545	35	3,3484	4	3,0745	5
RB957743	0,8552	44	0,9362	42	1,1586	34	1,1882	39	1,3126	35
RB957751	1,5001	19	0,8476	49	0,6850	56	1,2660	33	1,4814	29
RB967505	0,6120	50	1,5097	24	0,8476	48	0,9547	50	1,0213	45
RB967510	1,1677	32	1,8064	21	1,2135	32	1,7234	15	2,1223	10
RB967561	0,3136	63	2,9469	6	1,3781	26	3,2362	7	3,7212	1
RB967585	0,4375	59	0,7393	52	0,4899	61	0,8217	56	0,9470	50
RB967589	1,4940	22	0,6294	59	1,2562	30	0,8498	54	0,8999	53
RB967590	1,1940	30	0,4482	65	1,0245	37	1,3439	30	1,3156	34
RB967603	1,3474	26	0,6391	57	2,1241	13	0,2853	71	0,3564	70
RB967623	1,1501	33	0,8967	45	0,8679	45	0,7773	59	0,4571	67
RB967672	1,8743	10	0,6572	54	0,7724	52	1,4642	26	1,0967	41
RB977509	1,2922	27	1,3788	26	0,3964	66	1,2516	35	1,0005	46
SP85-3877	0,4207	60	0,9567	40	1,5164	22	1,6320	17	2,1352	9
SP86-42	0,7657	47	1,8626	18	2,4798	9	0,4193	68	0,4215	68
SP87-365	0,6996	49	2,7968	7	1,7725	17	1,3423	31	1,4687	30

testemunhas) com maiores valores genotípicos preditos pela análise conjunta (Tabelas 2, 3, 4, 5 e 6). Tal fato tem sido relatado como uma desvantagem do método Wricke (1965), que tende a classificar os genótipos menos produtivos como mais estáveis. Assim, considerando estabilidade e médias elevadas, poderiam ser selecionados, entre os 14 clones mais estáveis, que são aqueles destacados na Tabela 33, o RB937570 e o RB947520 para Brix, os clones RB957697, RB967603 e SP86-42 para TBH e os clones RB967603 e SP86-42 para TCH. Para as características NC e PMC, não foi possível estabelecer essa relação.

O clone RB937568 não está entre os 14 mais produtivos, no entanto merece destaque, pois se mostrou estável para todas as características avaliadas, e sua produtividade de cana e açúcar superou a testemunha RB835486, estando bem próximo da testemunha RB72454.

Quanto à estabilidade apresentada pelas testemunhas, verificou-se que a RB72454 apresentou-se bem mais estável que a RB835486 para todas as características avaliadas. No entanto, essa classificação não era esperada, uma vez que a RB72454 apresentou valores genotípicos mais elevados que o cultivar RB835486.

Dada a particularidade do método de wricke (1965) em classificar os genótipos menos produtivos como mais estáveis, uma alternativa seria aplicá-lo na fase experimental do melhoramento da cana-de-açúcar quando os clones já passaram por

várias etapas de seleção, restando apenas aqueles que realmente se destacaram pela alta produtividade.

Os resultados obtidos pelas metodologias adaptadas por Carneiro (1998) encontram-se nas Tabelas 35, 36, 37, 38 e 39. Uma vez que essas metodologias contemplam em um único parâmetro (Pi) os conceitos de adaptabilidade e estabilidade de comportamento, então utilizou-se o termo desempenho para apresentar os resultados. Antes, porém, classificaram-se os ambientes em favoráveis e desfavoráveis, de acordo com cada característica (Tabela 34). Para o Brix, os ambientes com índices positivos, ou seja, favoráveis, foram: ATE, UAP, UJA e UTR. Já os ambientes com índices negativos, ou seja, desfavoráveis, foram: AGR, DAB e DWD. O NC e a TCH coincidiram na classificação dos ambientes. Para essas características, os ambientes AGR, DAB, DWD e UAP são tidos como favoráveis e os ambientes ATE, UJA e UTR, como desfavoráveis. A classificação dos ambientes através da característica TBH apenas não coincidiu com a classificação feita pelo NC e pela TCH, no que diz respeito ao ambiente AGR, sendo este considerado desfavorável. O PMC considerou os ambientes AGR e UTR como desfavoráveis e os demais, como favoráveis.

Tabela 34 – Estimativas dos índices ambientais das características Brix, número de colmos por parcela (NC), peso médio do colmo (PMC), toneladas de Brix por hectare (TBH) e toneladas de cana por hectare (TCH), obtidos pela análise de 72 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

Ambientes	BRIX	NC	PMC	TBH	TCH
1- AGR	-2,8725	4,6116	-0,0176	-2,5000	3,9449
2- ATE	0,2758	-33,5259	0,0576	-6,3926	-32,1392
3- DAB	-1,1815	47,1278	0,0192	8,4431	46,9967
4- DWD	-1,0243	7,0160	0,1052	2,0447	15,3958
5- UAP	1,6729	32,5587	0,2252	12,5360	47,1645
6- UJA	1,0604	-30,0623	0,0041	-5,7382	-32,0227
7- UTR	2,0692	-27,7259	-0,3938	-8,3929	-49,3399

Tabela 35 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo as metodologias adaptadas por Carneiro (1998) para a característica Brix médio por parcela (BRIX) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Pi d		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	
RB72454	2,3678	18	2,2238	22	2,5597	19	24,3326	19	7,4011	22	16,9314	21
RB835486	1,2646	71	1,2788	70	1,2456	71	13,2018	71	3,8874	71	9,3144	70
RB845210	2,0808	39	2,1176	25	2,0319	48	19,8143	52	6,5860	41	13,2283	50
RB855595	1,5671	64	1,5212	64	1,6284	65	14,8967	68	4,7531	66	10,1436	68
RB867515	2,1092	37	2,0174	36	2,2316	38	21,2568	39	6,6760	39	14,5808	42
RB896391	1,9005	54	1,7119	58	2,1519	45	19,5798	53	5,7889	58	13,7909	47
RB896406	2,0711	42	2,4282	14	1,5950	67	20,4987	47	8,4220	12	12,0767	58
RB928064	2,0755	40	2,1107	27	2,0286	49	21,2890	38	7,0763	27	14,2127	44
RB928168	1,7771	59	1,7941	53	1,7543	57	17,6877	59	5,8991	54	11,7885	59
RB937553	2,6902	9	2,6453	8	2,7501	14	25,9337	13	8,4196	13	17,5140	16
RB937568	2,2928	23	2,1118	26	2,5341	23	23,6216	23	7,2866	24	16,3350	25
RB937570	1,5476	66	1,4391	67	1,6922	60	16,0203	65	4,7221	67	11,2983	62
RB937638	2,0741	41	2,0019	38	2,1702	43	20,9158	41	6,9461	30	13,9696	45
RB947501	2,3166	22	2,4392	13	2,1532	44	23,1006	29	8,4998	9	14,6007	41
RB947506	2,1116	36	2,3089	19	1,8486	55	20,7074	44	7,6833	19	13,0241	52
RB947519	2,6763	10	2,4965	10	2,9162	7	27,1681	7	8,7854	8	18,3828	9
RB947520	1,5334	67	1,4090	68	1,6993	59	16,2649	64	4,6878	68	11,5771	61
RB947532	1,9589	51	1,6317	62	2,3952	28	20,5109	46	5,4968	62	15,0141	36
RB947547	2,5679	12	2,7791	6	2,2862	33	25,1177	16	9,3068	5	15,8109	26
RB947565	1,8420	56	1,7787	55	1,9265	53	19,4064	54	5,8469	56	13,5595	48
RB947568	2,2088	29	1,9924	41	2,4973	25	22,6535	32	7,3136	23	15,3398	33
RB947575	1,7901	58	1,9336	45	1,5987	66	17,6098	60	6,4363	45	11,1735	65
RB947577	2,0615	45	1,8543	50	2,3377	30	21,7970	35	6,1355	51	15,6615	27
RB947583	2,8491	5	2,7504	7	2,9805	4	30,3750	4	9,9073	2	20,4677	3
RB947596	2,2395	27	2,2815	20	2,1835	42	22,8996	31	7,6637	20	15,2359	34
RB947603	2,0194	49	1,9231	46	2,1477	46	20,1480	49	6,2702	48	13,8778	46
RB947609	1,8087	57	1,7883	54	1,8358	56	19,1552	55	6,1531	50	13,0021	53
RB947624	2,0895	38	1,8426	51	2,4186	27	21,7206	37	6,3589	47	15,3617	32
RB947625	1,8442	55	1,9646	44	1,6837	61	19,0949	56	6,8317	36	12,2632	56
RB947639	1,9475	52	2,0054	37	1,8702	54	18,5473	57	6,4571	43	12,0902	57
RB947643	1,7322	60	1,9941	40	1,3830	69	16,5697	62	6,4435	44	10,1261	69
RB947645	2,3843	16	2,1416	23	2,7079	15	24,2094	20	6,9981	28	17,2113	19
RB947648	3,2242	2	2,7978	5	3,7928	2	32,7611	2	9,2793	6	23,4818	2
RB947649	2,0261	48	1,8716	49	2,2323	37	20,7138	43	6,3810	46	14,3328	43
RB947653	1,5196	68	1,4081	69	1,6683	62	15,3182	67	4,8914	64	10,4267	67
RB947656	3,1785	3	3,3892	1	2,8976	8	31,3655	3	11,9646	1	19,4009	5
RB947663	2,0575	46	1,6940	60	2,5420	21	21,201	40	5,6277	60	15,5733	30
RB947677	2,7307	8	2,5657	9	2,9507	6	27,9946	6	8,4566	11	19,5380	4
RB947679	2,5401	13	2,3318	17	2,8178	12	25,863	15	8,0446	16	17,8184	14
RB957508	2,7381	7	2,8375	2	2,6057	18	26,2726	10	9,5903	4	16,6823	22
RB957509	2,8874	4	2,8347	3	2,9576	5	28,9135	5	9,8117	3	19,1018	8
RB957539	2,0561	47	2,0802	31	2,0239	50	20,1617	48	6,9956	29	13,1661	51
RB957544	1,7234	61	1,5641	63	1,9359	52	17,7373	58	5,1471	63	12,5902	55
RB957546	3,7212	1	2,4411	12	5,4281	1	46,2879	1	8,0785	15	38,2095	1
RB957554	2,1615	32	2,0721	33	2,2806	34	22,1251	33	6,7155	37	15,4096	31
RB957569	2,2751	25	2,0765	32	2,5398	22	24,5175	17	6,9168	33	17,6007	15
RB957575	2,3308	21	2,4223	15	2,2087	40	23,1276	28	8,3790	14	14,7486	40
RB957576	2,0648	44	2,0880	30	2,0339	47	20,0495	51	6,6398	40	13,4098	49
RB957610	1,1767	72	1,2108	71	1,1314	72	12,6167	72	,3916	70	8,2251	72
RB957612	1,9119	53	1,6781	61	2,2238	39	20,6028	45	5,5755	61	15,0273	35
RB957615	2,1407	35	1,9129	47	2,4444	26	23,5125	24	6,2431	49	17,2695	18
RB957638	2,2064	30	2,0963	29	2,3533	29	23,2866	25	6,9105	34	16,3761	24
RB957649	2,2261	28	1,7423	57	2,8713	9	24,0688	21	5,7289	59	18,3399	10
RB957689	2,4597	14	2,2742	21	2,7071	16	25,9483	12	7,7477	18	18,2006	11

Continua...

Tabela 35 – Cont.

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g	cl	Pi f	cl	Pi d	cl	Pi g	cl	Pi f	cl	Pi d	cl
RB957695	2,3684	17	2,0007	39	2,8588	10	24,3959	18	6,9188	32	17,4771	17
RB957697	1,4127	69	1,1962	72	1,7013	58	14,8877	69	3,6143	72	11,2734	64
RB957712	2,3555	19	1,9919	42	2,8404	11	26,2477	11	6,9455	31	19,3022	6
RB957743	2,1692	31	1,8961	48	2,5334	24	23,1725	27	6,0424	52	17,1301	20
RB957751	2,2616	26	2,0473	35	2,5473	20	22,9321	30	6,5100	42	16,4221	23
RB967505	2,5931	11	2,4744	11	2,7514	13	26,5667	9	8,4925	10	18,0742	12
RB967510	1,9702	50	1,7069	59	2,3213	31	20,7412	42	5,8012	57	14,9399	38
RB967561	2,1407	34	2,0617	34	2,2461	35	21,7880	36	6,8838	35	14,9042	39
RB967585	2,1431	33	2,1044	28	2,1947	41	22,0802	34	7,0934	26	14,9867	37
RB967589	2,4196	15	1,9910	43	2,9909	3	25,8777	14	6,6913	38	19,1863	7
RB967590	2,3452	20	2,3641	16	2,3199	32	23,2226	26	7,6253	21	15,5974	29
RB967603	1,6309	63	1,7970	52	1,4094	68	16,3734	63	5,9135	53	10,4598	66
RB967623	1,4041	70	1,4631	66	1,3253	70	14,0876	70	4,7889	65	9,2988	71
RB967672	2,7508	6	2,8038	4	2,6801	17	27,1533	8	9,2515	7	17,9018	13
RB977509	1,5642	65	1,4929	65	1,6594	63	15,8762	66	4,5946	69	11,2816	63
SP85-3877	2,2923	24	2,3277	18	2,2452	36	23,6808	22	8,0227	17	15,6581	28
SP86-42	1,7012	62	1,7434	56	1,6448	64	17,5316	61	5,8847	55	11,6469	60
SP87-365	2,0686	43	2,1360	24	1,9786	51	20,0860	50	7,2605	25	12,8255	54

Pi-g, Pi-f, Pi-d: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente.

Tabela 36 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo as metodologias adaptadas por Carneiro (1998) para a característica número de colmos por parcela (NC) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Cl		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl		cl		cl		cl		cl		cl	
RB72454	662,7635	40	445,6135	40	952,2968	38	91590,81	44	56882,35	42	34708,46	43
RB835486	876,9342	8	645,4030	7	1185,6420	12	133827,00	6	95834,17	1	37992,87	31
RB845210	655,6988	42	434,7428	46	950,3069	39	92317,44	41	58307,96	38	34009,48	47
RB855595	437,2569	69	289,4078	67	634,3890	68	59633,18	70	39956,24	66	19676,95	71
RB867515	704,1810	30	454,2060	38	1037,4810	24	96855,08	36	62869,29	30	33985,79	48
RB896391	479,3431	67	282,3225	68	742,0373	64	61118,66	68	38813,58	67	22305,08	69
RB896406	385,8792	71	203,0764	72	629,6162	69	50720,06	71	25130,41	72	25589,65	65
RB928064	603,5972	53	413,2282	49	857,4225	56	88215,24	49	52484,72	52	35730,52	39
RB928168	778,5221	17	652,9354	5	945,9711	40	128117,80	8	86698,19	6	41419,62	20
RB937553	579,4163	57	481,4176	24	710,0813	66	87516,10	50	51870,69	54	35645,41	40
RB937568	668,4501	39	436,8902	45	977,1967	35	95347,24	38	59156,10	37	36191,15	35
RB937570	783,7305	15	471,2068	30	1200,4290	10	104468,40	25	62521,48	32	41946,91	17
RB937638	949,8327	3	665,1408	4	1329,4220	4	143133,40	2	89514,27	5	53619,17	2
RB947501	598,6527	54	381,8277	58	887,7527	50	83465,80	55	48999,11	60	34466,69	44
RB947506	670,2115	37	421,7224	48	1001,5300	31	85832,92	53	46168,94	62	39663,97	27
RB947519	519,3350	64	350,7824	61	744,0719	63	73581,16	62	48595,78	61	24985,37	66
RB947520	606,8341	52	433,9861	47	837,2982	58	91371,02	45	57037,67	41	34333,35	45
RB947532	816,7386	13	477,6387	26	1268,8720	6	99706,82	31	54632,07	45	45074,75	10
RB947547	853,4931	10	537,6291	16	1274,6450	5	117880,60	13	72486,87	14	45393,74	9
RB947565	1011,2120	1	645,6284	6	1498,6570	1	134244,90	5	77806,57	9	56438,32	1
RB947568	790,1910	14	486,7862	23	1194,7310	11	107693,50	21	66557,45	20	41136,00	22
RB947575	840,9195	11	588,7903	10	1177,0920	13	120233,20	11	79176,26	8	41056,95	25
RB947577	779,6641	16	581,1370	11	1044,3670	23	118127,70	12	75740,18	11	42387,49	15
RB947583	746,9846	20	463,8725	35	1124,4670	18	102345,00	27	65725,97	21	36619,00	33
RB947596	740,1630	21	570,9366	12	965,7983	36	113166,80	16	64897,23	24	48269,58	6
RB947603	628,6247	48	444,2971	41	874,3948	54	95496,98	37	65357,44	22	30139,54	56
RB947609	884,8281	6	691,4750	3	1142,6320	15	141481,40	3	95299,65	2	46181,74	8
RB947624	613,7643	51	390,9872	55	910,8004	48	82815,71	56	49012,01	59	33803,70	49
RB947625	896,3965	4	699,2885	2	1159,2070	14	139440,60	4	95290,42	3	44150,20	12
RB947639	868,2920	9	591,8751	9	1236,8480	7	126719,00	9	82155,18	7	44563,86	11
RB947643	689,2315	33	361,4949	59	1126,2140	17	83960,39	54	51752,73	55	32207,65	53
RB947645	738,9040	22	470,2525	31	1097,1060	19	101379,20	28	59850,20	35	41529,00	19
RB947648	824,4887	12	533,2927	17	1212,7500	9	115277,00	14	73529,28	13	41747,74	18
RB947649	568,7729	60	260,4802	70	979,8298	34	65335,19	66	40823,25	65	24511,94	67
RB947653	722,3797	25	509,5742	20	1006,1200	29	113688,20	15	75077,63	12	38610,59	28
RB947656	751,7470	19	542,9425	14	1030,1530	26	109322,40	17	67963,53	18	41358,87	21
RB947663	570,0044	58	389,5758	56	810,5759	60	79300,68	59	50371,48	56	28929,20	58
RB947677	880,3902	7	539,7048	15	1334,6370	3	120748,40	10	70720,87	16	50027,50	5
RB947679	713,3648	28	481,1678	25	1022,9610	28	104853,80	24	56675,65	43	48178,13	7
RB957508	718,0040	26	508,7181	21	997,0519	32	105232,60	23	62583,68	31	42648,92	14
RB957509	696,2581	32	471,4045	29	996,0629	33	101028,30	29	64454,70	27	36573,56	34
RB957539	703,8585	31	437,8191	44	1058,5780	21	98728,21	32	63319,44	29	35408,77	42
RB957544	629,8172	47	396,3907	52	941,0524	42	86926,37	51	55547,71	44	31378,66	55
RB957546	1001,6610	2	735,5507	1	1356,4740	2	146059,10	1	95105,38	4	50953,73	4
RB957554	688,6270	34	525,6119	18	905,9805	49	108204,60	19	69814,41	17	38390,19	29
RB957569	711,1639	29	442,3666	42	1069,5600	20	93115,32	40	50086,59	57	43028,74	13
RB957575	890,0849	5	643,3219	8	1219,1020	8	128602,90	7	76300,81	10	52302,11	3
RB957576	662,0693	41	467,5769	34	921,3925	44	100988,00	30	65083,92	23	35904,11	38
RB957610	564,9508	61	324,1776	65	885,9818	52	72758,61	63	45048,23	64	27710,38	60
RB957612	427,4511	70	294,6349	66	604,5393	71	60319,40	69	37327,72	68	22991,68	68
RB957615	515,3249	66	281,3221	69	827,3286	59	62788,18	67	36426,91	69	26361,28	63
RB957638	655,1296	43	438,2725	43	944,2725	41	91596,21	43	58281,66	39	33314,55	50
RB957649	517,6398	65	327,9653	64	770,5392	62	72255,17	64	45935,74	63	26319,42	64
RB957689	569,8325	59	352,0347	60	860,2295	55	74996,23	61	53554,76	49	21441,47	70

Continua...

Tabela 36 – Cont.

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Pi d		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl	Cl	cl	Cl	cl	Cl	cl	Cl	cl	Cl	cl	Cl
RB957695	652,8772	44	452,3228	39	920,2829	45	97965,95	34	64773,40	26	33192,55	51
RB957697	564,1607	62	383,5778	57	804,9379	61	81081,51	58	54065,21	47	27016,30	61
RB957712	521,6581	63	398,6840	51	685,6235	67	81267,02	57	54428,71	46	26838,31	62
RB957743	583,7341	55	337,9678	62	911,4225	47	78639,00	60	49400,00	58	29239,00	57
RB957751	713,4598	27	494,6057	22	1005,2650	30	104371,60	26	64220,04	28	40151,56	26
RB967505	674,3111	35	392,1335	54	1050,5480	22	89275,39	47	53297,38	50	35978,01	36
RB967510	727,4313	24	550,7734	13	962,9752	37	107776,90	20	71832,07	15	35944,83	37
RB967561	643,2352	46	461,8796	37	885,0426	53	94360,36	39	52295,42	53	42064,94	16
RB967585	652,0123	45	475,4962	28	887,3671	51	97396,89	35	59338,49	36	38058,41	30
RB967589	671,2223	36	469,3890	33	940,3334	43	98210,48	33	61031,06	34	37179,42	32
RB967590	627,3663	49	410,6129	50	916,3709	46	88482,95	48	52908,78	51	35574,17	41
RB967603	731,4071	23	512,3688	19	1023,4580	27	105960,70	22	64853,55	25	41107,14	23
RB967623	669,4228	38	395,6555	53	1034,4460	25	86801,75	52	53646,83	48	33154,92	52
RB967672	758,8447	18	475,9378	27	1136,0540	16	108252,60	18	67191,93	19	41060,68	24
RB977509	581,2872	56	470,2489	32	729,3382	65	89523,30	46	61285,38	33	28237,92	59
SP85-3877	623,5128	50	462,2828	36	838,4862	57	92280,45	42	58060,74	40	34219,70	46
SP86-42	319,8709	72	237,7414	71	429,3769	72	46401,86	72	31814,28	71	14587,57	72
SP87-365	454,9877	68	329,0729	63	622,8741	70	67184,79	65	35484,37	70	31700,42	54

Pi-g, Pi-f, Pi-d: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente.

Tabela 37 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo as metodologias adaptadas por Carneiro (1998) para a característica peso médio do colmo (PMC) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Pi d		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl		cl		cl		cl		cl		cl	
RB72454	0,0291	57	0,0247	52	0,0400	59	0,0390	61	0,0128	50	0,0262	63
RB835486	0,0325	43	0,0301	32	0,0386	63	0,0414	55	0,0147	41	0,0267	62
RB845210	0,0344	38	0,0277	40	0,0511	34	0,0477	41	0,0136	48	0,0341	36
RB855595	0,0528	4	0,0480	3	0,0647	14	0,0726	5	0,0268	3	0,0458	10
RB867515	0,0194	71	0,0124	72	0,0369	67	0,0298	71	0,0041	71	0,0257	65
RB896391	0,0468	9	0,0377	15	0,0696	7	0,0675	8	0,0186	25	0,0489	5
RB896406	0,0525	5	0,0434	6	0,0753	4	0,0763	2	0,0249	5	0,0514	3
RB928064	0,0271	61	0,0205	64	0,0437	51	0,0407	59	0,0112	57	0,0295	54
RB928168	0,0289	59	0,0256	50	0,0370	66	0,0411	58	0,0159	33	0,0252	66
RB937553	0,0446	15	0,0378	14	0,0618	22	0,0622	19	0,0199	19	0,0423	17
RB937568	0,0298	52	0,0265	48	0,0381	64	0,0412	57	0,0144	44	0,0267	61
RB937570	0,0251	64	0,0164	68	0,0468	43	0,0423	51	0,0107	61	0,0316	46
RB937638	0,0289	58	0,0225	59	0,0450	50	0,0417	54	0,0095	65	0,0321	43
RB947501	0,0415	21	0,0272	45	0,0770	2	0,0660	10	0,0146	42	0,0514	2
RB947506	0,0422	20	0,0321	29	0,0673	8	0,0634	17	0,0169	29	0,0465	8
RB947519	0,0452	13	0,0392	9	0,0601	23	0,0637	16	0,0222	9	0,0415	19
RB947520	0,0263	62	0,0186	66	0,0454	47	0,0390	62	0,0071	69	0,0319	44
RB947532	0,0236	69	0,0220	60	0,0278	71	0,0309	70	0,0109	59	0,0200	70
RB947547	0,0463	10	0,0389	10	0,0645	15	0,0677	7	0,0237	6	0,0440	14
RB947565	0,0408	25	0,0389	11	0,0457	45	0,0519	30	0,0195	21	0,0323	42
RB947568	0,0529	3	0,0417	8	0,0811	1	0,0755	3	0,0234	7	0,0521	1
RB947575	0,0251	65	0,0203	65	0,0370	65	0,0331	68	0,0086	67	0,0246	67
RB947577	0,0220	70	0,0138	71	0,0424	57	0,0339	67	0,0037	72	0,0302	51
RB947583	0,0322	45	0,0261	49	0,0475	41	0,0436	46	0,0111	58	0,0325	40
RB947596	0,0322	46	0,0234	56	0,0544	31	0,0484	39	0,0105	62	0,0379	29
RB947603	0,0340	40	0,0284	36	0,0481	40	0,0497	35	0,016	32	0,0337	37
RB947609	0,0255	63	0,0245	54	0,0280	70	0,0322	69	0,0122	55	0,0200	71
RB947624	0,0393	29	0,0376	16	0,0433	54	0,0493	37	0,0189	24	0,0304	50
RB947625	0,0308	50	0,0251	51	0,0450	49	0,0427	49	0,0127	52	0,0300	53
RB947639	0,0410	23	0,0305	31	0,0673	9	0,0623	18	0,0215	12	0,0408	23
RB947643	0,0393	28	0,0323	28	0,0569	28	0,0489	38	0,0147	40	0,0342	35
RB947645	0,0386	31	0,0292	34	0,0622	20	0,0562	27	0,0148	38	0,0413	20
RB947648	0,0250	66	0,0210	63	0,0350	68	0,0341	66	0,0100	64	0,0241	68
RB947649	0,0506	8	0,0470	5	0,0595	24	0,0654	11	0,0250	4	0,0404	24
RB947653	0,0568	1	0,0527	2	0,0670	10	0,0775	1	0,0314	1	0,0461	9
RB947656	0,0306	51	0,0270	46	0,0397	60	0,0432	47	0,0154	36	0,0279	58
RB947663	0,0461	11	0,0360	18	0,0715	6	0,0668	9	0,0191	22	0,0477	7
RB947677	0,0192	72	0,0161	69	0,0271	72	0,0250	72	0,0060	70	0,0190	72
RB947679	0,0323	44	0,0239	55	0,0531	32	0,0478	40	0,0129	49	0,0349	33
RB957508	0,0359	33	0,0276	44	0,0568	29	0,0498	34	0,0125	53	0,0373	30
RB957509	0,0340	41	0,0277	42	0,0499	38	0,0469	43	0,0145	43	0,0323	41
RB957539	0,0297	53	0,0246	53	0,0424	56	0,0418	53	0,0124	54	0,0294	55
RB957544	0,0438	17	0,0383	13	0,0577	27	0,0600	23	0,0219	10	0,0381	28
RB957546	0,0568	2	0,0529	1	0,0664	12	0,0726	4	0,0270	2	0,0456	11
RB957554	0,0428	19	0,0344	21	0,0638	17	0,0622	20	0,0213	13	0,0409	22
RB957569	0,0344	37	0,0277	39	0,0510	35	0,0512	31	0,0165	30	0,0346	34
RB957575	0,0242	67	0,0166	67	0,0433	53	0,0374	64	0,0074	68	0,0300	52
RB957576	0,0412	22	0,0325	27	0,0630	19	0,0613	22	0,0189	23	0,0423	16
RB957610	0,0408	24	0,0338	25	0,0583	26	0,0583	25	0,0180	27	0,0403	25
RB957612	0,0461	12	0,0385	12	0,0651	13	0,0652	12	0,0197	20	0,0455	12
RB957615	0,0439	16	0,0361	17	0,0635	18	0,0642	15	0,0200	17	0,0443	13
RB957638	0,0357	34	0,0288	35	0,0530	33	0,0503	33	0,0150	37	0,0353	31
RB957649	0,0343	39	0,0299	33	0,0453	48	0,0493	36	0,0176	28	0,0318	45
RB957689	0,0405	26	0,0333	26	0,0586	25	0,0590	24	0,0208	14	0,0382	26

Continua...

Tabela 37 – Cont.

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g	cl	Pi f	cl	Pi d	cl	Pi g	cl	Pi f	cl	Pi d	cl
RB957695	0,0432	18	0,0358	20	0,0619	21	0,0619	21	0,0206	16	0,0413	21
RB957697	0,0400	27	0,0339	24	0,0552	30	0,0566	26	0,0185	26	0,0381	27
RB957712	0,0294	56	0,0211	61	0,0503	37	0,0414	56	0,0104	63	0,0309	48
RB957743	0,0451	14	0,0342	23	0,0725	5	0,0649	13	0,0162	31	0,0487	6
RB957751	0,0313	47	0,0277	41	0,0403	58	0,0395	60	0,0137	47	0,0258	64
RB967505	0,0309	49	0,0276	43	0,0391	62	0,0430	48	0,0158	34	0,0271	60
RB967510	0,0383	32	0,0343	22	0,0483	39	0,0533	29	0,0207	15	0,0326	39
RB967561	0,0354	35	0,0229	57	0,0668	11	0,0540	28	0,0114	56	0,0426	15
RB967585	0,0312	48	0,0279	38	0,0394	61	0,0420	52	0,0143	45	0,0277	59
RB967589	0,0295	55	0,0282	37	0,0329	69	0,0361	65	0,0127	51	0,0234	69
RB967590	0,0295	54	0,0210	62	0,0508	36	0,0456	45	0,0107	60	0,0349	32
RB967603	0,0237	68	0,0158	70	0,0435	52	0,0375	63	0,0089	66	0,0286	56
RB967623	0,0386	30	0,0359	19	0,0455	46	0,0511	32	0,0200	18	0,0311	47
RB967672	0,0353	36	0,0311	30	0,0460	44	0,0466	44	0,0157	35	0,0309	49
RB977509	0,0325	42	0,0267	47	0,0472	42	0,0476	42	0,0148	39	0,0328	38
SP85-3877	0,0283	60	0,0225	58	0,0427	55	0,0426	50	0,0143	46	0,0284	57
SP86-42	0,0520	7	0,0472	4	0,0638	16	0,0646	14	0,0227	8	0,0419	18
SP87-365	0,0523	6	0,0427	7	0,0761	3	0,0710	6	0,0218	11	0,0492	4

Pi-g, Pi-f e Pi-d: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente.

Tabela 38 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo as metodologias adaptadas por Carneiro (1998) para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Pi d		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	
RB72454	27,4232	59	18,7775	47	33,9075	61	1047,2100	55	608,4269	52	438,7826	54
RB835486	34,5096	10	28,6229	6	38,9247	28	1521,7650	6	1049,6140	3	472,1515	40
RB845210	30,9322	30	20,4187	34	38,8174	29	1194,3390	31	727,5580	30	466,7811	41
RB855595	29,2056	49	19,5526	41	36,4455	48	1149,4040	38	668,9495	39	480,4548	34
RB867515	24,7369	69	13,8424	71	32,9078	64	872,3104	70	463,0898	69	409,2206	67
RB896391	28,4572	53	16,9057	60	37,1209	43	999,2948	60	525,8607	65	473,4341	39
RB896406	28,4471	54	15,6781	65	38,0237	34	974,1359	64	533,3872	63	440,7487	53
RB928064	25,8981	65	14,3459	70	34,5623	57	876,4974	69	460,7640	70	415,7334	63
RB928168	30,0910	40	25,8383	13	33,2806	63	1336,4700	16	860,1699	15	476,2997	35
RB937553	32,9383	19	22,7484	20	40,5808	18	1326,9660	18	794,7425	21	532,2234	11
RB937568	30,8055	32	21,9235	28	37,4669	38	1217,4200	28	730,0874	29	487,3329	31
RB937570	26,6340	62	15,2097	67	35,2023	54	937,8951	68	505,9346	67	431,9605	56
RB937638	37,3635	7	24,8219	16	46,7697	3	1480,2990	8	895,8834	12	584,4159	5
RB947501	31,2065	29	17,7475	52	41,3008	15	1079,0330	50	584,7769	55	494,2561	27
RB947506	33,2067	17	17,8429	51	44,7295	8	1153,0440	36	605,7942	53	547,2501	9
RB947519	30,7067	34	25,1967	15	34,8392	56	1349,5730	15	884,8133	14	464,7594	45
RB947520	22,7241	72	12,4548	72	30,4261	69	802,5269	72	438,0245	72	364,5024	71
RB947532	28,9002	51	17,3111	55	37,5920	36	1046,9570	56	546,8753	62	500,0820	23
RB947547	39,0969	3	29,4808	4	46,3090	4	1581,6370	4	974,5605	6	607,0766	3
RB947565	42,6332	2	29,3620	5	52,5866	2	1695,6130	2	1018,8390	5	676,7732	2
RB947568	37,5348	6	27,1197	9	45,3462	7	1518,0390	7	962,6759	8	555,3634	8
RB947575	29,2624	46	19,6234	40	36,4916	47	1149,1620	39	691,3946	37	457,7672	49
RB947577	27,7341	58	15,8715	64	36,6311	45	1011,1520	59	527,7058	64	483,4456	33
RB947583	32,3670	25	23,3637	18	39,1195	26	1302,5900	20	836,4541	16	466,1362	42
RB947596	30,7169	33	19,7658	38	38,9302	27	1209,8430	29	710,0712	33	499,7716	24
RB947603	29,3930	45	21,0755	30	35,6311	53	1155,3820	35	703,3348	36	452,0475	50
RB947609	33,4036	15	28,0207	7	37,4407	40	1468,7000	9	965,0842	7	503,6153	20
RB947624	30,6843	35	20,6218	32	38,2311	32	1201,7600	30	703,5887	35	498,1715	25
RB947625	35,7433	8	30,2598	3	39,8559	23	1552,6960	5	1031,7100	4	520,9862	14
RB947639	37,7910	5	26,7735	10	46,0541	5	1393,2820	13	835,2126	17	558,0695	7
RB947643	29,9917	41	16,2227	63	40,3184	22	971,2185	65	553,8978	61	417,3208	61
RB947645	33,5566	14	22,4415	24	41,8930	14	1283,6530	23	767,5507	24	516,1018	16
RB947648	33,0524	18	25,6711	14	38,5884	31	1392,2980	14	889,8075	13	502,4907	21
RB947649	29,5109	43	20,2842	36	36,4309	49	1100,6800	46	656,3914	43	444,2886	51
RB947653	38,8836	4	31,7110	2	44,2631	9	1630,8910	3	1064,9730	2	565,9182	6
RB947656	32,4227	24	23,0217	19	39,4734	25	1298,5810	21	767,2125	25	531,3686	12
RB947663	30,9217	31	22,4604	23	37,2677	41	1308,6210	19	833,8435	18	474,7777	37
RB947677	30,3680	36	19,1953	44	38,7476	30	1149,6790	37	675,7065	38	473,9722	38
RB947679	31,3658	27	18,4175	48	41,0769	16	1086,7180	49	570,3909	58	516,3272	15
RB957508	33,8879	13	22,1356	27	42,7021	12	1333,4700	17	810,7114	20	522,7586	13
RB957509	32,7648	20	22,4184	25	40,5247	19	1243,5510	26	745,8651	28	497,6861	26
RB957539	29,4834	44	20,2572	37	36,4030	50	1139,9130	40	708,2616	34	431,6517	57
RB957544	31,3517	28	20,4678	33	39,5146	24	1124,7710	42	633,9207	47	490,8505	28
RB957546	46,5093	1	37,1261	1	53,5468	1	2060,8200	1	1367,1560	1	693,6643	1
RB957554	34,1239	12	23,4917	17	42,0982	13	1297,5550	22	753,0398	27	544,5151	10
RB957569	30,1036	39	19,6602	39	37,9362	35	1189,0520	32	727,3589	31	461,6935	47
RB957575	33,3782	16	17,2321	58	45,4877	6	1110,8700	44	521,4816	66	589,3885	4
RB957576	32,7240	21	22,4804	22	40,4066	21	1279,1740	24	789,0238	22	490,1500	29
RB957610	25,2221	67	14,3506	69	33,3756	62	866,4967	71	450,5625	71	415,9341	62
RB957612	27,0151	60	17,5547	54	34,1104	60	1090,6570	48	660,2496	42	430,4071	58
RB957615	28,4737	52	16,3302	61	37,5814	37	1036,2300	57	561,1068	60	475,1232	36
RB957638	30,3349	37	21,1142	29	37,2504	42	1232,1510	27	771,8512	23	460,3001	48
RB957649	25,0014	68	18,1610	49	30,1317	71	1024,6040	58	622,1355	51	402,4681	69
RB957689	29,2370	48	22,4977	21	34,2915	59	1182,7410	34	755,6240	26	427,1168	60

Continua...

Tabela 38 – Cont.

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Pi d		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	
RB957695	34,2492	11	25,9874	12	40,4457	20	1403,6230	12	899,7727	11	503,8507	19
RB957697	26,3981	63	18,0995	50	32,6220	65	1060,4380	52	644,8841	45	415,5539	64
RB957712	24,2646	71	17,3051	56	29,4841	72	990,9307	62	644,6812	46	346,2495	72
RB957743	32,4311	23	17,6315	53	43,5309	10	1124,6080	43	624,0207	50	500,5871	22
RB957751	30,2207	38	22,2437	26	36,2035	52	1274,4770	25	830,9165	19	443,5602	52
RB967505	29,9337	42	20,3863	35	37,0942	44	1128,6040	41	662,6118	40	465,9921	43
RB967510	32,4456	22	27,3569	8	36,2621	51	1443,1480	11	934,3305	10	508,8172	17
RB967561	28,4378	55	15,6285	66	38,0447	33	999,2361	61	563,0117	59	436,2243	55
RB967585	29,2438	47	19,5480	42	36,5156	46	1108,9370	45	625,4409	49	483,4957	32
RB967589	28,9189	50	21,0095	31	34,8509	55	1182,9140	33	717,0587	32	465,8552	44
RB967590	27,7729	57	14,8641	68	37,4545	39	944,0101	66	481,8985	68	462,1116	46
RB967603	26,0170	64	17,2623	57	32,5831	66	982,2492	63	576,2201	56	406,0291	68
RB967623	27,9066	56	19,1805	45	34,4512	58	1058,0710	53	628,3168	48	429,7545	59
RB967672	34,7263	9	26,4839	11	40,9081	17	1445,2170	10	957,2378	9	487,9795	30
RB977509	25,3996	66	18,7851	46	30,3604	70	1057,8370	54	647,1177	44	410,7196	66
SP85-3877	26,7438	61	19,2120	43	32,3927	67	1075,8980	51	662,5763	41	413,3215	65
SP86-42	24,5797	70	16,2457	62	30,8301	68	940,3966	67	573,9900	57	366,4066	70
SP87-365	31,9418	26	17,0457	59	43,1140	11	1099,8580	47	592,1355	54	507,7221	18

Pi-g, Pi-f, Pi-d: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente.

Tabela 39 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo as metodologias adaptadas por Carneiro (1998) para a característica toneladas de cana por hectare (TCH) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Pi d		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	
RB72454	534,5277	64	325,9702	61	812,6044	60	77375,14	63	32713,50	60	44661,64	61
RB835486	770,2353	8	561,5148	4	1048,5300	12	113658,80	8	57556,58	5	56102,21	11
RB845210	623,0178	28	370,2475	41	960,0449	26	92474,03	29	43160,35	25	49313,68	34
RB855595	609,2091	35	408,1092	23	877,3422	48	95761,98	21	45065,41	20	50696,57	27
RB867515	487,3892	69	272,3645	71	774,0887	67	70027,40	70	27474,12	70	42553,28	65
RB896391	583,2606	48	331,4769	59	971,1698	33	84185,26	48	35863,95	50	48321,3	43
RB896406	570,8384	54	323,9260	62	900,0549	39	78842,22	62	32003,23	63	46838,98	51
RB928064	515,7678	67	279,0233	70	831,4271	58	70612,79	68	26235,11	71	44377,69	63
RB928168	623,0869	27	503,2611	8	782,8547	65	101206,70	14	56533,45	8	44673,29	60
RB937553	624,5167	26	450,2422	15	856,8826	54	97633,18	18	46361,29	18	51271,89	25
RB937568	606,7154	38	394,2716	29	889,9738	44	90260,40	30	41708,25	31	48552,15	40
RB937570	571,4342	53	334,6400	56	887,1598	45	82304,16	56	35036,34	51	47267,82	48
RB937638	773,7279	7	489,1896	11	1153,1120	5	117011,10	5	51689,29	12	65321,82	3
RB947501	620,5325	30	357,5545	43	971,1698	23	85717,07	44	35008,05	52	50709,02	26
RB947506	676,0789	16	394,9838	28	1050,8720	11	98549,34	17	38011,77	41	60537,57	7
RB947519	577,5800	52	421,6470	21	785,4906	64	86855,47	41	42250,00	30	44605,47	62
RB947520	481,5259	71	289,5236	69	737,5289	69	67042,42	71	25783,71	72	41258,71	67
RB947532	596,1884	44	348,8583	50	925,9619	29	89712,65	32	37349,16	43	52363,49	18
RB947547	792,9974	4	550,1307	5	1116,8200	7	117761,80	4	55257,47	9	62504,29	5
RB947565	900,9466	2	582,1541	3	1326,0030	1	140846,30	2	66731,02	2	74115,32	1
RB947568	785,7504	6	502,1619	9	1163,8680	4	114516,90	6	54806,97	10	59709,92	8
RB947575	612,1159	33	380,2023	38	921,3340	32	96133,85	20	47334,65	16	48799,20	39
RB947577	559,1008	59	345,5576	52	843,8250	55	83518,45	49	31580,96	64	51937,49	22
RB947583	612,0383	34	350,9673	48	960,1329	25	83507,80	50	34326,73	56	49181,07	35
RB947596	613,6301	32	428,7942	18	860,0780	53	93060,95	27	39104,13	38	53956,82	15
RB947603	599,6478	42	397,4763	27	869,2097	50	86935,03	40	40021,61	36	46913,42	50
RB947609	691,0580	11	516,4849	7	923,8223	31	108238,00	11	56787,15	7	51450,82	24
RB947624	628,4136	24	397,7322	26	935,9887	28	94964,08	25	43487,90	22	51476,19	23
RB947625	739,0832	9	521,4410	6	1029,2730	16	113744,20	7	58539,26	4	55204,91	13
RB947639	792,2630	5	483,3493	12	1204,1480	3	111673,00	9	52333,16	11	59339,80	9
RB947643	634,6245	23	295,5860	68	1086,6760	9	82113,38	57	32482,12	61	49631,26	32
RB947645	680,9526	13	417,8071	22	1031,8130	15	95219,82	22	40221,32	33	54998,49	14
RB947648	605,2504	39	389,1179	31	893,4272	41	88751,04	36	42757,42	27	45993,62	57
RB947649	605,2422	40	340,7102	54	957,9517	27	84417,54	47	38130,05	40	46287,49	54
RB947653	836,6228	3	602,6981	2	1148,5220	6	119991,50	3	57062,41	6	62929,10	4
RB947656	589,7585	46	428,0497	19	805,3703	63	88659,50	37	38559,96	39	50099,54	31
RB947663	628,1556	25	431,7293	17	890,0574	43	94998,07	23	45842,32	19	49155,75	36
RB947677	586,5745	47	332,1508	57	925,8062	30	82978,00	53	34495,50	55	48482,49	41
RB947679	616,4505	31	355,9276	45	963,8143	24	85008,12	46	33050,43	59	51957,69	21
RB957508	653,9208	21	402,7591	24	988,8029	21	100954,10	15	47445,29	15	53508,79	17
RB957509	622,5500	29	356,3442	44	977,4911	22	89002,41	35	40766,52	32	48235,89	44
RB957539	594,0300	45	380,0538	39	879,3316	47	82983,76	52	36777,41	45	46206,35	56
RB957544	665,8786	19	390,0673	30	1033,6270	14	93915,88	26	43257,47	23	50658,41	28
RB957546	938,9894	1	660,2796	1	1310,6020	2	150678,20	1	79603,42	1	71074,77	2
RB957554	701,5311	10	464,8587	13	1017,0940	17	101582,10	13	47678,20	14	53903,94	16
RB957569	600,0237	41	385,5001	35	886,0551	46	86257,56	43	36773,99	46	49483,57	33
RB957575	677,4990	14	399,8056	25	1047,7570	13	101799,30	12	40112,75	34	61686,59	6
RB957576	677,4567	15	433,7048	16	1002,4590	19	100281,30	16	48275,40	13	52005,92	20
RB957610	567,0020	58	322,4807	63	893,0304	42	82423,82	55	34598,84	53	47824,99	46
RB957612	544,3432	62	343,7934	53	811,7430	62	83504,42	51	36764,50	47	46739,91	52
RB957615	570,4524	55	322,4181	64	901,1648	38	82534,27	54	32156,02	62	50378,25	29
RB957638	607,7013	37	384,3112	37	905,5548	35	89238,45	33	40088,83	35	49149,62	37
RB957649	484,8974	70	321,7693	65	702,4017	72	70595,07	69	31122,29	66	39472,78	70
RB957689	569,3953	56	350,9567	49	860,6467	52	80009,67	60	39254,14	37	40755,52	68

Continua...

Tabela 39 – Cont.

GENÓTIPOS	Diferenças em Relação à Reta Bissegmentada Ponderadas pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)						Trapézio Quadrático Ponderado pelo Coeficiente de Variação Residual (C.V.)					
	Pi g		Pi f		Pi d		Pi g		Pi f		Pi d	
	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	cl	
RB957695	688,6025	12	462,2538	14	990,4006	20	94976,65	24	42853,41	26	52123,24	19
RB957697	569,0294	57	371,3507	40	832,6008	57	87383,46	39	42303,52	29	45079,93	59
RB957712	457,0881	72	266,5855	72	711,0916	71	63430,22	72	30643,87	67	32786,35	72
RB957743	658,2810	20	326,5953	60	1100,5290	8	89027,33	34	33073,09	58	55954,24	12
RB957751	597,0353	43	388,5606	32	875,0016	49	88337,69	38	43168,99	24	45168,69	58
RB967505	578,3729	50	339,9182	55	896,3124	40	79787,97	61	33578,92	57	46209,05	55
RB967510	670,4181	18	489,3471	10	911,8463	34	110349,80	10	61995,77	3	48354,06	42
RB967561	577,6243	51	332,0918	58	905,0009	36	77156,76	65	29224,48	69	47932,28	45
RB967585	578,7008	49	385,1327	36	836,7915	56	85288,86	45	36418,32	48	48870,54	38
RB967589	558,0387	60	367,2545	42	812,4176	61	80956,38	59	34542,39	54	46413,99	53
RB967590	542,1816	63	302,9590	67	861,1451	51	76795,24	66	29684,03	68	47111,21	49
RB967603	551,5975	61	351,0742	47	818,9618	59	81296,31	58	37032,93	44	44263,38	64
RB967623	608,7787	36	387,7388	33	903,4986	37	90198,48	31	42521,73	28	47676,75	47
RB967672	673,0327	17	423,0696	20	1006,3170	18	96995,33	19	46738,87	17	50256,46	30
RB977509	531,1295	65	386,0241	34	724,6033	70	86452,07	42	44897,65	21	41554,42	66
SP85-3877	516,4427	66	346,1571	51	743,4903	68	77181,41	64	37777,93	42	39403,48	71
SP86-42	509,3622	68	307,4773	66	778,5422	66	71719,55	67	31498,87	65	40220,68	69
SP87-365	651,6241	22	352,0772	46	1051,0200	10	92490,02	28	35898,71	49	56591,32	10

Pi-g, Pi-f, Pi-d: Parâmetros MAEC, considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente.

Para o Brix, as metodologias DRRB-CV e TQ-CV destacaram o clone RB957610 como sendo o de melhor desempenho quando se consideram todos os ambientes ou apenas os ambientes desfavoráveis. Essas metodologias também coincidiram em classificar o genótipo RB957697 como sendo o de melhor desempenho nos ambientes favoráveis. Verificou-se que a testemunha RB835486 encontra-se entre os três primeiros genótipos de melhor desempenho, classificados pelas três classes de ambientes em ambas as metodologias. Já a testemunha RB72454 apresentou desempenho ruim em todas as situações (Tabela 35).

Para o NC, as metodologias DRRB-CV e TQ-CV destacaram o clone SP86-42 como sendo o de melhor desempenho quando foram considerados todos os ambientes ou apenas os ambientes favoráveis. Este clone também foi classificado como sendo o segundo clone de melhor desempenho nos ambientes desfavoráveis, onde o clone que mais se destacou foi o RB896406. As testemunhas não apresentaram bom desempenho em nenhuma das metodologias e classificações de ambientes (geral, favorável e desfavorável), porém a RB72454, em todas as situações, foi superior à RB835486 (Tabela 36).

Para o PMC, as metodologias DRRB-CV e TQ-CV destacaram o clone RB947677 como sendo o de melhor desempenho quando foram considerados todos os ambientes ou apenas os ambientes desfavoráveis. Para os ambientes favoráveis, as

metodologias DRRB-CV e TQ-CV classificaram como sendo de melhor desempenho os clones RB867515 e RB947577, respectivamente. Ressalta-se que as metodologias DRRB-CV e TQ-CV também destacaram o RB867515 como sendo o segundo clone de melhor desempenho no ambiente geral e no ambiente geral e favorável, respectivamente. As testemunhas não apresentaram bom desempenho em nenhuma das metodologias e classificações de ambientes (geral, favorável e desfavorável) (Tabela 37). Entretanto, um fato curioso foi que, ao contrário do que aconteceu com as demais características, para o PMC as testemunhas apresentaram estimativas de Pi bem menos discrepantes, ou seja, estas tenderam a apresentar um desempenho mais similar entre as diferentes classificações de ambientes, principalmente nos desfavoráveis.

Para a TBH, as metodologias DRRB-CV e TQ-CV destacaram o clone RB947520 como sendo o de melhor desempenho quando foram considerados todos os ambientes ou apenas os ambientes favoráveis. Nos ambientes desfavoráveis, as metodologias classificaram como sendo de melhor desempenho o clone RB957712. As testemunhas não apresentaram bom desempenho em nenhuma das metodologias e classificações de ambientes (geral, favorável e desfavorável), porém a RB72454, em todas as situações, mostrou-se melhor que a RB835486 (Tabela 38).

Para a TCH, a metodologia DRRB-CV destacou o clone RB957712 como sendo o de melhor desempenho quando foram considerados todos os ambientes e apenas os favoráveis. Nos ambientes desfavoráveis, essa metodologia destacou como sendo de melhor desempenho o clone RB957649. A metodologia TQ-CV destacou o clone RB957712 como sendo o de melhor desempenho quando foram considerados todos os ambientes e apenas os desfavoráveis. Nos ambientes favoráveis, essa metodologia destacou como sendo de melhor desempenho o clone RB947520. As testemunhas novamente não apresentaram bom desempenho em nenhuma das metodologias e classificações de ambientes (geral, favorável e desfavorável), porém a RB72454, em todas as situações, mostrou-se melhor que a RB835486 (Tabela 39).

Verificou-se que para todas as características avaliadas as metodologias DRRB-CV e TQ-CV tenderam a classificar os clones de maior valor genotípico, ou seja, mais produtivos, como sendo também os de melhor desempenho nas diferentes classes de ambientes. Assim, esse método, diferentemente do método de Wricke (1965), poderia ser utilizado mais eficientemente nas etapas iniciais de seleção, quando os clones ainda apresentam diferenças bastante discrepantes quanto ao caráter produtividade de cana e açúcar.

A metodologia de Eberhart e Russell classificou todos os clones (com exceção das testemunhas) como sendo de adaptabilidade geral para as características PMC e TCH (Tabelas 42 e 44). Já para as demais características (Tabelas 40, 41 e 43) alguns clones foram classificados como sendo de adaptabilidade específica, de forma que a maioria também apresentou adaptabilidade geral.

Clones com adaptabilidade geral apresentam coeficiente de regressão significativamente igual à unidade ($\hat{\alpha}_{ii} = 1$), sendo indicados para qualquer situação de ambiente. Produzem satisfatoriamente em ambientes de baixa condição de cultivo, como também são capazes de responderem vantajosamente à melhoria do ambiente. Clones com adaptabilidade específica apresentam coeficientes de regressão significativamente diferente da unidade. Se $\hat{\alpha}_{ii}$ é menor que a unidade, o clone tem melhor desempenho em ambientes desfavoráveis, pois são mais resistentes ou constantes às mudanças ambientais. Se $\hat{\alpha}_{ii}$ é maior que a unidade, o clone tem melhor desempenho em ambientes favoráveis, pois respondem vantajosamente à melhoria ambiental.

Para Brix, cinco clones exibiram adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, a saber: RB896406, RB947547, RB947643, RB947656 e RB967672; e três apresentaram adaptabilidade específica a ambientes favoráveis, a saber: RB957546, RB957649 e RB957712 (Tabela 40). No entanto, para a recomendação desses clones, é importante verificar o quanto estão produzindo de Brix para então decidir se realmente são promissores para aqueles ambientes. Assim, os clones RB947643 e RB957649 são os mais indicados para ambientes desfavoráveis e favoráveis, respectivamente, pois apresentam valores genotípicos para Brix bem próximos aos da testemunha RB835486 nesses ambientes (Tabela 2).

Para o NC, os clones com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis foram RB947532, RB947649 e RB957615, já os com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis, RB928168, RB957546 e RB977509 (Tabela 41). Recomendam-se para os ambientes favoráveis os clones RB947649 e RB957615, por apresentarem elevados valores genotípicos para essa característica (Tabela 3), enquanto para os ambientes desfavoráveis o mais indicado seria o RB947649.

Para TBH, os clones RB947653 e RB957575 apresentaram adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e favoráveis, respectivamente (Tabela 43). Entretanto, recomenda-se o clone RB947653 apenas para o ambiente desfavorável ATE, onde foi mais produtivo, pois nos demais ambientes desfavoráveis (AGR, UJA e UTR) ele se mostrou bastante inferior às testemunhas (Tabela 5).

Tabela 40 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966) para a característica Brix médio por parcela (BRIX) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB72454	1,0128	34	97,7246	12
RB835486	1,0086	35	90,6995	48
RB845210	0,7843	65	84,3629	66
RB855595	0,9249	48	91,1374	46
RB867515	0,9920	39	98,2579	9
RB896391	1,0670	25	98,1888	10
RB896406	0,6368**	72	81,3832	68
RB928064	0,8946	52	98,4460	5
RB928168	0,9598	44	86,7670	62
RB937553	0,8670	57	87,6512	60
RB937568	1,0500	29	98,3585	7
RB937570	1,0554	26	99,1074	2
RB937638	0,9903	41	92,8043	43
RB947501	0,8414	59	94,5983	36
RB947506	0,7723	66	94,9886	34
RB947519	1,0063	36	91,5055	44
RB947520	1,0760	23	98,9289	3
RB947532	1,2460	6	95,7435	32
RB947547	0,7130*	69	91,3752	45
RB947565	1,0508	28	96,3246	28
RB947568	1,1043	18	89,4960	55
RB947575	0,8399	60	89,8343	52
RB947577	1,1328	16	97,7407	11
RB947583	0,9221	49	78,1849	69
RB947596	0,8802	55	98,3975	6
RB947603	0,9784	42	96,0490	30
RB947609	0,9513	47	94,7580	35
RB947624	1,1544	14	98,3254	8
RB947625	0,8085	61	76,2783	70
RB947639	0,7512	67	87,9700	59
RB947643	0,6631**	70	89,6344	54
RB947645	1,1499	15	85,9014	64
RB947648	1,0757	24	88,6493	58
RB947649	1,0296	31	96,7653	22
RB947653	0,9972	38	93,7268	39
RB947656	0,6510**	71	70,2703	71
RB947663	1,2521	5	97,5994	13
RB947677	1,0276	32	97,4228	15
RB947679	1,0418	30	96,6634	24

Continua...

Tabela 40 – Cont.

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB957508	0,7851	64	86,9595	61
RB957509	0,9068	51	91,0397	47
RB957539	0,8640	58	97,3496	16
RB957544	1,2063	9	93,4602	41
RB957546	1,5623**	1	62,9035	72
RB957554	1,0900	21	94,2402	38
RB957569	1,1748	11	97,1373	18
RB957575	0,9530	46	81,5983	67
RB957576	0,8808	54	90,3009	50
RB957610	1,0225	33	86,5143	63
RB957612	1,1639	13	98,8724	4
RB957615	1,2368	8	96,0939	29
RB957638	1,0965	20	93,4456	42
RB957649	1,2816*	2	97,0300	19
RB957689	1,0982	19	99,3389	1
RB957695	1,1316	17	94,3781	37
RB957697	1,2036	10	96,8162	20
RB957712	1,2666*	3	96,6531	25
RB957743	1,1669	12	96,7294	23
RB957751	1,0802	22	90,4480	49
RB967505	1,0548	27	95,7080	33
RB967510	1,2455	7	97,4464	14
RB967561	0,9582	45	97,3130	17
RB967585	0,9993	37	96,3511	27
RB967589	1,2525	4	96,0020	31
RB967590	0,8792	56	89,7170	53
RB967603	0,7978	63	89,3869	56
RB967623	0,8829	53	90,0968	51
RB967672	0,7283*	68	85,7464	65
RB977509	0,9604	43	89,3355	57
SP85-3877	0,9163	50	96,6218	26
SP86-42	0,9908	40	93,6908	40
SP87-365	0,8021	62	96,7970	21

* Significativo a 5% de probabilidade e ** significativo a 1% de probabilidade.

Tabela 41 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966) para a característica número de colmos por parcela (NC) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB72454	1,0650	24	96,8459	17
RB835486	0,7724*	69	83,5667	68
RB845210	0,9872	41	97,7805	7
RB855595	0,9400	47	91,9427	53
RB867515	1,0207	33	97,4938	13
RB896391	1,1616	9	84,6089	65
RB896406	1,1931	5	92,2748	51
RB928064	1,0065	36	97,6801	10
RB928168	0,6955**	72	92,1491	52
RB937553	0,8139	65	72,8106	72
RB937568	1,0746	23	98,3966	4
RB937570	1,0990	20	97,7757	8
RB937638	0,8819	57	91,8932	54
RB947501	1,1288	14	97,4509	14
RB947506	1,1588	10	94,1254	41
RB947519	0,9170	51	94,6566	36
RB947520	0,8590	60	91,3447	56
RB947532	1,2569*	2	95,8274	27
RB947547	1,1406	12	98,3221	5
RB947565	1,1761	6	93,9185	44
RB947568	1,0529	28	97,5935	11
RB947575	0,9612	43	94,0866	42
RB947577	0,9269	48	95,9191	25
RB947583	1,0567	27	96,5588	19
RB947596	0,9193	49	86,2282	64
RB947603	0,8674	59	93,4273	47
RB947609	0,7874	68	93,5956	46
RB947624	1,1521	11	97,5700	12
RB947625	0,8047	67	88,8105	60
RB947639	1,0022	37	93,3213	48
RB947643	1,2043	4	93,0195	49
RB947645	1,0609	26	98,5718	2
RB947648	1,0429	29	94,7059	35
RB947649	1,3880**	1	92,7662	50
RB947653	0,8713	58	81,0559	70
RB947656	1,0084	35	88,6271	61
RB947663	0,9027	54	94,3050	38
RB947677	1,1054	17	95,0598	30
RB947679	1,1147	15	89,8915	59

Continua...

Tabela 41 – Cont.

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB957508	0,9419	46	95,9096	26
RB957509	0,9953	39	97,8804	6
RB957539	1,0627	25	96,4888	20
RB957544	1,0895	21	95,0058	31
RB957546	0,7372*	71	74,8428	71
RB957554	0,8384	63	93,8620	45
RB957569	1,1045	18	90,9340	57
RB957575	1,0394	30	90,5706	58
RB957576	0,8371	64	91,3933	55
RB957610	1,1735	7	96,6649	18
RB957612	0,9113	52	94,4696	37
RB957615	1,2445*	3	98,6543	1
RB957638	0,9590	44	97,3546	16
RB957649	1,0747	22	95,2080	29
RB957689	0,9669	42	83,8429	67
RB957695	0,8919	56	94,1702	40
RB957697	0,9105	53	97,3653	15
RB957712	0,8071	66	94,8176	32
RB957743	1,1141	16	96,2457	23
RB957751	0,8919	55	94,7653	33
RB967505	1,1398	13	94,2322	39
RB967510	0,8576	61	88,2133	62
RB967561	0,9502	45	82,5444	69
RB967585	0,9917	40	95,3047	28
RB967589	1,0388	31	96,4434	21
RB967590	1,0992	19	98,4052	3
RB967603	1,0096	34	96,0563	24
RB967623	1,1665	8	97,7641	9
RB967672	1,0362	32	96,2512	22
RB977509	0,7705*	70	94,0130	43
SP85-3877	0,8488	62	94,7495	34
SP86-42	0,9190	50	87,9529	63
SP87-365	1,0020	38	84,5495	66

* Significativo a 5% de probabilidade e ** significativo a 1% de probabilidade.

Tabela 42 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966) para a característica peso médio de colmo (PMC) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB72454	0,9580	42	93,1724	7
RB835486	0,7756	60	79,9412	45
RB845210	1,1446	20	97,3705	2
RB855595	0,7513	63	60,7395	67
RB867515	1,3220	7	68,4999	60
RB896391	1,0390	32	89,6162	19
RB896406	0,9672	40	85,2791	31
RB928064	1,0988	26	79,8993	46
RB928168	0,7912	58	72,6990	55
RB937553	0,9794	37	91,4852	16
RB937568	0,8004	57	91,7225	14
RB937570	1,1470	19	58,7248	69
RB937638	1,0439	29	74,5902	50
RB947501	1,3637	2	91,7543	13
RB947506	1,1230	24	89,1410	21
RB947519	0,7885	59	81,0218	41
RB947520	1,1303	23	63,1297	66
RB947532	0,5681	72	52,2234	70
RB947547	0,8766	51	82,0789	37
RB947565	0,6948	69	73,4307	53
RB947568	1,2016	14	81,1258	40
RB947575	1,1897	15	87,4028	24
RB947577	1,3474	3	60,5309	68
RB947583	1,0437	30	75,6165	49
RB947596	1,1126	25	81,5069	38
RB947603	0,8286	55	94,8562	5
RB947609	0,6485	71	85,7636	29
RB947624	0,7162	65	67,0375	61
RB947625	1,0519	28	97,6470	1
RB947639	1,2256	11	63,5910	65
RB947643	1,2785	9	82,5426	36
RB947645	1,1331	22	86,8944	27
RB947648	0,8931	49	80,2760	44
RB947649	0,8310	54	64,1714	63
RB947653	0,6570	70	52,0200	71
RB947656	0,7039	67	90,4394	18
RB947663	1,1488	18	87,1026	25
RB947677	0,9469	44	64,5381	62
RB947679	1,2201	12	94,8795	4

Continua...

Tabela 42 – Cont.

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB957508	1,3372	6	89,4642	20
RB957509	1,1367	21	88,6170	23
RB957539	0,8466	53	72,9188	54
RB957544	0,9115	47	80,9246	43
RB957546	0,8717	52	49,5027	72
RB957554	1,1522	17	70,8519	57
RB957569	0,8882	50	69,1517	58
RB957575	1,2582	10	68,6161	59
RB957576	1,0793	27	92,3302	11
RB957610	1,0212	33	85,2801	30
RB957612	0,9637	41	88,8106	22
RB957615	0,9021	48	94,2578	6
RB957638	1,0404	31	92,4253	10
RB957649	0,7391	64	79,3336	47
RB957689	0,9733	38	81,1351	39
RB957695	0,9161	46	83,9999	32
RB957697	0,9565	43	91,9111	12
RB957712	1,3375	5	92,5385	9
RB957743	1,3464	4	92,9669	8
RB957751	1,0047	34	86,8641	28
RB967505	0,7099	66	82,7612	35
RB967510	0,8193	56	73,8738	52
RB967561	1,4861	1	96,9242	3
RB967585	0,7674	61	91,3390	17
RB967589	0,7013	68	72,0968	56
RB967590	1,1611	16	86,9458	26
RB967603	1,2097	13	77,3442	48
RB967623	0,7640	62	80,9463	42
RB967672	0,9293	45	83,7822	33
RB977509	0,9691	39	91,5166	15
SP85-3877	0,9889	36	74,3354	51
SP86-42	0,9908	35	63,9820	64
SP87-365	1,2788	8	83,7513	34

Tabela 43 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966) para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB72454	1,0067	36	96,8894	24
RB835486	0,6849*	72	85,8850	69
RB845210	1,0582	23	97,4467	19
RB855595	1,0292	29	96,6966	26
RB867515	1,1566	13	97,9895	12
RB896391	1,2222	2	96,7061	25
RB896406	1,1664	12	97,5868	17
RB928064	1,1723	10	98,3795	8
RB928168	0,7628	68	88,1985	68
RB937553	0,9720	43	95,6261	40
RB937568	0,9671	45	99,2102	1
RB937570	1,1839	9	97,9604	14
RB937638	1,0022	37	94,8539	49
RB947501	1,1489	16	95,9733	34
RB947506	1,1851	8	98,1077	11
RB947519	0,7368	70	98,4885	6
RB947520	1,1058	19	94,9190	46
RB947532	1,1711	11	94,4912	50
RB947547	0,8418	64	96,6160	28
RB947565	1,0197	32	91,9130	61
RB947568	0,8851	58	96,5041	29
RB947575	1,0675	22	93,2156	59
RB947577	1,1267	17	95,3004	43
RB947583	0,8658	60	95,9653	35
RB947596	0,9738	42	94,2070	53
RB947603	0,9280	51	98,2906	9
RB947609	0,7731	67	96,1004	32
RB947624	1,0340	27	97,9622	13
RB947625	0,7483	69	91,5996	64
RB947639	0,9944	40	90,1100	66
RB947643	1,1887	7	91,5139	65
RB947645	0,9331	50	94,9070	47
RB947648	0,8521	61	97,5841	18
RB947649	1,0195	33	94,8563	48
RB947653	0,6987*	71	85,0094	70
RB947656	0,9025	55	94,0970	54
RB947663	0,8987	56	92,6882	60
RB947677	1,0526	24	98,5669	5
RB947679	1,1526	15	95,8367	37

Continua...

Tablea 43 – Cont.

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB957508	1,0699	21	94,3580	51
RB957509	1,0471	25	97,1956	23
RB957539	0,9107	53	95,9084	36
RB957544	1,1087	18	95,3093	42
RB957546	0,7870	66	83,7921	72
RB957554	0,9986	39	96,1956	31
RB957569	0,9635	46	93,4184	58
RB957575	1,3200*	1	95,7036	39
RB957576	1,0015	38	97,3269	20
RB957610	1,2150	3	97,6586	16
RB957612	1,0272	30	93,9055	55
RB957615	1,1563	14	98,2444	10
RB957638	0,9364	48	97,3215	21
RB957649	0,9174	52	95,5565	41
RB957689	0,8838	59	95,2786	44
RB957695	0,7994	65	95,7990	38
RB957697	1,0205	31	97,2814	22
RB957712	0,9466	47	84,4889	71
RB957743	1,1983	6	98,6224	3
RB957751	0,8969	57	93,8572	56
RB967505	0,9701	44	95,2609	45
RB967510	0,8504	62	91,8986	62
RB967561	1,0963	20	88,7423	67
RB967585	1,0167	34	96,2038	30
RB967589	0,9040	54	96,0889	33
RB967590	1,2103	5	98,4577	7
RB967603	1,0327	28	98,7784	2
RB967623	1,0419	26	96,6954	27
RB967672	0,8435	63	93,5951	57
RB977509	1,0111	35	94,2449	52
SP85-3877	0,9358	49	91,8753	63
SP86-42	0,9797	41	97,9045	15
SP87-365	1,2138	4	98,5711	4

* Significativo a 5% de probabilidade.

Tabela 44 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966) para a característica toneladas de cana por hectare (TCH) e a ordem de classificação de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB72454	1,0495	24	97,4441	24
RB835486	0,7036*	72	87,1444	70
RB845210	1,0284	28	98,0362	15
RB855595	0,9413	52	95,1884	44
RB867515	1,1281	15	97,6051	22
RB896391	1,1775	7	96,4467	29
RB896406	1,1317	14	96,4055	31
RB928064	1,1868	4	98,4405	6
RB928168	0,7438	71	90,4181	67
RB937553	0,9194	56	94,3535	51
RB937568	0,9774	38	99,3609	1
RB937570	1,1145	17	97,7154	20
RB937638	0,9848	36	94,6100	48
RB947501	1,1351	12	95,2655	41
RB947506	1,1570	9	97,5292	23
RB947519	0,8049	68	98,3254	8
RB947520	1,0590	23	95,2183	42
RB947532	1,1317	13	95,7544	39
RB947547	0,9019	60	97,4410	25
RB947565	0,9848	37	91,9647	63
RB947568	0,9210	55	95,6321	40
RB947575	0,9998	34	92,9727	57
RB947577	1,1219	16	94,7203	47
RB947583	1,0445	25	98,0731	14
RB947596	0,9636	44	92,1973	62
RB947603	0,9117	59	98,3054	9
RB947609	0,7919	69	95,9397	35
RB947624	0,9965	35	98,5508	3
RB947625	0,8533	65	92,6774	59
RB947639	1,0408	27	93,1679	55
RB947643	1,1801	6	94,5556	49
RB947645	1,0095	31	97,9016	18
RB947648	0,9369	53	97,1792	26
RB947649	1,0690	21	94,1639	52
RB947653	0,7777	70	86,6133	71
RB947656	0,9130	58	90,9729	64
RB947663	0,8721	63	92,9596	58
RB947677	1,0800	20	98,2034	12
RB947679	1,1714	8	96,2357	32

Continua...

Tabela 44 – Cont.

GENÓTIPOS	\hat{a}_{ii}	cl	R_i^2 (%)	cl
RB957508	1,0261	29	92,3222	61
RB957509	1,0832	19	97,8187	19
RB957539	0,9216	54	97,0475	27
RB957544	1,0615	22	94,3907	50
RB957546	0,8112	67	85,5456	72
RB957554	0,9747	42	95,9163	36
RB957569	0,9729	43	93,6826	54
RB957575	1,2087	2	94,8299	46
RB957576	0,9431	51	96,8345	28
RB957610	1,1460	11	98,3008	10
RB957612	1,0002	33	94,8387	45
RB957615	1,1474	10	98,3940	7
RB957638	0,9563	46	97,6293	21
RB957649	0,9611	45	96,4265	30
RB957689	0,9526	47	92,4393	60
RB957695	0,8556	64	93,0422	56
RB957697	0,9509	48	98,4754	5
RB957712	0,9768	39	87,3699	69
RB957743	1,2158	1	99,1583	2
RB957751	0,8761	62	93,7274	53
RB967505	1,0414	26	96,0773	33
RB967510	0,8445	66	90,8985	65
RB967561	1,0994	18	88,4557	68
RB967585	1,0004	32	95,9121	37
RB967589	0,9482	49	95,9606	34
RB967590	1,1860	5	98,2773	11
RB967603	1,0238	30	98,5443	4
RB967623	0,9751	41	97,9431	17
RB967672	0,9167	57	95,1908	43
RB977509	0,8960	61	95,9084	38
SP85-3877	0,9435	50	90,5426	66
SP86-42	0,9764	40	98,1036	13
SP87-365	1,1914	3	97,9639	16

* Significativo a 5% de probabilidade.

Quanto às testemunhas, verificou-se que RB72454 apresentou adaptabilidade geral para todas as características. Já a RB835486 exibiu adaptabilidade para as características NC, TBH e TCH e adaptabilidade geral apenas para as características Brix e PMC.

A estabilidade ou previsibilidade da adaptabilidade foi alta para a maioria dos clones e testemunhas, mostrando que a regressão linear foi eficiente em explicar a “performance” do genótipo diante das variações ambientais.

Uma vez que a maioria dos clones apresentou adaptabilidade geral pela metodologia de Eberhart e Russell (1966), a recomendação torna-se bastante flexível, permitindo ao melhorista indicar os clones mais produtivos para cada ambiente.

4.3. Correlação entre os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica

Os valores genotípicos ($u+g$) foram significativamente correlacionados com os parâmetros MAEC (Pig , Pif e Pid) estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV. Essas correlações foram elevadas para todas as características avaliadas, apresentando valores que variaram entre $-0,7492$ e $-0,9927$ (Tabelas 45, 46, 47, 48 e 49). Os valores negativos indicam que os genótipos^{1/} com maiores valores genotípicos apresentam menores estimativas do parâmetro Pi . Essa relação é importante, pois permite ao melhorista selecionar clones de alta produtividade e bom desempenho nos ambientes de interesse. Já o parâmetro $\hat{\alpha}_{ii}$, que avalia a adaptabilidade segundo Eberhart e Russell (1966), apresentou correlação significativa com os valores genotípicos apenas para as características TBH e TCH.

Também naquelas tabelas, verificam-se altas correlações entre os parâmetros Pig , Pif e Pid , estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV. Para todas as características avaliadas, essas correlações foram significativas no nível de 1% de probabilidade. Assim, essas duas metodologias se equivalem em avaliar a resposta dos genótipos às variações ambientais, tornando desnecessário utilizá-las conjuntamente nas análises. Os parâmetros Pig , Pif e Pid dentro de uma mesma metodologia também foram altamente correlacionados entre si, indicando que um genótipo que apresenta melhor desempenho quando se considera todos os ambientes também tende a apresentar melhor desempenho quando se particulariza os ambientes.

^{1/} O termo genótipo é utilizado neste contexto para se referir tanto a clones quanto a testemunhas.

Tabela 45 – Estimativas da correlação ordinal de Spearman entre os valores genotípicos (u+g), os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica estimados pelos métodos Wricke (1965), Carneiro (1998) e Eberhart e Russell (1966), obtidos pela análise de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen para a característica Brix médio por parcela (BRIX)

	i (%)	Pig DRRB-CV	Pif DRRB-CV	Pid DRRB-CV	Pig TQ-CV	Pif TQ-CV	Pid TQ-CV	\hat{a}_{1i}	R_i^2 (%)
u+g	-0,1188	-0,9927**	-0,8894**	-0,8575**	-0,9730**	-0,8939**	-0,9009**	0,0178	0,1221
i (%)		0,1444	0,1491	0,0894	0,1021	0,1324	0,0794	-0,1333	-0,8559**
Pig- DRRB-CV			0,8709**	0,8863**	0,9779**	0,877**0	0,9154**	0,0196	-0,1305
Pif- DRRB-CV				0,5797**	0,7869**	0,9765**	0,6389**	-0,4103**	-0,2835*
Pid- DRRB-CV					0,9357**	0,5972**	0,9793**	0,4005**	0,0624
Pig-TQ-CV						0,8057**	0,9689**	0,1610	-0,0332
Pif-TQ-CV							0,6534**	-0,3684**	-0,2519*
Pid-TQ-CV								0,3465**	0,0565
\hat{a}_{1i}									0,4387**

* e ** significativamente diferentes de zero, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

i (%): Parâmetro de estabilidade segundo Wricke (1965).

Pig, Pif e Pid: Parâmetros MAEC considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

\hat{a}_{1i} , R_i^2 (%): Coeficiente de regressão e coeficiente de determinação estimados pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).

Tabela 46 – Estimativas da correlação ordinal de Spearman entre os valores genotípicos (u+g), os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica estimados pelos métodos Wricke (1965), Carneiro (1998) e Eberhart e Russell (1966), obtidos pela análise de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, para a característica número de colmos por parcela (NC)

	i (%)	Pig DRRB-CV	Pif DRRB-CV	Pid DRRB-CV	Pig TQ-CV	Pif TQ-CV	Pid TQ-CV	\hat{a}_{1i}	R_i^2 (%)
u+g	0,0467	-0,9893**	-0,9368**	-0,8883**	-0,9734**	-0,9063**	-0,9081**	0,1617	0,0548
i (%)		-0,0283	0,0433	-0,0583	-0,0192	-0,0714	0,0247	-0,0852	-0,8721**
Pig- DRRB-CV			0,8954**	0,9357**	0,9471**	0,8703**	0,9010**	-0,0740	-0,0421
Pif- DRRB-CV				0,7028**	0,9697**	0,9237**	0,8713**	-0,4011**	-0,2062
Pid- DRRB-CV					0,7970**	0,7087**	0,7970**	0,1957	0,0821
Pig-TQ-CV						0,9555**	0,8878**	-0,3065**	-0,1303
Pif-TQ-CV							0,7260**	-0,4310**	-0,1160
Pid-TQ-CV								-0,0554	-0,0885
\hat{a}_{1i}									0,4225**

* e ** significativamente diferentes de zero, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

i (%): Parâmetro de estabilidade segundo Wricke (1965).

Pig, Pif e Pid: Parâmetros MAEC considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

\hat{a}_{1i} · R_i^2 (%): Coeficiente de regressão e coeficiente de determinação estimados pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).

Tabela 47 – Estimativas da correlação ordinal de Spearman entre os valores genotípicos (u+g), os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica estimados pelos métodos Wricke (1965), Carneiro (1998) e Eberhart e Russell (1966), obtidos pela análise de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, para a característica peso médio do colmo por parcela (PMC)

	i (%)	Pig DRRB-CV	Pif DRRB-CV	Pid DRRB-CV	Pig TQ-CV	Pif TQ-CV	Pid TQ-CV	\hat{a}_{1i}	R_i^2 (%)
u+g	0,1875	-0,9781**	-0,9715**	-0,7832**	-0,9337**	-0,9380**	-0,8067**	0,1974	-0,0780
i (%)		-0,1309	-0,1686	-0,0070	-0,0891	-0,1439	-0,0347	0,2410*	-0,8146**
Pig- DRRB-CV			0,9412**	0,8724**	0,9719**	0,9051**	0,8813**	-0,0617	0,1001
Pif- DRRB-CV				0,6740**	0,8649**	0,9515**	0,6931**	-0,3240**	-0,0142
Pid- DRRB-CV					0,9285**	0,6650**	0,9858**	0,3505**	0,1918
Pig-TQ-CV						0,8668**	0,9404**	0,0232	0,1093
Pif-TQ-CV							0,6751**	-0,3432**	-0,0569
Pid-TQ-CV								0,2872*	0,1832
\hat{a}_{1i}									0,2498*

* e ** significativamente diferentes de zero, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

i (%): Parâmetro de estabilidade segundo Wricke (1965).

Pig, Pif e Pid: Parâmetros MAEC considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

\hat{a}_{1i} · R_i^2 (%): Coeficiente de regressão e coeficiente de determinação estimados pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).

Tabela 48 – Estimativas da correlação ordinal de Spearman entre os valores genotípicos (u+g), os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica estimados pelos métodos Wricke (1965), Carneiro (1998) e Eberhart e Russell (1966), obtidos pela análise de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, para a característica toneladas de Brix por hectare (TBH)

	i (%)	Pig DRRB-CV	Pif DRRB-CV	Pid DRRB-CV	Pig TQ-CV	Pif TQ-CV	Pid TQ-CV	\hat{a}_{1i}	R_i^2 (%)
u+g	-0,1228	-0,9731**	-0,8708**	-0,7875**	-0,9360**	-0,8342**	-0,8626**	0,5247**	0,2627*
i (%)		0,1630	0,0304	0,1746	0,0692	0,0309	0,1749	0,0173	-0,6656**
Pig- DRRB-CV			0,7936**	0,8778**	0,8781**	0,7561**	0,8901**	-0,4003**	-0,2404*
Pif- DRRB-CV				0,4492**	0,9656**	0,9735**	0,6058**	-0,8141**	-0,3767**
Pid- DRRB-CV					0,5846**	0,4111**	0,8728**	0,0038	-0,1168
Pig-TQ-CV						0,9633**	0,7199**	-0,7241**	-0,3400**
Pif-TQ-CV							0,5345**	-0,8380**	-0,3966**
Pid-TQ-CV								-0,1717	-0,1456
\hat{a}_{1i}									0,4035**

* e ** significativamente diferentes de zero, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

i (%): Parâmetro de estabilidade segundo Wricke (1965).

Pig, Pif e Pid: Parâmetros MAEC considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

\hat{a}_{1i} · R_i^2 (%): Coeficiente de regressão e coeficiente de determinação estimados pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).

Tabela 49 – Estimativas da correlação ordinal de Spearman entre os valores genotípicos (u+g), os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genotípica estimados pelos métodos Wricke (1965), Carneiro (1998) e Eberhart e Russell (1966), obtidos pela análise de 72 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em sete ambientes no delineamento em blocos aumentados, repetidos duas vezes em cada ambiente, cujos valores genotípicos foram preditos através da metodologia de modelos mistos, utilizando-se o procedimento REML/BLUP do “software” Selegen, para a característica toneladas de cana por hectare (TCH)

	i (%)	Pig DRRB-CV	Pif DRRB-CV	Pid DRRB-CV	Pig TQ-CV	Pif TQ-CV	Pid TQ-CV	\hat{a}_{1i}	R_i^2 (%)
u+g	-0.1834	-0.9550**	-0.8974**	-0.7492**	-0.9578**	-0.8585**	-0.7963**	0.4487**	0.3279**
i (%)		0.2316	0.1626	0.1899	0.1856	0.1245	0.2601*	-0.0232	-0.8136**
Pig- DRRB-CV			0.8049**	0.8733**	0.9147**	0.7646**	0.8590**	-0.2708*	-0.3001*
Pif- DRRB-CV				0.4739**	0.9151**	0.9208**	0.6243**	-0.6933**	-0.4028**
Pid- DRRB-CV					0.6881**	0.4814**	0.8393**	0.1132	-0.1207
Pig-TQ-CV						0.9067**	0.7882**	-0.4459**	-0.3251**
Pif-TQ-CV							0.5077**	-0.6761**	-0.3851**
Pid-TQ-CV								0.0080	-0.2181
\hat{a}_{1i}									0.3972**

* e ** significativamente diferentes de zero, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

i (%): Parâmetro de estabilidade segundo Wricke (1965).

Pig, Pif e Pid: Parâmetros MAEC considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente, segundo as metodologias diferenças em relação à reta bissegmentada ponderadas pelo coeficiente de variação residual (DRRB-CV) e trapézio quadrático ponderado pelo coeficiente de variação residual (TQ-CV), ambas adaptadas por Carneiro (1998).

\hat{a}_{1i} , R_i^2 (%): Coeficiente de regressão e coeficiente de determinação estimados pela metodologia de Eberhart e Russell (1966).

O parâmetro $\hat{\sigma}_i$ (%) se mostrou consistentemente relacionado com o coeficiente de determinação (R_i^2 (%)) para todas as características avaliadas (Tabelas 45, 46, 47, 48 e 49), indicando que ambos se equivalem em avaliar a estabilidade dos genótipos nos diferentes ambientes. Essas correlações foram negativas, indicando que os genótipos considerados estáveis pela metodologia de Wricke (1965) (menor estimativa de $\hat{\sigma}_i$ (%)) apresentam elevada estimativa do coeficiente de determinação, calculado pela metodologia de Eberhart e Russell (1966). Com exceção do parâmetro P_{id} , estimado pela metodologia TQ-CV, todos os demais parâmetros apresentaram correlações não significativas com $\hat{\sigma}_i$ (%).

O parâmetro $\hat{\sigma}_{li}$, que avalia a adaptabilidade dos genótipos segundo a metodologia de Eberhart e Russell (1966), apresentou correlações significativas com a maioria dos parâmetros adaptados por Carneiro (1998). Essas correlações, na maioria das vezes, foram bem mais baixas que as demais correlações significativas presentes nas Tabelas 45, 46, 47, 48 e 49, ficando, geralmente, em torno de 30 e 40%. Ao contrário dos resultados apresentados por Farias et al. (1997), em que se verificou alta correlação entre o parâmetro P_i , estimado segundo a metodologia de Lin Binns (1988), e o coeficiente de regressão de Eberhart e Russell (1966).

As metodologias baseadas em análise de regressão, principalmente a de Eberhart e Russell (1966), têm sido utilizadas rotineiramente para avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de diferentes culturas. Muitos estudos foram feitos visando verificar o grau de associação entre essas metodologias e aquelas menos comuns, como as não-paramétricas e as multivariadas.

Farias et al. (1997), utilizando a correlação classificatória de Spearman, estimaram correlações da ordem de $-0,55$ e $-0,96$ entre o parâmetro P_i de Lins e Binns (1988) e o coeficiente de regressão de Eberhart e Russell (1966). Como ambas as metodologias tenderam a fornecer o mesmo resultado, os autores recomendaram a utilização do P_i , já que o mesmo não apresenta o inconveniente da análise de regressão, que é a dependência entre as variáveis e também indica materiais com desempenhos próximos do valor máximo nos diferentes ambientes.

Di Mauro et al. (2000) avaliaram a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja (*Glycine max* L.) segundo a metodologia clássica de Eberhart e Russell (1966) e a metodologia não-paramétrica de Huenh (1990). Esses autores verificaram correlação significativa dos postos dos genótipos, entre o desvio da regressão e as duas medidas

não-paramétricas de estabilidade (S_{1i} e S_{2i}), porém o mesmo não foi observado entre o coeficiente de regressão e as medidas não-paramétricas. As medidas S_{1i} e S_{2i} mostraram-se quase que perfeitamente correlacionadas.

Arias (1996) estimou os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade para a produção de grãos em milho utilizando as metodologias propostas por Cruz et al. (1989), Lin e Binns (1988) e Mandel (1971). Dessas três metodologias, verificou-se que a de Lin e Binns (1988) forneceu informações semelhantes à de Cruz et al. (1989). Já a interpretação dos resultados pelo modelo de efeitos aditivos e interação multiplicativa (AMMI) foi prejudicada, pois foi necessário mais de um componente principal para explicar a variação devida ao efeito da interação genótipos x ambientes.

O modelo dos efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) (MANDEL, 1971; ZOBEL et al., 1988; VAN EEUWIJK, 1995) também foi comparado com o modelo de regressão linear (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHAT; RUSSEL, 1966), através dos estudos de Pereira e Costa (1997). Esses autores concluíram que a soma dos quadrados das regressões conjunta, genotípica e ambiental explicou somente 19,5% da soma de quadrados da interação GA, ao passo que o primeiro componente principal do modelo AMMI (CP1) explicou 44,6% da interação. A soma de quadrados do CP1 foi maior que o dobro das somas de quadrados de todas as três regressões combinadas. Portanto, a análise AMMI foi mais eficiente em descrever a interação GA, possibilitando uma avaliação mais precisa da estabilidade dos genótipos.

Visando comparar as metodologias de Yates e Cochran (1938), Plaisted e Peterson (1959), Wricke (1965), Finlay e Wilkinson (1963), Eberhart e Russell (1966), Tai (1971), Verma et al. (1978), Cruz et al. (1989) e Huenh (1990), Veronesi (1993) avaliou a adaptabilidade e estabilidade de 20 híbridos de milho, em 10 ensaios, conduzidos nos anos agrícolas de 1989/90 e 1990/91. O referido autor concluiu que os métodos de Plaisted e Peterson (1959) e Wricke (1965) proporcionaram resultados idênticos quanto à classificação dos genótipos. O método tradicional identificou os genótipos pouco produtivos como estáveis. Os métodos que se baseiam em análise de regressão linear apresentaram resultados semelhantes, sendo o método de Eberhart e Russell (1966) o mais recomendável. Os métodos de análise de regressão bissegmentada foram igualmente eficientes em selecionar genótipos para a recomendação em ambientes favoráveis, não havendo concordância com relação aos ambientes desfavoráveis. O de Cruz et al. (1989) mostrou-se mais adequado que o de Verma et al.

(1978). O método não-paramétrico de Huenh (1990) não acrescentou maiores informações às obtidas pelos métodos paramétricos.

Esses mesmos métodos estudados por Veronesi (1995) haviam sido comparados por Miranda (1993), que avaliou o comportamento de 12 cultivares de feijão em 20 ensaios, conduzidos em quatro locais, nas épocas das águas, das secas e do inverno. Os resultados foram coincidentes com os de Veronesi (1995).

Esses estudos revelaram que muitos dos métodos utilizados na análise da estabilidade e adaptabilidade dos genótipos se assemelham quanto à classificação dos genótipos, mesmo quando são empregados diferentes princípios, como somas de quadrados, regressão linear simples, regressão linear bissegmentada, regressão não-linear, componentes principais e métodos não-paramétricos. Assim, a escolha entre um e outro dependerá da praticidade da análise e da facilidade de interpretação dos dados.

5. CONCLUSÃO

A teoria de modelos mistos aplicada ao delineamento em blocos aumentados permitiu selecionar, para todas as características avaliadas, clones com valores genotípicos preditos superiores aos apresentados pelas testemunhas RB72454 e RB835486. Essa afirmativa é válida tanto para as análises individuais quanto para as análises conjuntas.

Os maiores ganhos foram estimados através da seleção direta e indireta quando esta foi baseada na análise conjunta ou nos valores de P_i obtidos pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV. No entanto, os ganhos estimados com a seleção direta foram sempre superiores aos indiretos, mostrando a grande vantagem de se fazer o melhoramento direcionado para cada ambiente ou empresa.

Os ganhos indiretos baseados na análise conjunta ou nos valores de P_i , obtidos pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV, foram muito próximos para todas as características avaliadas e em todos os ambientes. Já os ganhos indiretos, obtidos com a seleção no ambiente j' e ganho no ambiente j , mostrou-se bastante inferior aos demais, não sendo recomendada a sua utilização.

A análise da estabilidade genotípica, utilizando o método de Wricke (1956), classificou os genótipos menos produtivos como sendo os mais estáveis. Logo, recomenda-se usá-lo na fase experimental do melhoramento da cana-de-açúcar quando os clones já passaram por várias etapas de seleção, restando apenas aqueles que realmente se destacaram pela alta produtividade.

A metodologia de Eberhart e Russell (1966) classificou todos os clones (não inclui as testemunhas) como sendo de adaptabilidade geral para as características PMC e TCH. Para as demais características (Brix, NC e TBH), alguns clones foram classificados como sendo de adaptabilidade específica, mas a maioria também apresentou adaptabilidade geral. Tal fato permite que a recomendação dos clones, feita por essa metodologia, seja bastante flexível, uma vez que os clones mais produtivos podem ser recomendados para qualquer ambiente.

As metodologias DRRB-CV e TQ-CV tenderam a classificar os clones de maior valor genotípico como sendo os de melhor desempenho nas diferentes classes de ambientes. Assim, recomenda-se utilizar essas metodologias nas etapas iniciais de seleção do melhoramento da cana-de-açúcar, quando os clones são bastante discrepantes quanto ao caráter produtividade de cana e açúcar.

Para todas as características avaliadas, os valores genotípicos mostraram-se fortemente correlacionados com os parâmetros P_{ig} , P_{if} e P_{id} (Parâmetros MAEC considerando todos os ambientes, apenas os ambientes favoráveis e apenas os ambientes desfavoráveis, respectivamente), estimados pelas metodologias DRRB-CV e TQ-CV, e fracamente correlacionados com o parâmetro $\hat{\alpha}_{ii}$ (%). Comprovando os resultados apresentados pelas análises de adaptabilidade e estabilidade genotípica utilizando essas metodologias. Já o parâmetro $\hat{\alpha}_{ii}$, que avalia a adaptabilidade segundo Eberhart e Russell (1966), apresentou correlação significativa com os valores genotípicos apenas para as características TBH e TCH.

Verificou-se que as metodologias DRRB-CV e TQ-CV foram equivalentes em avaliar o comportamento dos genótipos diante das variações ambientais. As correlações entre seus parâmetros foram altas e significativas, não justificando utilizá-las conjuntamente nas análises.

O parâmetro $\hat{\alpha}_{ii}$ (%) se mostrou consistentemente relacionado com o coeficiente de determinação (R_i^2 (%)) para todas as características avaliadas. Portanto, avalia da mesma forma a estabilidade dos genótipos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A.M.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, E.A. de. Comparação entre látice e blocos aumentados na avaliação de famílias segregantes em um programa de melhoramento do feijoeiro. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.24, n.4, p. 857-860, 2000.

ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v.4, p.503-508, 1964.

ANDRÊ, C.M.G. **Avaliação da melhor predição linear não tendenciosa (BLUP) associada ao uso de marcadores moleculares na análise dialélica**. Lavras, MG: UFLA, 1999. 101 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.

ARIAS, E.R.A. **Adaptabilidade e estabilidade dos cultivares de milho avaliadas no Estado de Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 a 1993/94**. Lavras, MG: UFLA, 1996. 118 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

AZAVEDO JÚNIOR, P.C. de. **Avaliação da metodologia de modelos mistos na estimação de componentes de variância e processos de seleção em população de aves**. Viçosa, MG: UFV/DFT, 1998. 120 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BARBOSA, G.V.S. A interação genótipos x ambiente. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA AGROINDÚSTRIA DA CANA-DE-AÇÚCAR. **Resumos...** Belo Horizonte, UFMG, 1992.

BARBOSA, G.V.S. Análise da interação de novas variedades RB de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) com ambientes de cultivo em Alagoas. In: CONGRESSO NACIONAL DA SOCIEDADE DOS TÉCNICOS AÇUCAREIROS E ALCOOLEIROS DO BRASIL (STAB), 5., 1993, Águas de São Pedro. **Anais...** Águas de São Pedro, SP: 1993. p.115-120.

BARBOSA, M.H.P. Perspectivas para o melhoramento da cana-de-açúcar. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS: GENÉTICA E MELHORAMENTO DE ESPÉCIES DE PROPAGAÇÃO VEGETATIVA, 4., 2000, Lavras. Lavras, MG: UFLA, 2000. p 1-17.

BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **STAB, Açúcar, Alcool e Subprodutos**, v. 18, n. 3, p. 30-32, 2000.

BASSINELLO, A.I. **Interação genótipos x ambientes em cana-de-açúcar**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1984. 110 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

BONATO, E.R. **Estabilidade fenotípica da produção de grãos de dez cultivares de soja (*Glycine max* (L) Merrill) nas condições do Rio Grande do Sul**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1978. 75 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

BORSOI FILHO, J.L. **Capacidade combinatória de linhagens e herança da adaptabilidade e estabilidade avaliada em híbridos de milho (*Zea mays* L.)**. Viçosa, MG: UFV/DFT, 2000. 185 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BRAGA JÚNIOR, R.L.C. Interação genótipo x ambiente em novos clones de cana-de-açúcar. In: SEMINÁRIO DE TECNOLOGIA AGRONÔMICA, 6., 1994, Piracicaba, SP. **Anais...** Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1994. p. 119-129.

BRASIL, E.M. **Comparação de métodos no estudo da interação de genótipos com ambiente em milho (*Zea mays* L.)**. Goiânia: UFG, 1990. 181 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. Piracicaba, SP: ESALQ/USP, 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

BRESSIANI, J.A.; VENCOVSKY, R.; BURNQUIST, W.L. Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. **Bragantia**, v.61, n.1, Campinas, 2002.

BUENO FILHO, J.S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

BULL, J.K.; HOGARTH, D.M.; BASFORD, K.E. Impact of genotype x environment interaction on response to selection sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 32, p. 731-737, 1992.

CALHEIROS, G.G.; BARBOSA, G.V.S. Análise da interação genótipos RB de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) com ambientes de cultivo em Alagoas. In: CONGRESSO NACIONAL DE SOCIEDADE DOS TÉCNICOS AÇUCAREIROS E ALCOOLEIROS DO BRASIL (STAB, 6., 1996, Maceió. **Anais....** Maceió. 1996. p.253-262.

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

CARNEIRO JÚNIOR, J.M. **Avaliação de método de estimação de componentes de variância utilizando dados simulados**. Viçosa, MG: DPT/UFV, 2001. 54 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CASTOLDI, F.L. **Comparação de métodos multivariados aplicados na seleção em milho**. Viçosa, MG: DPT/UFV, 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potencial of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and applied genetics**, Berlin,v.84, p. 662-671, 1992.

COPERSUCAR. **Censo varietal copersucar 2002**. Piracicaba, SP: CTC, 2003. 16 p.

COX, M.C.; HOGARTH, D.M. Progress and changes in the South Queensland variety selection program. In: **Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists**. [S.l.: s.n.], 1993. p. 251-255.

COX, M.C.; McRAE, T.A.; BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program sugarcane: research towards efficient and sustainable production. In: WILSON, J.R.; HOGARTH, D.M.; CAMPBELL, J.A.; GARSIDE, A.L. (Eds.). **CSIRO division of tropical crops and pastures**. Brisbane: CSIRO, 1996. p. 42-43.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 585 p.

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

CRUZ, C.D. **Programa GENES** – Versão Windows – Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, MG: UFV, 2001. 648 p.

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.; VENCOSKY, R. Na alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.567-580, 1989.

DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 7-84.

DI MAURO, A.O.; CURCIOLI, V.B.; NÓBREGA, C.M. de; BANZATO, D.A.; SEDIYAMA, T. Correlação entre medidas paramétricas e não-paramétricas de estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.4, p.1823-1830, 2000.

DUARTE, J.B. **Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal**. Piracicaba, SP: ESALQ, 2000. 293 f. Tese (Doutorado em ...) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

EBERHART, S.A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v.6, jan.-febr. 1966.

ERAZZÚ, L. E.; CHAVANNE, E. R.; MARIOTTI, J.A. Aplicacion de dos metodos para estimar la estabilidad del comportamiento productivo de genotipos de caña azucar (*Saccharum* spp.) en Tucumán, Argentina. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v.73, n.1-2, p.37-43, 1996.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279 p.

FARIAS, F.J.C.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, L.P. DE; MOREIRA, J.DE A.N.; COSTA, J.N. da. Parâmetros de estabilidade propostos por LIN e BINNS (1988) comparados com o método da regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.4, 1997.

FEDERER, W.T. **Experimental design** – Theory and application. New York: [s.n.], 1955. 544 p.

FERREIRA, D.F.; RAMALHO, M.A.; ABREU, A.DE F.B. Utilização da testemunha na avaliação da estabilidade em ensaios de competição de cultivares. **Ciência e Prática**, Lavras, v.16, n.3, p.394-399, 1992.

FINLAY, K.W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian journal of agricultural Research**, Collingwood, v.14, p.742-754, 1963.

FOX, P.N.; SKOUMAND, B.; THOMPSON, G.K.; BRAUN, H.J.; CORMIER, R. Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. **Euphytica**, Wageningen, v.47, p.57-64, 1990.

GRAVOIS, K.A.; MILLIGAN, S.B. Genetic relationships between fiber and sugarcane yield components. **Crop science**, Madison, v.32, jan.-febr, 1992.

HEINZ, D.J.; TEW, T.L. Hybridization procedures. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 313-342.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animals breeding**. Guelph: University of Guelph, 1984. 462 p.

HENDERSON, C.R. Estimation of changes in herds environment. **Journal of Dairy Science**, Champaign, (Abstr.), v. 32, p. 706, 1949.

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S.R.; VON KROSIGK, C.M. Estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Washington, v.15, n.2, p.192-218, 1959.

HERNANDES, C.M.; CROSSA, J.; CASTILLO, A. The area under the function: an index for selecting desirable genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.87, n.4, p.409-415, 1993.

HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 28, p. 257-268, 1977.

HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlations and predicted responses to selection. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 22, p. 103-109, 1971.

HOGARTH, D.M.; COX, M.C.; BULL, J.K. Sugarcane improvement: past achievements and future prospects. **Crop Improvement for the 21st Century**, p. 29-55, 1997.

HUEHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. **Euphytica**, Wageningen, v.47, n.3, p.189-194, 1990.

JACKSON, P.; BULL, J.K.; McRAE, T.A. The role of family selection in sugarcane breeding programs and the effect of genotype x environment interactions. **Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists**, v. 22, n. 2, p. 261-270, 1995b.

JACKSON, P.; McRAE, T.A.; HOGARTH, M. Selection of sugarcane families across variable environmental. II - Patterns of response and association with environmental factors. **Field Crops Research**, v. 43, p. 119-130, 1995a.

JACKSON, P.A. Genotype x environment interactions in sugarcane. II use of performance in plant cane as an indirect selection criterion for performance in ratoon crops. **Australian Journal Agricultural Research**, v.43, p.1461-1470, 1992.

JAMES, N.I. Sugarcane. In: FEHR, W.R.; HADLEY, H.H. (Eds.). **Hybridization of crop plants**. Madison, Wisconsin: American Society of Agronomy and Crop Science, 1980. 765 p.

LAVORENTI, N.A.; MATSUOKA, S. Combinação de métodos paramétricos e não paramétricos na análise de estabilidade de cultivares de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.4, p.653-658, 2001.

LEVI, C.A. Floración de caña de azúcar. Determinación de requerimientos inductivos. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v. 60, n. 1, p. 1-15, 1983.

LEVI, C.A. La floración de la caña de azúcar en Tucumán. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v. 69, n. 1-2, p. 175-178, 1992.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.76, n.3, p.425-430, 1988.

LIN, C.S.; BINNS, M.R.; LEFKOVITCH, L.P. Stability analysis: where do we stand? **Crop Science**, Madison, v.26, p.894-900, sept.-octob. 1986.

MACHADO JR., G.R.; WALKER, D.I.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, J.A.G. Utilização de água quente para emasculação de flechas de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). **STAB**, v. 13, n. 6, 1995.

MANDEL, J.A. new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, Washington, v.13, n.1, p.1-18, 1971.

MARIOTTI, J.A. Experiencias de selección clonal en caña de azúcar en la provincia de Jujuy. II-Repetibilidad y heredabilidad de caracteres de interese agronómico. **Ver. Agro. N.O. Argentina**, v.10, n.1-2, p.61-73, 1973.

MARIOTTI, J.A.; CUENYA, M.I. Efectos familiares y su implicancia en la eficiencia de la selección en caña de azúcar. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v. 69, n. 1-2, p. 35-51, 1992.

MARIOTTI, J.A.; SCANDALIARIS, J.; AHMED, M.A.; CUENYA, M.I. Análisis del comportamiento familiar en progenies híbridas de caña de azúcar. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, v. 58, n. 2, p. 1-14, 1981.

MARTINS, E.N. **Desenvolvimento de uma estratégia computacional para seleção de coelhos, usando o Melhor Preditor Linear não-viciado**. Viçosa, MG: DBA/UFV, 1995. 117 p.

MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; SILVA, M.de A. e. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Viçosa, MG: DBA/UFV, 1997. 121 p.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, 1999. p. 203-251.

MATSUOKA, S. **Relatório anual: 1997. Programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de São Carlos**. Araras, SP: Centro de Ciências Agrárias, abr. 1998. 43 p.

McRAE, T.A.; HOGARTH, D.M.; FOREMAN, J.W.; BRAIHWAITE, M.J. Selection of sugarcane seedling families in the Burdekin district. In: IMRE, B.C.; HACKER, J.B. (Eds.). **Focused plant improvement: towards responsible and sustainable agriculture. Proceeding tenth australian plant breeding conference**. Gold Coast, Australia, 1993. v.1.

MIRANDA, G.V. **Comparação de métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade de comportamento de cultivares: Exemplo com a cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Viçosa, MG: DFT/UFV, 1993. 120 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

MURAKAMI, D.M. **Novas Metodologias de análise de interação genótipos x ambientes: Análise Combinada de Estratificação, Adaptabilidade e Estabilidade e Análise de Representatividade Ambiental**. Viçosa, MG: DFT/UFV, 2001. 142 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PEIXOTO, T.C.; SILVA, J.G.C.; BARRETO, M.N. Técnicas de análises interação genótipo x ambiente e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. In: SEMINÁRIO DE TECNOLOGIA AGRONÔMICA, 3., 1996. Piracicaba, SP. **Anais...** Piracicaba, SP: COPERSUCAR, 1986. p. 11–21.

PEREIRA, A.da S; COSTA, D.M. da. Análise de estabilidade de produção de genótipos de batata no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.4, 1998.

PIRES, C.E.L.S. **Diversidade genética de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum ssp*) cultivadas no Brasil**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1993. 120 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

PIRES, C.E.L.S. **Estabilidade fenotípica de variedades de cana-de-açúcar (*Sccharum spp.*) nos Estados de Pernambuco e Rio Grande do Norte**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1981. 72 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations and seasons. **American Potato Journal**, Washington, v.36, n.11, p.381-385, 1959.

PLAISTED, R.L.; A shorter method for evaluating the ability of selection to yield consistently over locations. **American Potato Journal**, Washington, v.37, p.166-172, 1960.

RAIZER, A.J.; VENCOVSK, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.12, p.2241-2246, 1999.

RAIZER, A.J. **Interação genótipos x ambientes e estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar no estado de São Paulo**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1998. 103 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

RAMALHO, M.A.P.; PEREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.O. **A experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras, MG: UFLA, 2000. 326 p.

RESENDE, M.D.V. de **Genética biométrica e estatística no melhoramento de Plantas Perenes**. Brasília: Embrapa, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. de; PRATES, D.F.; JESUS, A. de; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de Pinus. **Bol. Pesq. Fl.**, Colombo, n.32/33, p.3-22, 1996.

RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, E.B. de; MELINSKI, L.C.; GOULART, F.S.; OAIDA, G.R. **Selegen – Seleção genética computadorizada**: Manual do usuário. Colombo, PR: EMBRAPA, CNPF, 1994. 31 p.

RESENDE, M.D.V. de; OLIVEIRA, E.B. de. Sistema Selegen- Seleção genética computadorizada para o melhoramento de espécies perenes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.9, p.931-939, 1997.

ROSSE, L.N.; VENCOSKY, R.; FERREIRA, D.F. Comparação de métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.1, p.25-32, 2002.

SANTANA, J.C.F. de; CAVALCANTI, F.B.; SANTOS, E.O. de. Parâmetros de estabilidade na comparação de cultivares de algodoeiro herbáceo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.18, n.3, p.261-267, 1983.

SANTOS, A.H. **Teoria de modelos mistos aplicada ao delineamento em blocos aumentados**. Lavras, MG: UFLA, 2000. 138 f. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

SCHMILDT, E.R. **Correção de rendimento de parcelas, estratificação ambiental e adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho**. Viçosa, MG: DFT/UFV, 2000. 109f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos de interação genótipo x ambiente. In: **SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA**. Piracicaba, SP: Fundação Cargill, 1985. p. 49-50.

SIMMONDS, N.W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, v. 90, p. 201-208, 1996.

SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria, and indices. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 409-453.

SOARES, L.; BARBOSA, G.V.S.; FERREIRA, P.V.; MADALENA, J.A.; SANTOS, M.S.M.; SILVA, G.E.G. Estimação do coeficiente de repetibilidade de características agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar em Alagoas. In: **CONGRESSO NACIONAL DA STAB, MELHORAMENTO GENÉTICO**, 8., 2002, Pernambuco. **Anais...** Recife, 2002. p.377-381.

SOUZA, E.A. **Alternativas experimentais na avaliação de progênies em programas de melhoramento genético vegetal**. Piracicaba, SP: ESALQ, 1997, 122 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw Hill Book Company, 1980. 633 p.

STRINGER, J.K. Best linear unbiased prediction (BLUP) is a faster and more cost effective method of estimating breeding value in sugarcane. “Hybrid breeding and genetics of forest trees.” **Proceedings of QFRI/CRC-SPF Symposium**, 9-14 april 2000. (Department of Primary Industries, Brisbane).

STRINGER, J.K.; MCRAE, T.A.; COX, M.C. Best linear unbiased prediction as a method of estimating breeding value in sugarcane. In: WILSON, J.R.; HOGARTH, D.M.; CAMPBELL, J.A.; GARSIDE, A.L. (Eds.). **Sugarcane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane: CSIRO Divison of Tropical Crops and Pasture, 1996. p. 39-41.

STORCK, L.; VENCOVSK, R. Novo modelo para avaliação da estabilidade de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, n.8, p.1201-1211, 1992.

TAI, G.C.C. Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, Madison, v.11, n.2, mar.-apr. 1971.

TOLER, J.E.; BURROW, S.P.M. Genotypic performance over environmental arrays: a non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, Abingdo, v.25, n.1, p.131-143, 1998.

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

VENDRUSCULO, E.C.G.; SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; OLIVEIRA, V.R. de; BRACCINI, A. de L. e; VIDIGAL, M.C.G. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho-pipoca na região centro-sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.1, p.123-130, 2001.

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitations of conventional regression analysis a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.53, p.89-91, 1978.

VERONESI, J.A. **Comparação de métodos e avaliação de adaptabilidade e estabilidade de comportamento de vinte genótipos de milho (*Zea mays* L.) em dez ambientes do estado de Minas Gerais**. Viçosa, MG: DFT/UFV, 1995. 90 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

VIANA, J.M.S. **Divergência genética, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.)**. Viçosa, MG: DFT/UFV, 1990. 108 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

WALKER, D.I.T. Trends in sugarcane breeding. In: ABBOTT, A.J.; ATKIN, R.K. (Ed.). **Improving vegetative propagated crops**. Bristol: Academic Press, 1987. p.3-26.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hafer. **Pflanzenzuchtung**, Berlin, v.52, p.127-138, 1965.

YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of group of experiments. **Journal of Agricultural Science**, London, v.28, n.3, p.556-580, 1938.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH JR., H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Nadison, v.80, n.3, p. 388-393, 1988.