



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR**  
**NO ESTADO DE MINAS GERAIS**

**CURITIBA**

**2011**

**LUÍS CLÁUDIO INÁCIO DA SILVEIRA**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO  
ESTADO DE MINAS GERAIS**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Edelclaiton Daros

Co-orientador: Prof. Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa

**CURITIBA**

**2011**




UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ  
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA E FITOSSANITARISMO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA  
PRODUÇÃO VEGETAL


## PARECER

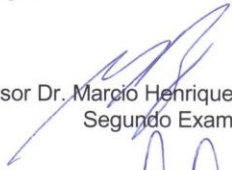
Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Dissertação de MESTRADO, apresentada pelo candidato **LUÍS CLÁUDIO INÁCIO DA SILVEIRA**, sob o título "**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DE MINAS GERAIS**", para obtenção do grau de Mestre em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.


Após haver analisado o referido trabalho e argüido o candidato são de parecer pela "**APROVAÇÃO**" da Dissertação.

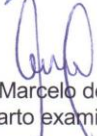
Curitiba, 28 de Julho de 2011.

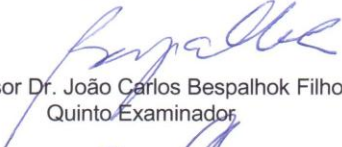
  
Professora Dra. Louise Larissa May De Mio  
Coordenadora do Programa


  
Professor Dr. Djalma Euzébio Simões Neto  
Primeiro Examinador


  
Professor Dr. Marcio Henrique Pereira Barbosa  
Segundo Examinador


  
Professor Dr. Hermann Paulo Hoffmann  
Terceiro Examinador

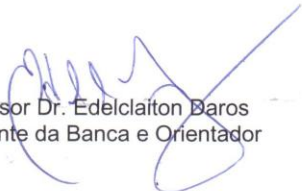
  
Professor Dr. Marcelo de Menezes Cruz  
Quarto Examinador

  
Professor Dr. João Carlos Bessalho Filho  
Quinto Examinador

  
Professor Dr. José Luis Camargo Zambon  
Sexto Examinador

  
Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira  
Sétimo Examinador

  
Dr. Heroldo Weber  
Oitavo Examinador

  
Professor Dr. Edelclaiton Baros  
Presidente da Banca e Orientador

S587 Silveira, Luís Cláudio Inácio da  
Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar  
no estado de Minas Gerais / Luís Cláudio Inácio da Silveira. –  
Curitiba, 2011  
60f.

Orientador: Edelclaiton Daros  
Co-orientador: Marcio Henrique Pereira Barbosa  
Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Fede-  
ral do Paraná. Setor de Ciências Agrárias. Programa de Pós-  
Graduação em Agronomia – Produção Vegetal

1.Cana-de-açúcar – Minas Gerais. 2. Cana-de-açúcar –  
Melhoramento genético. I. Daros, Edelclaiton. II. Barbosa,  
Marcio Henrique III. Universidade Federal do Paraná.  
Setor de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em  
Agronomia – Produção Vegetal. IV. Título

CDU 633.61(815.1)

*A DEUS,*

*O Grande Arquiteto do Universo, fonte de Luz e Paz.*

*Á minha amada esposa Ângela, companheira, amiga de todos os momentos,*

*Aos meus filhos Diego e Marcelo, pela amizade, carinho e apoio.*

*Dedico*

*Aos meus pais Luiz e Araci por iniciar esta trajetória.*

*Aos meus irmãos, Rita, Samira e Gláucio.*

*Ofereço*

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, pela disposição, esperança e pela vida.

Ao Prof. Dr. Edelclaiton Daros pela orientação profissional e acima de tudo, pela amizade sincera, paciência e alegria de viver e fazer o bem.

Ao Prof. Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa pela Co-orientação neste trabalho, amizade e ajuda em todos os momentos.

Ao Programa de Pós-graduação em Agronomia em Produção Vegetal da Universidade Federal do Paraná, pela oportunidade de realizar este estudo.

Aos Professores Dr. João Carlos Bessalho Filho, Dr. Ricardo Augusto de Oliveira, Dr. José Luis Camargo Zambom e Edson Perez Guerra pelas contribuições dadas ao longo do curso para o desenvolvimento deste trabalho.

Aos estudantes e amigos Thiago Otávio e Volmir Kist da Universidade Federal de Viçosa, pela ajuda na elaboração deste trabalho.

Aos técnicos e auxiliares do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa (PMGCA/UFV/RIDESA), na pessoa do Prof. Dr. Márcio Henrique Pereira Barbosa pela concessão dos dados utilizados neste estudo, com apoio das Usinas e Destilarias do Estado de Minas Gerais.

Ao companheiro e amigo Geraldo Viçoso Filho, pela paciência nas idas e vindas, desde os tempos da graduação.

Aos técnicos do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR/RIDESA), na pessoa do amigo de longos anos, Dr. Heroldo Weber, pela acolhida e amizade.

A todos os professores da Pós-Graduação que contribuíram com a minha qualificação profissional, aos amigos do curso pelo companheirismo durante as atividades acadêmicas que muito valorizaram o aprendizado.

A secretária Sra. Lucimara Antunes pela atenção dispensada.

Aos amigos Geraldo Veríssimo Barbosa, Antônio Carlos Iaia e Luiz José Tavares de Melo, que foram parceiros em todos os momentos alegres e tristes deste caminhar.

## **BIOGRAFIA DO AUTOR**

Luís Cláudio Inácio da Silveira é filho de Araci Texeira da Silveira e Luiz Inácio da Silveira, nasceu em Rio Pomba, estado de Minas Gerais, em 29 de dezembro de 1962. É casado com Ângela Maria Coutinho da Silveira desde 14 de abril de 1984. Dessa união, nasceram Diego e Marcelo.

Cursou o primário na Escola Estadual Senador Antônio Martins entre 1970 a 1973, o ginásio, na Escola Professor Raimundo Martiniano Ferreira (Polivalente) entre 1974 a 1977.

Em 1978, ingressou no Curso de Técnico em Agropecuária na Escola Agrotécnica Federal de Rio Pomba, o qual concluiu em 1980. Neste período, deu início a um estágio supervisionado no IAA PLANALSUCAR (Programa Nacional de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar), sendo mais tarde (1 de julho de 1981) contratado para trabalhar no Programa. Com a extinção do IAA em dezembro de 1990, foi incorporado ao quadro funcional da Universidade Federal de Viçosa, lotado no Departamento de Fitotecnia, continuando os trabalhos com a cultura da cana-de-açúcar, pelo PMGCA-UFV- RIDESA.

Cursou Ciências Contábeis entre 1986 a 1989 pela FACCO (Faculdade de Ciências Contábeis de Ponte Nova – MG), obtendo o título de Bacharel em Ciências Contábeis.

Possui Especialização em Administração Rural pela Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Economia Rural, Lato Sensus (1991).

Em março de 1996, iniciou o curso de Agrônomo na Universidade Federal de Viçosa, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em maio de 2002.

Em julho de 2010, iniciou a Pós-graduação na Universidade Federal do Paraná, no curso de Produção Vegetal, formando-se em 28 de julho de 2011.

## RESUMO

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) e vem expandindo consideravelmente o seu cultivo. A renovação dos canaviais e a expansão da cultura geram grande demanda por cultivares cada vez mais produtivas, resistentes a pragas e doenças e adaptadas as novas tecnologias de cultivo, tal como o plantio e a colheita mecanizada, e às particulares condições edafoclimáticas encontradas nos distintos ambientes de cultivo. Entretanto, cabe aos pesquisadores por meios de seus programas de melhoramento genético desenvolver novas cultivares que atendam essas exigências. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar na fase final da experimentação, em diferentes ambientes, no Estado de Minas Gerais, pelas metodologias propostas por Eberhart e Russell (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) (Zobel et al., 1988). Foram avaliados 15 genótipos de cana-de-açúcar, sendo duas testemunhas (RB867515 e RB72454) e 13 clones, em nove unidades produtoras. Os experimentos foram conduzidos de acordo com o modelo de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por 4 linhas de 10 m, com espaçamento de 1,4 m entre linhas. A implantação dos experimentos foi realizada entre fevereiro e março de 2004, com a distribuição de 18 gemas por metro linear. Os experimentos foram colhidos pela primeira vez 18 meses após a implantação e, pela segunda vez, 12 meses após o primeiro corte. Em cada corte foram mensuradas as variáveis TPH (toneladas de POL/ha) e TCH (toneladas de cana/ha). Foram submetidos às análises os valores médios obtidos a partir desses dois cortes. As análises de variância conjunta revelaram diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) para as fontes de variação genótipos (G), ambientes (A) e interação G x A para as duas variáveis. Pela metodologia de Eberhart e Russell (1966), apresentaram adaptabilidade geral, médias altas e estabilidade fenotípica os genótipos RB867515 e RB925211 para a variável TPH, e o RB867515 para a variável TCH. Pela metodologia de Lin e Binns (1988) e modificação proposta por Carneiro (1998), considerando a variável TPH, os genótipos RB867515 e RB987935 revelaram alta responsividade, adaptabilidade geral e adaptação específica a ambientes favoráveis, e em conjunto com o genótipo RB935641 apresentaram adaptação específica a ambientes desfavoráveis. Para a variável TCH, os genótipos RB867515 e RB987935, novamente, e o RB987834 destacaram-se em relação à adaptação geral e específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis. Pela metodologia AMMI (Zobel *et al.* 1988), destacou-se o genótipo RB987935 por sua elevada média e relativa adaptabilidade geral e estabilidade fenotípica para as duas variáveis. A cultivar RB867515 foi apontada pelas três metodologias como o genótipo de maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Na sequência, apareceu o genótipo RB987935, que possui elevado potencial para ser liberado para cultivos comerciais.

**Palavras-chave:** *Saccharum* spp, adaptação ambiental, interação G x A, regressão linear, análise multivariada, melhoramento genético vegetal

## ABSTRACT

Brazil is the world's largest producer of sugarcane and has been increasing its production consistently. The renovation and expansion of sugar cane crops generate great demand for cultivars even more productive, resistant to pests and diseases and adapted to the new technologies of cultivation, such as mechanized sowing and harvesting, and to the particular soil and climatic conditions found in different crop cultivation environments. However, it is up to researchers through their breeding programs to develop new cultivars that meet these requirements. This study has as its objective to evaluate the phenotypic adaptability and stability of sugarcane genotypes in the final phase of testing, in different environments, at the state of Minas Gerais, Brazil, using the methodologies proposed by Eberhart and Russell (1966), Lin and Binns (1988) modified by Carneiro (1998) and AMMI (Zobel et al., 1988). There had been evaluated 15 sugarcane genotypes, being two control cultivars (RB867515 e RB72454) and 13 clones, in nine production units. The experiments were conducted in accordance with the standard complete randomized block with three replications. Plots consisted of 4 lines of 10 m, spaced 1.4 m between rows. The implementation of experiments was carried out between February and March 2004, with the distribution of 18 buds per linear meter. The experiments were first cut at 18 months after implantation and for the second time, 12 months after the first harvest. In each section, the variables were measured TPH (tons of pol ha<sup>-1</sup>) and TCH (tons of cane ha<sup>-1</sup>). Were submitted to analysis the mean values obtained from these two cuts. Analyses of pooled variance revealed significant differences (P<0.01) to variation's sources genotypes (G), environments (A) and the interaction G x A for both variables. Accordingly to the method of Eberhart and Russell (1966), they present general adaptability, high means and phenotypic stability the genotypes RB867515 and RB925211 for the variable TPH, and the RB867515 for the variable THC. As proposed by Lin and Binns (1988) and the changes proposed by Carneiro (1998), considering the variable TPH, the genotypes RB867515 and RB987935 revealed high responsiveness and general adaptability and specific adaptation to favorable environments, and together with the genotype RB935641, specific adaptation to unsuitable environments. For the variable TCH genotypes RB867515 and RB987935, and again RB987834, stood out in relation to general and specific adaptation to favourable and unfavourable environments. For the AMMI method (Zobel et al., 1988), it has been identified the genotype RB987935 potential for recommendation, as revealed high mean and phenotypic relative general adaptability and stability for the two variables. The cultivar RB867515 was appointed by the three methodologies such as the genotype of greater adaptability and phenotypic stability. Following appeared RB987935 genotype, which has a high potential to be released for commercial cultivation.

**Key words:** *Saccharum* spp, environmental adaptation, interaction G x A, linear regression, multivariate analysis, plant breeding

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Identificação dos ambientes onde foram conduzidos os nove experimentos com 15 genótipos de cana-de-açúcar, em Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006. ....	26
Tabela 2. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável TPH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	31
Tabela 3. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	32
Tabela 4. Resumo das análises de variâncias conjuntas para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	33
Tabela 5. Coeficientes da interação G x A (%CI) entre pares de ambientes segundo metodologia de Cruz e Castoldi (1991) para as variáveis TPH (diagonal superior) e TCH (diagonal inferior) de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	34
Tabela 6. Estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica ( $\beta_1$ : coeficiente de regressão linear; $\sigma^2_{di}$ : variância dos desvios de regressão, $R^2$ : coeficiente de determinação) obtidas pelo método de Eberhart e Russel (1966) para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	35
Tabela 7. Médias e respostas de $P_i$ geral pelo método de Lin e Binns (1988) e a ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e desfavoráveis ( $P_{id}$ ) pela proposta de Carneiro (1998) para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	37
Tabela 8. Estimativas de $P_i$ geral, desvios genético e de interação G x A, percentagem genética e contribuição de cada genótipo para a interação G x A para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	39
Tabela 9. Resumo das análises de variâncias e decomposições da interação G x A pelo método AMMI, percentagem de explicação da variância (EXP) e seu valor acumulado (AC) para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	41
Tabela 10. Médias previstas pelo modelo AMMI2 para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	43
Tabela A1. Caracterização agrônômica dos genótipos de cana-de-açúcar avaliados na safra 2005/06. ....	53
Tabela A2. Matriz de médias da interação G x A para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	54

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Médias de Pi's geral, desfavorável e favorável para a variável TPH de 15 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006. ....	55
Figura 2. Performance fenotípica de 15 genótipos de cana-de-açúcar para a variável TPH (valor médio entre o primeiro e segundo corte), avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006. ....	56
Figura 3. Médias de Pi's geral, desfavorável e favorável para a variável TCH de 15 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006. ....	57
Figura 4. Performance fenotípica de 15 genótipos de cana-de-açúcar para a variável TCH (valor médio entre o primeiro e segundo corte), avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006. ....	58
Figura 5. Biplot AMMI1: IPCA1 x Médias para a variável TPH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	59
Figura 6. Biplot AMMI2: IPCA2 x IPCA1 para a variável TPH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	59
Figura 7. Biplot AMMI1: IPCA1 x Médias para a variável TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	60
Figura 8. Biplot AMMI2: IPCA2 x IPCA1 para a variável TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006. ....	60

## SUMÁRIO

<b>RESUMO.....</b>	<b>VIII</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>IX</b>
<b>LISTA DE TABELAS.....</b>	<b>X</b>
<b>LISTA DE FIGURAS.....</b>	<b>XI</b>
<b>1. INTRODUÇÃO .....</b>	<b>13</b>
<b>2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....</b>	<b>15</b>
2.1. IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	15
2.2. O MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR NO PAÍS .....	16
2.3. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE.....	18
2.4. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE .....	20
2.4.1. Método de Eberhart e Russel (1966).....	21
2.4.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998).....	23
2.4.3. Método AMMI ( <i>Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis</i> ) (Zobel et al., 1988).....	23
<b>3. MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>26</b>
<b>4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>30</b>
4.1. ANÁLISES DE VARIÂNCIAS INDIVIDUAIS .....	30
4.2. ANÁLISES DE VARIÂNCIAS CONJUNTAS.....	32
4.3. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA .....	34
4.3.1. Método de Eberhart e Russell (1966).....	34
4.3.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998).....	36
4.3.3. Método AMMI ( <i>Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis</i> ) (Zobel et al., 1988).....	40
<b>5. CONCLUSÕES.....</b>	<b>45</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>46</b>
<b>APÊNDICES.....</b>	<b>53</b>

## 1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma das mais importantes culturas agrícolas do Brasil. Dela são derivadas uma infinidade de produtos, dentre os principais podem ser destacados o açúcar, o etanol e o bagaço que é utilizado para produzir energia. É grande a demanda nacional e mundial por estes derivados da cana-de-açúcar. Como reflexo, observa-se constantes aumentos na área de cultivo, produção e produtividade (Conab, 2011).

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar. Seus cultivos concentram-se na região sudeste do país (Conab, 2011). No entanto, anualmente, novas áreas vem sendo ocupadas em todas as regiões do país. Essa expansão territorial, em grande parte, deve-se aos elevados níveis de retorno econômico proporcionados pela cultura.

O uso de novas tecnologias, tais como o plantio e a colheita mecanizada, vem acompanhando a expansão da cultura e a renovação dos canaviais que normalmente ocorre após cinco ou seis colheitas. Assim, além da adaptação às condições particulares de clima e solo, resistência a pragas e doenças, as cultivares de cana-de-açúcar também passaram a ser exigidas quanto à resistência ao pisoteio, capacidade de brotação sob palha (em função da ausência do fogo), e características físicas e morfológicas das gemas de modo que essas não sejam danificadas no plantio mecanizado.

A seleção de genótipos superiores em cana-de-açúcar não é tão simples quanto possa parecer. O processo é bastante moroso, em média, são necessários mais de 10 anos para lançar uma nova cultivar (Barbosa et al., 2005). Dentre as diversas etapas do processo de seleção, a fase de experimentação com foco na indicação de cultivares, é uma das mais importantes, pois, os genótipos devem ser avaliados em diversos ambientes edafoclimáticos.

Em todo programa de melhoramento genético busca-se genótipos altamente produtivos, estáveis e com ampla adaptação. Entretanto, observa-se com frequência que muitos genótipos, senão a grande maioria apresentam respostas distintas em relação aos ambientes em que ocorre a avaliação/seleção, o que de certa forma restringe a indicação dessas novas cultivares.

Para minimizar os efeitos negativos da instabilidade dos genótipos frente aos ambientes de avaliação/seleção é conveniente que análises de adaptabilidade e estabilidade sejam efetuadas. Para analisar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos genótipos, encontram-se na literatura diversas metodologias. A escolha do método adequado a ser utilizado depende do tipo de dados experimentais, do número de ambientes envolvidos na seleção, da precisão requerida e do tipo de informação desejada (Cruz et al., 2004).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a adaptabilidade e a estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar na fase final da experimentação, em diferentes ambientes,

no estado de Minas Gerais, pelas metodologias propostas por Eberhart e Russell (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) (Zobel et al., 1988).

## **2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

### **2.1. Importância econômica da cana-de-açúcar**

A importância econômica da cana-de-açúcar deve-se a sua múltipla forma de uso. *In natura* a cana-de-açúcar é utilizada em maiores proporções na alimentação animal em forma de forragem e na alimentação humana, em forma de caldo. Processada, a cana-de-açúcar é utilizada na fabricação de melado, açúcar, aguardente, etanol, entre outros produtos de valor econômico. Além disso, alguns resíduos da indústria da cana-de-açúcar também possuem valor econômico. Dentre esses, o bagaço da cana que é produzido em grande quantidade, é utilizado como fonte de energia e o vinhoto, como adubo para os canaviais.

No cenário mundial, o Brasil aparece como o maior produtor de cana-de-açúcar. Na sequência, aparecem a Índia e a China (Conab, 2011). Essa posição vem sendo ocupada principalmente em função da área cultivada, que é relativamente grande, pelos elevados índices de produtividade alcançados nas principais regiões produtoras do país e, atrelado a isso, ao aumento do potencial produtivo das novas cultivares.

Na safra 2010/11, foram cultivados cerca de 8 milhões de hectares em todo o país, a partir dos quais foram produzidas 624.991.000 t de cana-de-açúcar, o que corresponde a uma produtividade média de 77,8 t ha<sup>-1</sup> (Conab, 2011). Em relação à safra anterior, esses valores correspondem a aumentos de 8,4% na área cultivada e de 3,4% na produção.

Dentre os principais produtores nacionais, aparecem os estados de São Paulo, Minas Gerais, Goiás e Paraná. Nessa última safra agrícola, 2010/11, foram produzidas nesses estados 359.235,5 mil t, 55.198,1 mil t, 47.980,8 mil t e 43.905,2 mil t, respectivamente, o que representa mais de 80% da produção nacional (Conab, 2011).

A disponibilidade de cultivares adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas de cultivo do país e a viabilidade econômica da cultura tem servido de incentivo aos produtores. Em função disso, principalmente, a área de cultivo aumentou em todas as regiões do país. Em Minas Gerais, o aumento chegou a aproximadamente 10%.

Associada a expansão territorial da cultura, a renovação dos canaviais que acontece em decorrência da degenerescência natural das cultivares, que é provocada pela redução da fertilidade do solo e do efeito acumulativo de danos causados por pragas e doenças (King et al., 1965), gera uma demanda expressiva por novas cultivares altamente responsivas a ambientes edafoclimáticos distintos. Para atender essa demanda, os programas de melhoramento genético vem intensificando suas atividades.

## 2.2. O melhoramento da cana-de-açúcar no país

A cana-de-açúcar é uma planta alógama, semi-perene, pertence à família Poacea (Gramineae) e ao gênero *Saccharum* L., no qual ocorrem seis espécies. Dentre essas, a espécie *Saccharum officinarum* L., que é conhecida como cana nobre, constitui majoritariamente a base genética dos programas de melhoramento genético (Matsuoka et al., 1999). Atualmente, as cultivares cultivadas são híbridas clonais de sexta a décima geração advindas de cruzamentos diversos, biparentais ou múltiplos (Matsuoka et al., 2005).

No Brasil, o cultivo da cana-de-açúcar começou antes mesmo da colonização. Registros dão conta de que a primeira exportação de açúcar teria ocorrido em 1521, de Pernambuco para Portugal (Peixoto, 1973). Por volta de 1550, Pernambuco tornava-se o maior produtor mundial de açúcar, posto que foi ocupado a partir do cultivo da cultivar denominada Crioula. Mais tarde, depois de aproximadamente 250 anos, essa cultivar foi dizimada dos campos de cultivo em razão de sua alta suscetibilidade ao mosaico (Junqueira e Dantas, 1964).

Por volta de 1800, a cultivar Caiana passou a dominar os campos de cultivo em função de sua elevada quantidade de açúcar, vigor e resistência às principais pragas e doenças. No entanto, por volta de 1870, essa cultivar sucumbiu diante de sua suscetibilidade à gomose (Junqueira e Dantas, 1964). Em substituição a cultivar Caiana, surgiram as cultivares Roxa, Rosa, Ubá e Cristalina, as quais foram cultivadas por aproximadamente 30 anos. Apesar de serem ricas em açúcar, essas cultivares eram pouco resistentes a doenças, tanto que em pouco tempo foram dizimadas pelo vírus do mosaico (Junqueira e Dantas, 1964).

Diante dessa situação, o Brasil introduziu novas variedades de Java, Argentina e Índia (Junqueira e Dantas, 1964; Machado et al., 1987). De forma rápida, esses genótipos passaram a ser cultivados em todas as regiões do país. A partir de 1945, entretanto, as produtividades desses genótipos passaram a ser comprometida em função da baixa resistência ao carvão (Matsuoka et al., 2005).

Diante dessa oscilação, novas cultivares de cana-de-açúcar passaram a ser desenvolvidas a partir de sementes verdadeiras. Assim, surgiu a cultivar Manteiga, resistente à gomose, sendo selecionado a partir de sementes da cultivar Caiana (Junqueira e Dantas, 1964; Eisenberg, 1977). A partir desse período, diversos trabalhos passaram a ser desenvolvidos em diferentes países, obtendo cultivares a partir de sementes. Com essa nova técnica, houve um incremento considerável na produção de açúcar.

No Brasil, os primeiros programas de melhoramento genético iniciaram-se por volta de 1933, em Campos (RJ) e, em 1934, no Instituto Agrônômico de Campinas (SP) e na estação experimental de Curado em Pernambuco (PE) (Fernandes et al., 1991). Próximo a esse

período, em 1930, foi criado o Instituto do Açúcar e do Alcool (IAA) (Fernandes e Irvine, 1987). A criação do IAA teve como objetivo regulamentar o mercado nacional de açúcar e a produção de álcool anidro.

Desses programas de melhoramento genético, o de Campos (RJ), desenvolveu as cultivares CB (Campos - Brasil), as quais passaram a ser cultivadas por usinas do Rio de Janeiro e São Paulo (Machado et al., 1987). Mesmo assim, por volta de 1973 esse programa acabou sendo extinto.

Em São Paulo, os primeiros trabalhos de melhoramento genético que tinham sido iniciados em Piracicaba, após alguns anos, foram incorporados pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) em 1934 (Segalla, 1964). As variedades lançadas a partir desse programa passaram a usar a sigla IAC.

Ainda em São Paulo, em 1959, foi fundada a Cooperativa de Produtores de Cana-de-açúcar, Açúcar e Etanol, a qual tinha como objetivo comercializar a produção de açúcar e etanol de seus associados. Em 1963, usinas cooperadas iniciaram um pequeno programa de melhoramento genético, o qual, mais tarde, foi ampliado pela Coopersucar para a liberação das primeiras cultivares SP (Fernandes et al., 1991).

Em 1966, em Alagoas, algumas usinas juntamente com o IAA, instituíram a Estação Experimental de Cana-de-açúcar de Alagoas. Por volta de 1970, esta Estação reuniu alguns pequenos órgãos locais de pesquisa e instituições produtoras de outros estados para fundar o Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (Planalsucar) conforme (Machado et al. 1987). Esse programa teve como meta a obtenção de novas cultivares com elevados índices de produtividade e maior resistência a pragas e doenças, em substituição aquelas até então cultivadas no país.

Diante da dimensão territorial do país, o programa Planalsucar foi dividido em subprogramas regionais. Dessa forma, a Estação Experimental de Alagoas, localizada em Rio Largo-AL, ficou responsável pela Serra do Ouro, no município de Murici, sendo esta incorporada ao Planalsucar como estação central, onde eram realizados os cruzamentos (Matsuoka, 1988). As sementes produzidas nesta estação eram distribuídas para avaliação/seleção nas subestações de Pernambuco, Alagoas, Rio de Janeiro e São Paulo.

As primeiras cultivares desenvolvidas pelo Planalsucar, denominadas de RB (República do Brasil), RB70141 e RB70194 foram liberadas para o Estado de Alagoas em 1977 (Oiticica, 1977). A cultivar RB72454, liberada em Pernambuco em 1987 ainda está sendo cultivada em diversas áreas do país.

Nesse mesmo período, junto à instituição do Planalsucar foi lançado o Proálcool (Programa Nacional do Álcool), que promoveu consideravelmente a cultura da cana-de-açúcar no país. Em 1990, o Planalsucar foi extinto, juntamente com o IAA. No entanto, um ano depois, o corpo técnico e a infraestrutura das sedes, coordenadorias e estações experimentais foram absorvidas por Universidades Federais, as quais instituíram a RIDESA (Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro).

A RIDESA foi inicialmente constituída por sete Universidades Federais (UFPR, UFSCar, UFV, UFRRJ, UFS, UFAL e UFRPE). Mais tarde, outras duas foram agregadas, a Federal de Goiás (UFG) em 2004 e a Federal do Mato Grosso (UFMT) e a Federal do Piauí (UFPI) em 2007. Atualmente, 57% da área cultivada com cana-de-açúcar é ocupada com cultivares RB liberadas pela RIDESA (RIDESA, 2009). As principais etapas do programa de melhoramento genético dessa rede encontram-se descritas no Quadro 1.

Quadro 1: Principais etapas do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da RIDESA, conforme descrito em Barbosa e Silveira (2010).

1) Produção de sementes nas Estações de Cruzamentos e Florescimento na Serra do Ouro (AL) e Devaneio (PE)	Os cruzamentos são realizados conforme solicitação das Universidades.
2) Fase T1	Avaliação de um grande número de indivíduos em um só local, sem repetições.
3) Fase T2	Avaliação dos clones selecionados na Fase T1. Ocorre a condução de ensaios para a avaliação da cana planta e cana soca.
4) Fase FM-T2 (multiplicação)	Os clones selecionados na Fase T2 são multiplicados e selecionados em vários locais.
5) Fase T3	Avaliação e seleção dos clones nas estações experimentais das Universidades conveniadas.
6) Fase FM-T3 (multiplicação)	Seleção e multiplicação de clones em vários locais.
7) Fase FE (experimental)	Condução de experimentos em vários locais, com três repetições, por três safras seguidas.
8) Liberação das novas cultivares	Validação

### 2.3. Interação genótipo x ambiente

A interação genótipo x ambiente (G x A) é verificada quando dois ou mais genótipos apresentam desempenho diferenciado em ambientes distintos de avaliação/seleção (Haldane, 1946; Falcone e Mackay, 1996). Essa condição é verificada com maior frequência em caracteres de natureza quantitativa, que são controlados por vários gens e são fortemente

influenciados pelo ambiente (Bernardo, 2002). No caso particular da cana-de-açúcar, normalmente, são esses os caracteres de maior interesse, tal como, a produção de cana e de açúcar.

Efeitos significativos de interações G x A aumentam o grau de dificuldade no sentido de identificar os genótipos superiores com ampla adaptabilidade na seleção e indicação de cultivares. Para minimizar os efeitos da interação G x A, visando obter maior segurança na seleção e na indicação de cultivares, é aconselhável avaliar os genótipos no maior número de ambientes possíveis (Cruz et al., 2004).

A natureza dessas interações pode ser simples ou complexa (Robertson, 1959; Vencovsky e Barriga, 1992). É caracterizada como interação simples, aquela em que se verifica apenas diferenças de variabilidade entre os genótipos nos ambientes em que estes estão sendo avaliados (Moll et al., 1978). Esse tipo de interação não impõe nenhuma dificuldade à seleção dos genótipos superiores e à indicação de cultivares, pois, a ordem relativa desses referente ao desempenho nos distintos ambientes sempre é a mesma.

Por outro lado, as interações complexas caracterizam-se pela falta de correlação entre os genótipos em relação aos ambientes em que estes estão sendo avaliados (Vencovsky e Barriga, 1992; Cruz et al., 2004). Essa condição é verificada quando ocorre uma alteração na ordem relativa de classificação dos genótipos. Esse tipo de interação reduz a eficiência de seleção e a precisão na indicação de cultivares (Crossa e Cornelius, 1997).

As causas dessas respostas são atribuídas a fatores fisiológicos e biológicos, que são particularidades de cada genótipo e reduzem a correlação entre o fenótipo e o genótipo (Cruz et al., 2004). Além disso, esse tipo de interação proporciona um aumento no desvio padrão fenotípico, o que por consequência gera coeficientes de herdabilidade de menor magnitude e, também, menores ganhos genéticos potenciais (Falconer, 1987; Lavoranti, 2003).

Entretanto, deve-se ressaltar que a interação genótipo x ambiente é um fenômeno de ocorrência natural que faz parte da evolução das espécies, promovendo o aparecimento de genótipos estáveis e aptos a ambientes específicos ou de comportamento geral e aptos a várias condições de ambiente (Lavoranti, 2003).

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a interação G x A é resultado de instabilidades das manifestações genotípicas entre ambientes, o que merece especial atenção por parte dos melhoristas por essas interferirem nos processos de seleção. Como ressaltam Fox et al. (1997), o conhecimento do fenômeno e as estimativas precisas de seus componentes possibilitam conduzir uma seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, escolher os melhores locais para conduzir a seleção, identificar o nível de estresse nos ambientes de

avaliação/seleção e determinar o número ideal de ambientes e genótipos envolvidos em cada fase da seleção.

Dessa forma, a seleção de genótipos altamente responsivos em amplo espectro de ambientes deve privilegiar aqueles que apresentam baixo efeito de interação  $G \times A$ , ou, melhor ainda, o que raras vezes é observado, que esse efeito não seja significativo. Contudo, sempre se deve ter muita cautela na indicação de cultivares com comportamento superior para indicação ampla, pois segundo Borém (1997), os ambientes são bastante flutuantes. Deve-se lembrar, também, que genótipos com adaptação ampla são preferidos pelos melhoristas, pois proporcionam maior viabilidade econômica ao programa de melhoramento genético.

Para a seleção de genótipos altamente adaptados a ambientes específicos, ou seja, de baixa estabilidade fenotípica, deve-se dar preferência a situações de elevada interação  $G \times A$  (Kvitschal, 2003). Por mais que esses genótipos possam muitas vezes ser preferidos pelos produtores, porque são os mais responsivos em ambientes específicos, sempre que possível, deve-se dar preferência aos mais produtivos e de ampla adaptação. Pois, dessa forma, a tendência é que se obtenha estabilidade produtiva ao longo dos anos.

Entretanto, uma vez constatado o efeito significativo da interação  $G \times A$ , sugere-se a condução de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pois essas análises permitem a identificação de genótipos de comportamento previsível e responsivos às variações ambientais sob condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2004).

## **2.4. Adaptabilidade e estabilidade**

Associadas às diversas metodologias utilizadas para a condução de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica encontram-se na literatura diversos conceitos sobre esses termos. Dentre os mais aceitos, está o de Verma et al. (1978), os quais definem a adaptabilidade como sendo a capacidade dos genótipos apresentarem rendimentos elevados e constantes em ambientes desfavoráveis e, além disso, com habilidade responder positivamente às condições ambientais favoráveis. Enquanto isso, Mariotti et al. (1976) definem a estabilidade como sendo a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento previsível em relação às variações ambientais.

O estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar tem sido realizado a partir da condução de experimentos em diversos ambientes, normalmente, em áreas de usinas e destilarias (Ferreira et al., 2005). Nesses experimentos, que também são conhecidos como ensaios de competição, aos clones que estão sob avaliação são adicionados de

uma a duas cultivares comerciais (testemunhas), que servem como referência para a seleção dos novos clones.

Os dados das variáveis submetidos às análises normalmente são médias de três medidas. No entanto, de acordo com Ferreira et al. (2005), com dados médios de duas e três medidas é possível identificar com segurança a superioridade de um genótipo sobre outro, considerando as variáveis TCH e TPH, respectivamente.

Entretanto, a indicação de variedades para cultivo comercial levando-se em consideração somente a média do genótipo pode favorecer aqueles que se sobressaem nos melhores ambientes e não os mais adaptados às variações do ambiente. Em função disso, as análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica tornaram-se ferramenta importante na seleção dos genótipos superiores para ambientes distintos (Murakami et al., 2004).

São diversas as metodologias utilizadas para a condução de tais análises. Dentre as citadas pela literatura encontram-se as análises de variância, regressão linear, regressão não linear, análise multivariada e estatísticas não paramétricas (Cruz et al., 2004). Apesar de todas essas opções, são preferidas pelos pesquisadores modelos estatísticos que permitem uma fácil interpretação dos resultados e que simultaneamente tornam possível a identificação dos genótipos superiores com os respectivos graus de adaptação e estabilidade fenotípica (Murakami et al., 2004). Algumas metodologias, permitem inclusive, dividir os efeitos da interação G x A em efeitos de genótipos e de ambientes, revelando a contribuição relativa de cada um para a interação G x A total (Rocha, 2002). Contudo, além disso, a escolha do método deve levar em consideração o tipo de dados experimentais, o número de ambientes envolvidos na avaliação, a precisão requerida e o tipo de informação desejada (Cruz et al., 2004).

Baseado nessas considerações, verifica-se na literatura o uso frequente dos métodos de Eberhart e Russell (1966), Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) e AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) (Zobel et al., 1988), os quais estão sendo melhor descritos na sequência.

#### **2.4.1. Método de Eberhart e Russel (1966)**

O método proposto por Eberhart e Russell (1966) tem sido amplamente utilizado para a condução de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica de grupos de genótipos distintos, avaliados em ambientes contrastantes. O método baseia-se em uma análise de regressão linear simples, por meio da qual se estima uma equação de regressão para cada genótipo avaliado ( $Y = a + bx$ ) (Cruz et al., 2004). Esse método foi expandido do modelo proposto por Finlay e Wilkinson (1963), sob o aspecto de que tanto os coeficientes de

regressão dos valores fenotípicos de cada genótipo, em relação ao índice ambiental, quanto os desvios desta regressão, proporcionam estimativas de parâmetros de estabilidade e adaptabilidade.

Para tal, foi adotado o seguinte modelo de regressão linear, conforme descrito em Cruz et al. (2004):  $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$ , onde:  $Y_{ij}$  é a média do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;  $\beta_{0i}$  é a média geral do genótipo  $i$ ;  $\beta_{1i}$  é o coeficiente de regressão linear, que mede a resposta do  $i$ -ésimo genótipo quanto à variação do ambiente;  $I_j$  é o índice ambiental codificado;  $\delta_{ij}$  é o desvio da regressão, estimado por  $\sigma^2_{di}$ ; e  $\varepsilon_{ij}$  é o erro experimental médio.

Nesse método, o índice ambiental é a variável independente e o caráter a ser investigado em cada genótipo (por exemplo: produtividade) em valor médio, em cada ambiente, corresponde à variável dependente. Assim, a adaptabilidade do genótipo é estimada por meio do coeficiente de regressão ( $\beta_i$ ) e pela média do caráter  $e$ , a estabilidade, por sua vez, é estimada a partir da variância dos desvios de regressão ( $\sigma^2_{di}$ ). A metodologia considera como genótipo ideal àquele que apresenta elevada produção média, coeficiente de regressão igual a 1 (um) e desvio de regressão estatisticamente igual a 0 (zero). O ajuste dessas equações de regressão é verificado por meio da estimativa dos coeficientes de determinação ( $R^2$ ), o qual é obtido por meio da razão entre a soma de quadrados da regressão linear e a soma de quadrados da interação G x A. Dessa forma, quanto maior o coeficiente de determinação, mais ajustada é a equação de regressão.

Essa metodologia permite que os genótipos sejam classificados em relação à adaptabilidade, podendo essa ser ampla ou específica, conforme descrito em Cruz et al. (2004). Genótipos com adaptabilidade ampla são aqueles cujo coeficiente de regressão ( $\beta_{1i}$ ) é igual a 1 (um). Quando os coeficientes de regressão ( $\beta_{1i}$ ) diferem de 1 (um), significa que o genótipo possui adaptação específica, podendo essa ser a ambientes favoráveis ( $\beta_{1i} > 1$ ) ou a ambientes desfavoráveis ( $\beta_{1i} < 1$ ). Por outro lado, a magnitude e a significância da variância dos desvios da regressão ( $\sigma^2_{di}$ ) servem de parâmetro para a previsibilidade da produção do genótipo (Cruz et al., 2004).

Mesmo que o método de regressão linear seja amplamente utilizado, o fato de que a média de todos os cultivares em cada ambiente seja tomada como uma medida do índice ambiental e seja abordada como uma variável independente na regressão, pode ser considerada uma limitação séria para este procedimento, porque não poderá haver independência entre as variáveis, especialmente quando o número de cultivares for menor que 15 (Crossa et al., 1990). Por outro lado, o método proposto por Lin e Binns (1988) não

apresenta essa limitação (Scapin et al., 2000), em razão disso, esse vem sendo utilizado com frequência em análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

#### **2.4.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)**

O método de Lin e Binns (1988) é um método de estatística não paramétrica, onde o parâmetro  $P_i$  foi adotado como medida de estabilidade fenotípica. Esse parâmetro corresponde ao somatório dos quadrados médios das distâncias entre a resposta de um determinado genótipo num dado ambiente e a resposta do genótipo superior no mesmo ambiente, em todos os ambientes avaliados. Dessa forma, quanto menor o valor de  $P_i$ , maior é a superioridade geral do genótipo, menor é o desvio em torno da produtividade máxima e mais estável é o genótipo.

No entanto, a proposta de Lin e Binns (1988) não distingue os genótipos quanto à adaptação específica. Diante disso, Carneiro (1998) sugeriu a decomposição do estimador  $P_i$ , proposto por Lin e Binns (1988), em ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e desfavoráveis ( $P_{id}$ ).

Nesse caso, a classificação dos ambientes em favorável ou desfavorável é feita com base nos índices ambientais, os quais são obtidos a partir da diferença dos genótipos em cada ambiente e a média geral do experimento. Dessa forma, é possível identificar os genótipos de melhor performance geral e alocá-los nos ambientes específicos, favoráveis ou desfavoráveis, de acordo com as condições edafoclimáticas, manejo e tecnologia utilizada pelos produtores.

A fácil interpretação dos resultados  $P_i$ 's e a qualidade das informações obtidas fizeram com que a metodologia de Lin e Binns (1988), modificada por Carneiro (1998), fosse amplamente utilizada por pesquisadores e melhoristas (Farias et al., 1997; Botrel et al., 2005). Apesar disso, métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica com mecanismos estatístico distintos desse, também vem sendo utilizados pelos programas de melhoramento genético, dentre esses, destaca-se o AMMI.

#### **2.4.3. Método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) (Zobel et al., 1988)**

Adaptado por Zobel et al. (1988) e modificado por Gauch (1992), o objetivo da análise AMMI é modelar os efeitos da interação através de um modelo de componentes principais. A análise AMMI combina, em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação  $G \times A$  (Duarte e Vencovsky, 1999; Ferreira et al., 2006).

O método pode auxiliar tanto na identificação de genótipos com alta produtividade e amplamente adaptados, como também no zoneamento agrônomico, com a finalidade de indicação regionalizada e seleção de locais testes (Gauch e Zobel, 1996). Produz escores de componentes principais de interação para cada genótipo (IPCA – *Interaction Principal Component Analysis*), que refletem a sua contribuição para a interação G x A. O genótipo com menor(es) escore(es), em valor absoluto, é o mais estável (Silva e Duarte, 2006). A análise AMMI não tem objetivo de recuperar toda a  $SQ_{G \times A}$ , mas somente a porção devida aos efeitos da interação G x A, enquanto descarta variações indesejadas (ruídos) (Duarte e Vencovsky, 1999).

Oliveira et al. (2003) salientam que o detalhamento da interação G x A é feito via decomposição da soma dos quadrados originais ( $SQ_{G \times A}$ ), em uma porção denominada padrão e noutra chamada ruído. A primeira possibilita a identificação de fatores ambientais e genotípicos mais diretamente relacionados à interação, sendo obtida após o descarte de ruídos adicionais ao erro experimental. Isso proporciona uma melhoria na capacidade preditiva das respostas genotípicas.

A possibilidade de obtenção de gráficos de componentes principais mantidos na análise do modelo AMMI e gráficos dos escores de eixos de IPCA contra o rendimento médio é uma característica importante deste método. Escores de genótipos e ambientes podem ser plotados no mesmo gráfico e usado para identificar, visualmente, a estabilidade e a similaridade entre genótipos e ambientes (Ferreira et al., 2006).

A análise AMMI permite agrupar genótipos com adaptações específicas a épocas de semeadura mais adequadas e mais produtivas (Morais et al., 2003); identificar genótipos mais estáveis e produtivos com informações complementares (Maia et al., 2006; Rocha et al., 2007; Cucolotto et al., 2007; Melo et al., 2007); identificar locais mais contrastantes com interação G x A e classificar em zonas agronômicas (Pacheco et al., 2003; Yan et al., 2007); ou classificar um único mega ambiente (Samonte et al., 2005; Miranda et al., 2009).

É preferido o uso isolado do método AMMI quando comparado aos modelos GGE (*Genotype Main Effects and Genotype x Environment Interaction*) e análise de componentes principais, pois é superior a estes, não por razões estatísticas, mas agrícolas (Gauch, 2006). Nesse sentido, a estatística AMMI vem sendo aplicada a diversas culturas com sucesso: em milho (Oliveira et al., 2003; Miranda et al., 2009), em soja (Vicente et al., 2004), em mandioca (Kvitschal et al., 2007) e recentemente em cana-de-açúcar (Guerra et al., 2009), entre outras.

Segundo Bajpai e Kumar (2005), ao avaliarem genótipos de cana-de-açúcar, concluíram que os modelos AMMI e BLUP de análise de adaptabilidade e estabilidade, foram superiores em comparação a modelos de regressão quando se encontram sob grande interação G x A não-linear, neste caso o modelo AMMI deve ser preferido.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 15 genótipos de cana-de-açúcar, sendo duas testemunhas (RB867515 e RB72454) e 13 clones, em nove unidades produtoras do Estado de Minas Gerais. Estes experimentos constituíram a fase final de avaliação de clones do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), que é vinculado a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA).

Encontra-se no anexo A1, na seção Apêndices, uma breve caracterização dos genótipos utilizados nesse estudo, e na Tabela 1, a identificação dos ambientes onde foram conduzidos os experimentos.

Tabela 1. Descrição dos ambientes onde foram conduzidos os nove experimentos com 15 genótipos de cana-de-açúcar, em Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006.

Ambientes	Ambiente de produção <sup>(1)</sup>	Municípios (MG)	Usinas <sup>(2)</sup>	Latitude (S)	Longitude (W)	Altitude (m)
A1	B	João Pinheiro	DWD	17° 44' 33"	46° 10' 21"	1000
A2	C	Campo Florido	CAN	19° 45' 38"	48° 34' 20"	797
A3	C	Conceição das Alagoas	USA	19° 54' 53"	48° 23' 18"	575
A4	C	Araporã	UAV	18° 26' 10"	49° 11' 06"	461
A5	B	Guaranésia	DAB	21° 17' 57"	46° 48' 09"	751
A6	D	Canápolis	UTR	18° 43' 30"	49° 12' 16"	662
A7	C	Monte Alegre	UMA	18° 52' 14"	48° 52' 51"	730
A8	D	Pompéu	AGR	19° 13' 28"	44° 06' 07"	657
A9	A	Passos	UAP	20° 43' 08"	46° 36' 35"	745

<sup>(1)</sup> Ambientes de produção conforme metodologia descrita pelo Centro Tecnologia Canavieira (CTC).

<sup>(2)</sup> DWD: Destilaria DW; CAN: Associação dos produtores de cana de Campo Florido; USA: Usina Santo Ângelo; UAV: Usina Alvorada; DAB: Destilaria Alvorada Bebedouro; UTR: Usina Triálcool; UMA: Usina Monte Alegre; AGR: Destilaria Agropéu; UAP: Usina Açucareira Passos.

Os experimentos foram conduzidos de acordo com o modelo de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por 4 linhas de 10 m, com espaçamento de 1,4 m entre linhas. A implantação dos experimentos foi realizada entre fevereiro e março de 2004, com a distribuição de 18 gemas por metro linear de sulco.

Após a colheita, foram mensuradas as seguintes variáveis:

- i) TPH - Toneladas de Pol ha<sup>-1</sup>.  $TPH = TCH \times POL \text{ cana } (\%)/100$  (Oliveira et al., 2008). Sendo que o POL cana (%) foi obtido a partir da análise tecnológica de 10 colmos, que foram amostrados aleatoriamente do total da parcela.
- ii) TCH - Toneladas de cana ha<sup>-1</sup>. Essa variável foi obtida a partir da mensuração da massa de colmos total da parcela.

As variáveis TPH e TCH foram mensuradas durante a colheita, que foi realizada aos 18 meses após o plantio (primeiro corte - cana planta) e 12 meses após o primeiro corte (segundo corte - cana soca), respectivamente, em agosto 2005 e 2006. Os dados submetidos às análises correspondem aos valores médios obtidos a partir desses dois cortes (cana planta e soca).

Os dados de cada ambiente para cada uma das variáveis foram inicialmente submetidos a análises de variâncias individuais e, em seguida, a análises de variâncias conjuntas. Para a análise de variância univariada considerou-se o seguinte modelo:  $Y_{ik} = \mu + R_k + G_i + E_{ki}$ , em que  $\mu$  é a média geral,  $R_k$  é o efeito da k-ésima repetição,  $G_i$  é o efeito fixo do i-ésimo genótipo,  $E_{ik}$  é o erro experimental (Cruz et al., 2004). As análises de variâncias conjuntas foram conduzidas de acordo com o modelo:  $Y_{ijk} = m + B/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$ , onde:  $Y_{ijk}$ : representa observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente e o k-ésimo bloco;  $m$ : é a média geral;  $B/A_{jk}$ : corresponde ao bloco dentro de ambiente no j-ésimo ambiente e no k-ésimo bloco;  $G_i$ : é o efeito do i-ésimo genótipo;  $A_j$ : é o efeito do j-ésimo ambiente;  $GA_{ij}$ : é o efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente; e,  $E_{ijk}$ : é o efeito do erro experimental.

A homogeneidade das variâncias residuais foi verificada por meio da razão entre o maior e o menor quadrado médio de resíduo (QMR), considerando sete como valor limitante, conforme descrito em Gomes (1990).

Após a verificação da existência do efeito significativo da interação G x A (teste F) pela análise de variância conjunta, procedeu-se a decomposição da interação conforme descrito em Cruz e Castoldi (1991), em seguida foram conduzidas as análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica conforme as metodologias propostas por Eberhart e Russel (1966), Lin e Binns (1988) modificada por Carneiro (1998) e AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) (Zobel et al., 1988).

A decomposição da interação em parte simples ou complexa entre pares de ambientes foi efetuada conforme descrito em Cruz e Castoldi (1991). Assim, a parte complexa foi obtida pela expressão:  $C = \sqrt{(1-r)^3} \sqrt{Q_1 \cdot Q_2}$ , sendo  $Q_1$  e  $Q_2$ , os quadrados médios dos genótipos nos ambientes 1 e 2, respectivamente, e  $r$  a correlação entre as médias dos genótipos nos dois ambientes.

O método proposto por Eberhart e Russell (1966) é baseado na análise de regressão linear, o qual mede a resposta de cada genótipo em relação às variações ambientais. O modelo matemático é o seguinte:  $Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$ , onde:  $Y_{ij}$ : é a média do genótipo i no ambiente j;  $\beta_{0i}$ : é a média geral do genótipo i;  $\beta_{1i}$ : é o coeficiente de regressão linear que mede a resposta do i-ésimo genótipo quanto à variação do ambiente.  $\beta_{0i}$  e  $\beta_{1i}$  são os parâmetros

de adaptabilidade;  $\delta_{ij}$ : corresponde aos desvios da regressão (estima a estabilidade);  $I_j$ : é o índice ambiental codificado; e,  $\epsilon_{ij}$ : é o erro experimental médio.

A estabilidade dos genótipos também foi determinada por meio das estimativas dos coeficientes de determinação ( $R^2$ ) e do quadrado médio residual (QMR) da regressão ( $\sigma^2_{di}$ ), com o  $i$ -ésimo genótipo sendo estimado por  $\sigma^2_{di}$ . Foram considerados genótipos estáveis aqueles em que a hipótese  $H_0: \sigma^2_{di} = 0$  foi rejeitada (Ferreira et al., 2006).

O método proposto por Lin e Binns (1988) consiste em uma análise estatística não paramétrica. Para estimar a estabilidade dos genótipos, esse método usa o quadrado médio da distância entre a média do genótipo e a resposta média máxima em relação a todos os ambientes ( $P_i$ ). Assim, o  $P_i$  foi estimado pelo seguinte estimador:  $P_i = \sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2 / 2n$ , onde,  $P_i$  é a estimativa da adaptabilidade e estabilidade do genótipo  $i$ ;  $X_{ij}$  é a produtividade do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo ambiente;  $M_j$  é a resposta máxima observada entre todos os genótipos no ambiente  $j$ ; e,  $n$  é o número de ambientes. Por meio desse estimador, quanto menor o valor de  $P_i$ , mais estável é a cultivar (Cruz e Carneiro, 2003).

Pelo método modificado, proposto por Carneiro (1998), na expressão do  $P_i$ , o  $n$  é substituído por  $f$  e  $d$ , que corresponde ao número de ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente. Desse modo, os estimadores correspondem a:  $P_{if} = \sum_{j=1}^f (X_{ij} - M_j)^2 / 2f$  e  $P_{id} = \sum_{j=1}^d (X_{ij} - M_j)^2 / 2d$ , respectivamente. Assim, quanto menor o valor de  $P_{if}$  e  $P_{id}$ , maior é a adaptabilidade específica da cultivar a ambientes favoráveis e desfavoráveis, respectivamente (Cruz e Carneiro, 2003).

Os desvios, genético e da interação, foram obtidos pelas expressões:  $n \frac{(\bar{Y}_i - \bar{M})^2}{2n}$  e  $\sum_{j=1}^n \frac{(Y_{ij} - \bar{Y}_i - M_j + \bar{M})^2}{2n}$ , respectivamente, onde  $\bar{Y}_i = \frac{\sum_{j=1}^n Y_{ij}}{n}$  é a média do genótipo  $i$ ; e  $\bar{M} = \frac{\sum_{j=1}^n M_j}{n}$  é a média dos genótipos com resposta máxima.

O método AMMI (Zobel et al., 1988) é um modelo de análise uni-multivariado. É uma análise de variância conjunta onde os efeitos principais, genótipos e ambientes, constituem a parte univariada da análise, e a interação  $G \times A$ , a multivariada, que é analisada por meio dos componentes principais e pela decomposição dos valores singulares (Gauch, 1992).

Conforme descrito em Duarte e Vencovsky (1999), o modelo matemático usado foi:  $Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk} + r_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$ , onde:  $Y_{ij}$  é a resposta média do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ ;  $\mu$  é a média geral;  $g_i$  é o efeito fixo do genótipo  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, g$ );  $a_j$  é o efeito aleatório do ambiente  $j$  ( $j=1, 2, \dots, a$ );  $\epsilon_{ij}$  é o erro experimental médio, assumido independentemente; a interação  $G \times A$  é moderada pelos fatores:  $\lambda_k$  que é o valor singular do  $k$ -ésimo componente principal da interação (IPCA), ( $k = 1, 2, \dots, p$ , em que  $p$  é o número máximo de

componentes principais estimáveis);  $\alpha_{ik}$  é o valor singular do  $i$ -ésimo genótipo no  $k$ -ésimo IPCA;  $y_{jk}$  é o valor singular do  $j$ -ésimo ambiente no  $k$ -ésimo IPCA;  $r_{ij}$  é o resíduo da interação G x A ou resíduo AMMI (ruído presente nos dados);  $k$  são as raízes características não nulas,  $k = [1, 2, \dots, \min(g-1, e-1)]$ .

A soma de quadrados da interação G x A ( $SQ_{G \times A}$ ) foi particionada em  $n$  eixos singulares ou componentes principais da interação (IPCA - *Interaction Principal Component Analysis*) que descreveram a porção padrão, cada eixo correspondendo a um modelo AMMI. A escolha do modelo que melhor descreveu a interação G x A foi feita com base no teste F de Gollob (1968), pela significância de todos os IPCA's relacionados ao  $QMR_{Médio}$  dos eixos retidos no modelo.

Após a seleção do modelo AMMI, foi feito o estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pelo gráfico biplot, o qual foi obtido por combinações dos eixos ortogonais IPCA's. O termo biplot se refere a um tipo de gráfico contendo duas categorias de pontos ou marcadores, neste caso referindo-se a genótipos e ambientes. A interpretação gráfica do biplot foi feita com base na variação devida aos efeitos aditivos principais de genótipos e ambientes e do efeito multiplicativo da interação G x A. A abscissa representa os efeitos principais (a média geral das variáveis dos genótipos avaliados) e a ordenada, o primeiro eixo de interação (IPCA1). Nesse caso, quanto menor o valor do IPCA1 (em valores absolutos), menor é a sua contribuição para a interação G x A, portanto, mais estável é o genótipo. Nesse caso, genótipo ideal é aquele que apresenta elevada produtividade e valores de IPCA1 próximos de zero. Por outro lado, genótipo indesejável é aquele que apresenta baixa estabilidade e baixa produtividade (Duarte e Vencovsky, 1999; Ferreira et al., 2006).

As análises de variâncias e de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pelos métodos Eberhart e Russel (1966) e Lin e Binns (1988) foram realizadas com o auxílio do programa estatístico GENES (Cruz, 2006), e o método AMMI, com auxílio do programa SAS 9.0 (SAS Institute Inc, 2002).

## **4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **4.1. Análises de variâncias individuais**

Na Tabela 2, encontram-se as estimativas dos valores e as significâncias dos quadrados médios, bem como as médias e os coeficientes percentuais de variação para a variável TPH, avaliada em 15 genótipos de cana-de-açúcar, em nove ambientes, em Minas Gerais.

Para a variável TPH (tonelada de POL ha<sup>-1</sup>), com exceção do ambiente A8, constatou-se diferenças significativas ( $P < 0,05$ ) entre os genótipos em todos os demais ambientes (A1, A2, A3, A4, A5, A6, A7 e A9), demonstrando que existe variabilidade genética entre os genótipos, o que é essencial para a sequência dos trabalhos de melhoramento genético.

A variável TPH é uma das mais importantes a ser analisada, pois reúne informações sobre o teor de sacarose e a produtividade de cana-de-açúcar. Dessa forma, normalmente, são privilegiados pelos programas de melhoramento genético cultivares de elevada TPH, porém, características agrônômicas como o desenvolvimento inicial, brotação, longevidade da soca, florescimento, entre outras, também devem ser levadas em consideração (Barbosa et al., 2007). Essa variável também é reflexo do manejo utilizado no cultivo. Genótipos cultivados em condições edafoclimáticas ótimas, livres de pragas e doenças possuem tendência a apresentar rendimentos superiores.

Entretanto, apresentar elevada TPH não é garantia de que uma cultivar seja de fato cultivada, pois, além disso, é fundamental que essa apresente viabilidade econômica, ou seja, ofereça uma relação equilibrada entre POL e TCH (toneladas de cana ha<sup>-1</sup>), proporcionando dessa forma, a obtenção de elevados rendimentos industriais.

Na maioria dos ambientes a média da variável TPH foi relativamente elevada (Tabela 2). Em quatro deles (A1, A2, A3 e A9), foi superior a 20 t ha<sup>-1</sup>, o que é um valor de magnitude ótima. Nestes ambientes, as condições edafoclimáticas foram mais adequadas ao requerimento da cultura. Em geral, a cana-de-açúcar apresenta melhor performance quando na fase vegetativa a temperatura encontra-se próxima de 35°C, com precipitações pluviais em torno de 1.200 mm bem distribuídos e na fase de maturação, com temperaturas próximas de 12°C e pouca precipitação pluviométrica (Diola e Santos, 2010). Essa alternância de temperatura e precipitação favorece o acúmulo de sacarose, que é o produto mais desejado. A fertilidade do solo, ou seja, a disponibilidade de nutrientes minerais para a cultura também interfere na performance dos genótipos, bem como na incidência de pragas e doenças.

As médias de magnitudes inferiores a 18 t ha<sup>-1</sup>, que foram verificadas nos ambientes A4, A7 e A8, provavelmente, são reflexo da interferência negativa de algum dos fatores citados. Naturalmente, no ambiente A4 a fertilidade do solo é boa, mas a temperatura média anual é

elevada e a precipitação pluviométrica é baixa e mal distribuída, limitando a obtenção de melhores índices de rendimento. No ambiente A7 a distribuição hídrica normalmente é regular e favorável a cultura da cana-de-açúcar, pois é maior na fase vegetativa e menor na fase de maturação, condição que torna possível obter bons rendimentos de sacarose. Porém, a fertilidade do solo que naturalmente é baixa e a temperatura amena e relativamente constante o ano todo são os principais fatores limitantes a uma melhor performance dos genótipos nesse ambiente. Além do mais, a combinação desses fatores favorece o surgimento de algumas doenças de relativa importância, tal como, a ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*). No ambiente A8, onde foi obtida a menor média de TPH, a fertilidade natural do solo é baixa. Trata-se de um solo álico com baixa capacidade de retenção de água. Outra agravante é que a precipitação pluvial é baixa e irregular, sendo freqüente a ocorrência de estiagens por períodos prolongados, em alguns anos, estende-se até sete meses.

Tabela 2. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável TPH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

FV	GL	Ambientes <sup>(1)</sup>								
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9
Bloco	2	1,23	13,32	10,47	1,02	0,76	7,14	10,44	7,85	0,13
Genótipo	14	12,61**	11,84**	10,11*	7,92**	16,51**	15,83**	9,59**	4,78ns	21,78**
Resíduo	28	3,07	2,02	4,29	2,30	3,62	3,12	2,36	4,08	5,84
Média		20,03	20,89	21,74	14,50	18,97	17,46	13,63	14,01	22,51
CV (%)		8,75	6,81	9,52	10,46	10,03	10,11	11,28	14,42	10,73

ns, \*, \*\*: não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade do erro, respectivamente, pelo teste F. <sup>(1)</sup>

A1: João Pinheiro (DWD); A2: Campo Florido (CAN); A3: Conceição das Alagoas (USA); A4: Araporã (UAV); A5: Guaranésia (DAB); A6: Canápolis (UTR); A7: Monte Alegre (UMA); A8: Pompéu (AGR); A9: Passos (UAP).

As estimativas dos valores e as significâncias dos quadrados médios, bem como as médias e os coeficientes percentuais de variação para a variável TCH dos 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em nove ambientes estão sendo apresentadas na Tabela 3.

As médias para a variável TCH foram relativamente elevadas, uma vez que a produtividade média estadual nas últimas safras agrícolas foi de aproximadamente 84 t ha<sup>-1</sup> (Conab, 2011). No ambiente A9 foi verificada a maior média, que foi de 176,6 t ha<sup>-1</sup>. Nos ambientes A1, A2, A3, A5 e A6, as médias foram de magnitudes intermediárias, enquanto que, nos ambientes A4, A7 e A8 foram verificadas as médias de menor valor (Tabela 3). Para essa mesma variável, foram verificadas diferenças significativas (P < 0,01) entre genótipos,

em todos os ambientes, revelando que existe variabilidade genética suficiente entre os genótipos, a qual é possível de ser explorada via seleção.

Tabela 3. Quadrados médios das análises de variâncias individuais, médias e coeficientes de variação (CV) obtidos para a variável TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

FV	GL	Ambientes <sup>(1)</sup>								
		A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9
Bloco	2	28,01	205,76	80,79	19,39	35,40	96,99	195,17	163,96	497,65
Genótipo	14	572,42 **	576,6 **	254,15 **	338,64 **	620,81 **	403,94 **	476,08 **	236,69 **	1349,70 **
Resíduo	28	99,51	77,26	62,41	40,84	111,79	118,89	54,99	85,97	92,45
Médias		129,06	142,26	142,30	101,07	133,77	141,96	93,73	97,49	176,59
CV (%)		7,73	6,18	5,55	6,32	7,90	7,68	7,91	9,51	5,44

\*\* : significativo a 1% de probabilidade do erro, pelo teste F. <sup>(1)</sup> A1: João Pinheiro (DWD); A2: Campo Florido (CAN); A3: Conceição das Alagoas (USA); A4: Araporã (UAV); A5: Guaranésia (DAB); A6: Canápolis (UTR); A7: Monte Alegre (UMA); A8: Pompéu (AGR); A9: Passos (UAP).

Os coeficientes de variação (CV) assumiram valores relativamente baixos tanto para a variável TPH quanto para TCH, individualmente em cada ambiente, conforme apresentado na Tabela 2 e Tabela 3, respectivamente. De acordo com a classificação de Gomes (1990), esses valores revelam que houve uma boa precisão experimental.

#### 4.2. Análises de variâncias conjuntas

Encontram-se na Tabela 4, os graus de liberdade (GL), os valores dos quadrados médios (QM) e respectivas significâncias, as médias, os coeficientes percentuais de variação (CV) e o coeficiente da relação entre o maior e menor quadrado médio residual (QMR) para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

Os coeficientes da relação entre o maior e menor quadrado médio residual foram de magnitudes inferiores a sete, nas duas variáveis analisadas, validando dessa forma a análise de variância conjunta, Cruz (2006).

As análises de variâncias conjuntas revelaram diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) para as fontes de variação ambientes (A), genótipos (G) e interação G x A, para as duas variáveis. A constatação de significância para o efeito da interação G x A revelou que os genótipos apresentaram desempenhos distintos entre os ambientes onde foram avaliados, justificando desse modo a condução de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Para a variável TPH, a média foi de 18,2 t ha<sup>-1</sup>, o que é um valor relativamente elevado se

comparado a resultados de outros trabalhos conduzidos com clones RB (Lavorenti e Matsuoka, 2001; Zeni Neto et al., 2008; Guerra et al., 2009). No entanto, deve-se considerar que esses trabalhos diferem entre si em relação à série de clones, ambientes e anos de avaliação.

A média para a variável TCH foi de 128,69 t ha<sup>-1</sup>. Considerando que esse valor foi obtido a partir das safras 2005 e 2006, pode-se considerá-lo como elevado, uma vez que esse é superior às médias estadual e nacional da safra agrícola 2010/11 (Conab, 2011).

Na análise conjunta, os coeficientes de variação assumiram valores próximos a 10 e 7% para as variáveis TPH e TCH, respectivamente (Tabela 4), o que confere uma boa precisão experimental (Gomes, 1990).

Tabela 4. Resumo das análises de variâncias conjuntas para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

FV	GL	QM	
		TPH	TCH
Blocos/Ambientes	18	5,82	147,01
Genótipos (G)	14	50,02 **	2182,63 **
Ambientes (A)	8	534,7 **	32766,84 **
G x A	112	7,62 **	330,80 **
Resíduo	252	3,41	82,68
Média		18,19	128,69
CV (%)		10,15	7,07
maiorQMR/menorQMR		2,88	2,91

\*\* : significativo a 1% de probabilidade do erro pelo teste F.

São apresentadas na Tabela 5, as estimativas das interações G x A segundo a metodologia de Cruz e Castoldi (1991) para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2004 e 2005.

As interações G x A entre pares de ambientes revelaram ser predominantemente de natureza complexa, nas duas variáveis analisadas. Isso porque, segundo Cruz e Castoldi (1991) coeficientes superiores a 50% são função de interações de natureza complexa e, coeficientes inferiores a 50%, função de interações de natureza simples. As interações de natureza simples não impõem nenhuma dificuldade para a identificação dos genótipos superiores. Por outro lado, as interações de natureza complexa impõem restrições à identificação dos genótipos superiores e, por essa razão, justifica-se a realização de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Tabela 5. Coeficientes da interação G x A (%CI) entre pares de ambientes segundo metodologia de Cruz e Castoldi (1991) para as variáveis TPH (diagonal superior) e TCH (diagonal inferior) de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

	Ambientes <sup>(1)</sup>								
	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9
A1		83,99	84,49	58,01	59,77	78,14	53,03	54,49	67,19
A2	74,05		76,01	97,47	92,89	75,08	84,26	76,20	91,61
A3	67,20	54,57		90,23	70,72	77,68	97,05	92,56	87,13
A4	68,41	104,27	102,49		54,09	40,61	86,46	54,56	34,17
A5	72,77	85,88	82,03	71,20		79,83	76,46	51,26	53,16
A6	73,29	98,27	79,43	51,70	95,38		89,78	41,15	70,04
A7	42,72	75,04	78,31	74,97	80,49	77,62		58,57	69,13
A8	52,65	58,61	88,85	71,63	59,77	68,56	47,28		32,22
A9	47,73	82,93	76,34	30,90	45,89	61,25	35,87	26,81	

<sup>(1)</sup> A1: João Pinheiro (DWD); A2: Campo Florido (CAN); A3: Conceição das Alagoas (USA); A4: Araporã (UAV); A5: Guaranésia (DAB); A6: Canápolis (UTR); A7: Monte Alegre (UMA); A8: Pompéu (AGR); A9: Passos (UAP).

### 4.3. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica

#### 4.3.1. Método de Eberhart e Russell (1966)

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica obtidas pelo método de Eberhart e Russell para as variáveis TPH e TCH são apresentadas na Tabela 6.

Por meio desta metodologia considera-se como genótipo ideal aquele que apresenta alta produtividade, adaptabilidade geral ( $\beta_1 = 1$ : coeficiente de regressão igual a 1) e alta estabilidade ( $\sigma^2 = 0$ : desvios de regressão não significativos). Assim, para a variável TPH, apresentaram adaptabilidade geral e médias acima da média geral (18,19 t ha<sup>-1</sup>) os seguintes genótipos: RB867515, RB925211, RB935641, RB935686, RB987934 e RB987935, sendo que desses, apenas os dois primeiros revelaram alta estabilidade fenotípica ou previsibilidade, ou seja, apresentaram desvios de regressão não significativos, os quais também podem ser considerados como genótipos ideais (Tabela 6). Os outros quatro genótipos revelaram ser de baixa estabilidade.

Considerando a variável TCH, apenas o genótipo RB867515 apresentou média acima da média geral (128,69 t ha<sup>-1</sup>), adaptabilidade geral e alta estabilidade fenotípica ou previsibilidade. Vale salientar que o genótipo RB987905 também apresentou ampla adaptabilidade e alta estabilidade fenotípica, porém, sua média foi baixa. Além disso, a sua média para a variável TPH também foi baixa, evidenciando que esse genótipo definitivamente não deve ser liberado como cultivar.

Genótipos com adaptabilidade específica à ambientes desfavoráveis ( $\beta_1 < 1$ ) não foram identificados considerando a variável TPH. Entretanto, para a variável TCH, os genótipos RB977508 e RB956911 apresentaram adaptabilidade específica para ambientes desfavoráveis. Contudo, nenhum desses dois genótipos revelou ser estável ou previsível para essa variável. Entretanto, resultado similar e este foi obtido por Guerra (2010) ao considerar o genótipo RB956911 para a variável TPH.

Com adaptabilidade específica à ambientes favoráveis ( $\beta_1 > 1$ ) para a variável TPH, foram identificados os genótipos RB957689 e RB937570, entretanto, apenas este último revelou ser estável. Para a variável TCH, identificou-se os genótipos RB977619 e RB945065, entretanto, nenhum desses revelou ser estável ou previsível (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica ( $\beta_1$ : coeficiente de regressão linear;  $\sigma^2_{di}$ : variância dos desvios de regressão,  $R^2$ : coeficiente de determinação) obtidas pelo método de Eberhart e Russel para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

Genótipos	TPH				TCH			
	Média	$\beta_1$	$\sigma^2_{di}$	$R^2(\%)$	Média	$\beta_1$	$\sigma^2_{di}$	$R^2(\%)$
RB987935	20,71	1,01 ns	2,21 **	80,59	145,01	1,08 ns	34,25 *	93,97
RB867515 <sup>(†)</sup>	20,44	1,20 ns	0,46 ns	92,53	139,86	1,05 ns	20,97 ns	95,01
RB935641	19,81	0,95 ns	3,49 **	72,66	130,30	1,03 ns	72,61 **	89,78
RB925211	19,16	1,14 ns	0,89 ns	89,65	125,48	0,93 ns	60,41 **	89,04
RB935686	18,87	0,97 ns	2,25 **	78,91	131,87	1,04 ns	124,72 **	85,51
RB937570	18,65	1,24 *	0,52 ns	92,68	119,14	0,99 ns	39,31 *	92,42
RB987934	18,24	0,80 ns	2,12 **	72,73	143,12	1,02 ns	166,23 **	81,62
RB956911	17,87	0,89 ns	0,70 ns	85,30	115,09	0,84 *	78,32 **	84,82
RB945065	17,62	0,88 ns	2,27 **	75,60	136,34	1,15 *	258,25 **	79,25
RB72454 <sup>(†)</sup>	17,22	0,89 ns	0,14 ns	89,38	119,20	0,89 ns	53,34 **	89,10
RB957689	17,08	1,22 *	1,24 *	89,51	125,34	1,03 ns	72,33 **	89,88
RB977625	16,88	0,84 ns	3,06 **	69,27	125,65	0,90 ns	64,65 **	87,86
RB977619	16,85	1,08 ns	-0,16 ns	94,20	127,75	1,18 *	89,83 **	90,77
RB987905	16,75	1,00 ns	0,23 ns	90,80	123,93	1,03 ns	15,34 ns	95,40
RB977508	16,75	0,89 ns	0,10 ns	89,74	122,32	0,85 *	82,98 **	84,51

<sup>(†)</sup> cultivares testemunhas. ns, \*, \*\*: não significativo, significativo a 5% e 1% de probabilidade do erro, respectivamente, pelo teste t. ( $H_0: \beta_{1i} = 1,0$ ) e pelo teste F ( $H_0: \sigma^2_{di} = 0$ ).

Os coeficientes de determinação ( $R^2$ ) revelaram que, em geral, houve um bom ajuste dos dados ao modelo de regressão linear proposto por Eberhart e Russell (1966), pois a maioria dos genótipos apresentou coeficientes  $R^2$  de magnitude superior a 80% (Cruz et al., 2004), para as duas variáveis. Entretanto, vale lembrar que quanto maior for o valor de  $R^2$ , maior será

a confiabilidade de sua previsibilidade. Segundo Barbosa et al. (2005) o valor do coeficiente  $R^2$  possui uma tendência a aumentar até certo ponto na medida em que se envolve maior número de observações (número de cortes da cana-de-açúcar) em sua estimativa.

Considerando que o presente estudo foi desenvolvido a partir de valores médios obtidos de dois cortes (cana planta e cana soca) e que o coeficiente  $R^2$ , em geral, foi superior a 80% para as duas variáveis, observa-se que as informações extraídas por meio da metodologia de Eberhart e Russell (1966) são de elevada confiabilidade.

#### **4.3.2. Método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)**

Os resultados da análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica obtidos pelo método de Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) encontram-se na Tabela 7, e de forma ilustrada, nas Figuras 1 e 2 para a variável TPH e Figuras 3 e 4 para a variável TCH, na seção apêndices.

Considerando a variável TPH, foram identificados como responsivos e de adaptabilidade geral os seguintes genótipos: RB867515, RB987935, RB935641, RB925211 e RB935686, respectivamente, nesta ordem. Para ambientes favoráveis, destacaram-se os genótipos: RB867515, RB987935, RB925211, RB935641 e RB937570. E para ambientes desfavoráveis, os genótipos: RB935641 RB987935, RB867515 RB935686 e RB956911 (Tabela 7).

As cultivares testemunhas apresentaram distintas respostas quanto à adaptabilidade geral ( $P_{i \text{ geral}}$ ) para TPH. Enquanto a cultivar RB867515 apresentou-se como a mais adaptada, a RB72454 ocupou apenas a décima posição. Este posicionamento manteve-se relativamente constante, nos ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Para a variável TCH, os genótipos de maior adaptabilidade geral foram: RB987935, RB867515, RB987934, RB945065 e RB935686, respectivamente, nesta ordem. Esses mesmos genótipos também foram os mais adaptados para ambientes favoráveis e desfavoráveis (Tabela 7). Para esta variável, a testemunha RB867515 manteve-se nas primeiras posições para adaptabilidade geral ( $P_{i \text{ geral}}$ ), ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e ambientes desfavoráveis ( $P_{id}$ ). Por outro lado, a testemunha RB72454 não apresentou bom desempenho quanto à adaptabilidade geral e específicas (Tabela 7).

Tabela 7. Médias e respostas de  $P_i$  geral pelo método de Lin e Binns (1988) e a ambientes favoráveis ( $P_{if}$ ) e desfavoráveis ( $P_{id}$ ) pela proposta de Carneiro (1998) para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

Genótipos	Média (t ha <sup>-1</sup> )		Pi geral	Posição	Pi fav	Posição	Pi desf	Posição
TPH								
RB987935	20,71	a	1,74	2	1,65	2	1,87	2
RB867515 <sup>(†)</sup>	20,44	a	1,64	1	1,00	1	2,43	3
RB935641	19,81	a	4,53	3	6,90	4	1,56	1
RB925211	19,16	a	5,27	4	6,57	3	3,64	5
RB935686	18,87	a	5,68	5	7,61	6	3,28	4
RB937570	18,65	a	7,17	6	7,42	5	6,85	8
RB987934	18,24	b	9,67	7	13,69	10	4,66	7
RB956911	17,87	b	9,72	8	14,04	11	4,32	6
RB945065	17,62	b	11,00	9	13,56	9	7,81	9
RB72454 <sup>(†)</sup>	17,22	b	12,57	10	16,13	12	8,12	10
RB957689	17,08	b	13,51	11	13,19	7	13,90	13
RB977625	16,88	b	15,89	15	17,34	13	14,09	14
RB977619	16,85	b	14,02	12	13,28	8	14,93	15
RB987905	16,75	b	14,99	13	17,95	14	11,29	12
RB977508	16,75	b	15,17	14	18,85	15	10,57	11
TCH								
RB987935	145,01	a	44,10	1	46,31	1	39,68	1
RB987934	143,12	a	146,37	3	194,36	3	50,40	2
RB867515 <sup>(†)</sup>	139,86	a	90,85	2	110,09	2	52,38	3
RB945065	136,34	a	189,63	4	237,91	4	93,06	4
RB935686	131,87	b	262,54	5	310,93	5	165,74	5
RB935641	130,30	b	328,34	6	364,47	7	256,09	7
RB977619	127,75	b	357,26	7	314,02	6	443,74	14
RB977625	125,65	b	405,45	8	503,79	10	208,75	6
RB925211	125,48	b	481,02	11	540,33	11	362,39	8
RB957689	125,34	b	465,70	10	478,26	9	440,58	12
RB987905	123,93	b	441,37	9	459,90	8	404,31	10
RB977508	122,32	b	602,82	12	706,13	12	396,21	9
RB72454 <sup>(†)</sup>	119,20	b	657,75	14	743,74	14	485,78	15
RB937570	119,14	b	629,26	13	722,52	13	442,75	13
RB956911	115,09	b	807,40	15	1000,45	15	421,29	11

<sup>(†)</sup> cultivares testemunhas. Médias seguidas pela mesma letra na coluna constituem grupos homogêneos conforme o teste Scott e Knott a 5% de probabilidade.

Outro aspecto importante, que deve ser considerado, refere-se a classificação relativa dos genótipos quanto a adaptabilidade geral e à específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis com base nas duas variáveis. Considerando os genótipos com adaptação ampla tanto para TPH quanto para TCH, observa-se que os genótipos RB935641 e RB925211 fazem parte desse grupo exclusivamente em função da variável TPH e os genótipos RB987934 e RB955065 em função da variável TCH. Em relação à adaptação para ambientes favoráveis,

fazem parte desse grupos os genótipos RB937570 e RB925211 exclusivamente em função da variável TPH e os genótipos RB987934 e RB855065 em função da variável TCH. E por fim, em relação à adaptação para ambientes desfavoráveis, fazem parte desse grupos os genótipos RB935641 e RB956911 em função da variável TPH e os genótipos RB987934 e RB945065 em função da variável TCH.

Considerando que a variável TPH ( $TPH = TCH \times POL \text{ cana}/100$ ) que é dependente da TCH, alguns equívocos podem ser cometidos na indicação de cultivares caso essa seja efetuada com base em uma única variável. Isso porque uma elevada média de TPH pode ser exclusivamente em função de uma enorme média de TCH, ou, ao invés disso, uma enorme média de POL. O desequilíbrio entre TCH e POL pode elevar os custos de produção de uma cultivar de tal modo que o seu cultivo seja inviabilizado, mesmo que essa tenha elevada TPH. Por exemplo, uma determinada cultivar com adaptação geral ampla e elevada TPH pode ser assim classificada em função de sua elevada TCH e baixa quantidade de POL. Para a indústria, isso significa ter que moer muito mais cana para obter uma mesma quantidade de açúcar de uma cultivar que possui TPH e POL equilibrados, sem contabilizar os custos adicionais envolvidos com o corte, carregamento e transporte da cana-de-açúcar. Os genótipos RB987934 e RB945065 podem ser citados como exemplo, pois seus valores médios de TCH foram relativamente elevados e os de TPH, relativamente baixos (Tabela 7).

Diante disso, percebe-se que a seleção de uma genótipo não pode ser feita com base na adaptabilidade geral de uma única variável. Deve-se, sempre que possível, envolver ao estudo um maior número de variáveis, que, além da relação com a produtividade de cana-de-açúcar, também tenham relação com custo/benefício, bem como com os caracteres morfológicos destacados por Barbosa et al. (2007).

Genótipos que não apresentam um bom equilíbrio entre TCH e POL, não precisam necessariamente ser excluídos dos programas de melhoramento genético. Eles podem ser utilizados como genitores em novos cruzamentos, uma vez que já foram selecionados para algumas características importantes, tais como, a resistência a pragas e doenças.

Ainda assim, a estatística  $P_i$  é destacada em diversos trabalhos (Souza et al., 2005; Correa et al., 2006; Zeni Neto et al., 2008) em função de sua fácil aplicação e eficiência na indicação de cultivares promissoras para diferentes ambientes.

Estão sendo apresentadas na Tabela 8, as estimativas de  $P_i$  geral, desvios genéticos e de interação G x A, percentagem genética e contribuição de cada genótipo para a interação G x A para as variáveis TPH e TCH.

Tabela 8. Estimativas de  $P_i$  geral, desvios genético e de interação G x A, percentagem genética e contribuição de cada genótipo para a interação G x A para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

Genótipos	Média (t ha <sup>-1</sup> )	$P_i$ geral	Desvios		% Genética	Contribuição p/ interação
			Genético	Interação G x A		
TPH						
RB72454 <sup>(†)</sup>	17,22	12,57	11,28	1,29	89,74	5,65
RB977508	16,75	15,17	13,61	1,56	89,72	6,83
RB957689	17,08	13,51	11,95	1,55	88,49	6,81
RB867515 <sup>(†)</sup>	20,44	1,64	1,17	0,47	71,23	2,06
RB925211	19,16	5,27	3,93	1,34	74,59	5,86
RB977619	16,85	14,02	13,08	0,93	93,35	4,08
RB935641	19,81	4,53	2,32	2,21	51,23	9,66
RB935686	18,87	5,68	4,79	0,90	84,24	3,92
RB977625	16,88	15,89	12,92	2,97	81,30	13,02
RB937570	18,65	7,17	5,49	1,68	76,53	7,37
RB945065	17,62	11,00	9,46	1,54	86,00	6,75
RB987905	16,75	14,99	13,62	1,37	90,87	6,00
RB987934	18,24	9,67	6,94	2,73	71,74	11,97
RB987935	20,71	1,74	0,79	0,95	45,49	4,16
RB956911	17,87	9,72	8,38	1,34	86,23	5,86
TCH						
RB72454 <sup>(†)</sup>	119,20	657,75	550,83	106,93	83,74	9,45
RB977508	122,32	602,82	452,30	150,52	75,03	13,31
RB957689	125,34	465,70	365,88	99,82	78,57	8,82
RB867515 <sup>(†)</sup>	139,86	90,85	78,53	12,32	86,44	1,09
RB925211	125,48	481,02	362,15	118,86	75,29	10,51
RB977619	127,75	357,26	303,71	53,55	85,01	4,73
RB935641	130,30	328,34	244,14	84,19	74,36	7,44
RB935686	131,87	262,54	210,53	52,01	80,19	4,60
RB977625	125,65	405,45	357,51	47,94	88,18	4,24
RB937570	119,14	629,26	553,03	76,23	87,89	6,74
RB945065	136,34	189,63	128,77	60,86	67,91	5,38
RB987905	123,93	441,37	405,01	36,36	91,76	3,21
RB987934	143,12	146,37	43,02	103,35	29,39	9,14
RB987935	145,01	44,10	27,27	16,83	61,84	1,49
RB956911	115,09	807,40	695,86	111,54	86,19	9,86

<sup>(†)</sup> cultivares testemunhas.

Segundo Lin e Binns (1988), para uma análise mais detalhada, a estimativa  $P_i$  pode ser desdobrada em duas partes: a primeira é atribuída aos desvios genéticos em relação ao valor máximo, isto é, uma soma dos quadrados de genótipos; e a segunda, correspondente à parte da interação G x A. Destaca-se que a primeira parte não complica o trabalho do melhorista, pois não implica, necessariamente, em alteração na classificação dos genótipos; a segunda parte,

entretanto, é um fator de complicação, pois altera a ordem de classificação dos genótipos em relação aos ambientes envolvidos na seleção.

Considera-se como genótipo ideal aquele que apresenta o menor  $P_i$  possível com a maior parte do desvio sendo devido a efeitos genéticos. Diante disso, observa-se que os menores  $P_i$  para variáveis TPH e TCH foram revelados pelos genótipos RB867515 e RB987935, os quais também tiveram pouca contribuição para a interação G x A.

#### **4.3.3. Método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) (Zobel et al., 1988)**

Quando um mesmo genótipo é avaliado em diferentes locais, verifica-se com frequência interações G x A significativas, sendo esse efeito preponderante para a indicação de cultivares. Assim, a seleção de genótipos altamente produtivos e com ampla adaptação configura-se num desafio para os melhoristas.

O modelo AMMI é utilizado em estudos para avaliar os efeitos aditivos e multiplicativos da interação. Segundo Crossa et al. (1990), o modelo AMMI recupera parte da  $SQ_{G \times A}$  que determina a interação G x A, sendo esta parte chamada de padrão (efeito de genótipos e ambientes) e uma parte residual, de respostas imprevisíveis e não interpretáveis. Neste caso, a variância genética pode ser explicada pelos diferentes modelos do AMMI, que podem ser: AMMI0, quando não inclui nenhum eixo ou termo de interação; AMMI1, quando inclui somente o primeiro eixo da interação; AMMI2, quando envolve os dois primeiros eixos e, assim por diante (Cornelius et al., 1996).

No presente estudo, o desdobramento da  $SQ_{G \times A}$  revelou diferenças significativas ( $P < 0,01$ ) nos três primeiros IPCA's, nas duas variáveis, TPH e TCH (Tabela 9). Por sua vez, os desvios não foram significativos ( $P > 0,05$ ), revelando que o efeito da interação G x A poderia ser explicado a partir dos três primeiros IPCA's. No entanto, segundo Piepho (1995), deve-se considerar que quanto mais IPCA's são envolvidos na explicação da interação G x A, maior é a contribuição do ruído. Segundo o mesmo autor, mesmo que os IPCA's sejam significativos, a escolha daqueles utilizados para explicar a interação G x A é uma decisão relativamente arbitrária e que depende dos critérios de cada pesquisador. Diante disso, para evitar um incremento maior do ruído na composição das variâncias da interação G x A, optou-se por considerar apenas as variâncias dos dois primeiros IPCA's. Sendo assim, observou-se que as variâncias acumuladas nos dois primeiros IPCA's explicaram 55,06 e 67,95% da interação G x A, para as variáveis TPH e TCH, respectivamente (Tabela 9).

Considerando que na medida em que aumenta o número de eixos selecionados, aumenta a percentagem do ruído, o que por consequência reduz o poder de predição da análise AMMI (Oliveira et al., 2003). É razoável explicar o efeito da interação G x A a partir da avaliação gráfica do biplot bi-dimensional AMMI2, e assim, identificar os genótipos e ambientes que menos contribuíram para a interação (mais estáveis) e as combinações de genótipos e ambientes desejáveis quanto à adaptabilidade específica (Morais et al., 2003).

Tabela 9. Resumo das análises de variâncias e decomposições da interação G x A pelo método AMMI, percentagem de explicação da variância (EXP) e seu valor acumulado (AC) para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

FV	GL	TPH			TCH		
		QM	EXP (%)	AC (%)	QM	EXP (%)	AC (%)
Genótipos (G)	14	50,06 **			2143,41 **		
Ambientes (A)	8	530,71 **			32774,48 **		
G x A	112	7,54 **			324,28 **		
IPCA1	21	12,98 **	32,26	32,26	750,22 **	43,38	43,38
IPCA2	19	10,14 **	22,80	55,06	469,60 **	24,57	67,95
IPCA3	17	8,86 **	17,84	72,90	338,42 **	15,84	83,79
Desvios	55	4,16 ns			107,07 ns		
Resíduo	252	3,41			82,68		

ns e \*\*: não significativo e significativo a 1% de probabilidade do erro, respectivamente, pelo teste F. IPCA – Análise de componentes principais da interação.

Para Chaves (2001), o método AMMI tem uma utilidade reduzida caso os dois primeiros componentes principais não expliquem uma porcentagem superior a 70% do  $QM_{G \times A}$ . Segundo o mesmo autor, é interessante que o número de eixos necessários para captar o padrão da variação da matriz G x A seja baixo, particularmente quando o padrão é reduzido a uma ou duas dimensões, o que facilita a interpretação dos resultados de uma análise multivariada.

No entanto, Duarte e Vencovsky (1999) concluíram que uma inspeção nos biplots será sempre positiva, e que a análise AMMI será útil também nas situações que requerem um maior número de componentes principais. Assim, definido o modelo (AMMI2), a partir do cálculo do segundo componente principal, foram obtidas as médias preditas para as variáveis TPH e TCH, conforme Tabela 10.

Nas Figuras 5 e 6, na seção apêndices, são apresentados os Biplots AMMI1 e AMMI2, respectivamente, para a variável TPH. Conforme descrito por Chaves (2001), os genótipos

posicionados próximo à origem dos eixos contribuíram pouco para a interação total em relação àqueles mais afastados da origem, podendo, então, serem considerados mais estáveis.

Assim, por estarem posicionados mais próximos à origem em relação ao eixo IPCA1, os genótipos RB987905, RB956911 e RB977619 apresentaram maior estabilidade. E menor estabilidade, os genótipos RB945065, RB935686 e RB 987934, por estarem bem afastado do eixo IPCA1, esses genótipos também foram os que mais contribuíram para a interação. Contudo, destacam-se os genótipos RB867515 e RB987935, uma vez que estes apresentaram estabilidade intermediária e com um rendimento médio superior para TPH (Figura 6).

Os genótipos que tiveram sua estabilidade confirmada quando se incrementou as informações de interação capturadas pelo segundo eixo biplot AMMI2 (Figura 7) foram: RB72454, RB957905, RB977619, RB867515, RB987935 e RB937570. Estes genótipos apresentaram bons padrões de estabilidade quando da inspeção do biplot AMMI1, e mantiveram comportamento estável também no AMMI2. Pela inspeção da matriz de interação (Tabela A2, na seção apêndices), foi possível identificar os genótipos que apresentaram uma menor contribuição para interação, confirmando o observado nas figuras.

Os ambientes A8 (AGR), A2 (DWD), A6 (UTR) e A4 (UAV) se posicionaram mais próximos a origem do eixo IPCA1 (Figura 5, na seção apêndices), revelando serem estes ambientes mais representativos das condições ambientais médias e particularmente úteis na avaliação de genótipos. Contudo, apenas o ambiente A8 (AGR) confirmou sua representatividade quanto às condições ambientais, ou seja, é o que menos contribuiu para interação G x A (Figura 6, na seção apêndices). Ao contrário, os ambientes A2 (CAN) A3 (USA), A7 (UMA) e A9 (UAP), posicionados mais distantes do eixo IPCA1, foram os que mais contribuíram para interação G x A.

Constatou-se adaptação específica dos genótipos RB987935 e RB867515 no ambiente A5 (DAB), representada no biplot AMMI1 (Figura 6, na seção apêndices), o que está de acordo com as informações da interação G x A capturadas no eixo biplot AMMI2 (Figura 7, na seção apêndices).

O genótipo RB987905 revelou elevada estabilidade se comparado a vários outros genótipos, apesar de ser um genótipo pouco responsivo. Em relação ao genótipo RB977625, sua estabilidade aparente (Figura 6) não foi confirmada (Figura 7).

Essa discordância é comum nos casos em que resta uma razoável variabilidade no sentido dos eixos desconsiderados na representação (Duarte e Vencovsky, 1999), confirmando, portanto, que o segundo eixo contém informação relevante para a interação G x A, uma vez que o problema não teria surgido se a variabilidade nessa dimensão fosse pequena.

Tabela 10. Médias previstas pelo modelo AMMI2 para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

Genótipos	Ambientes <sup>(1)</sup>									Média
	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	
TPH (t ha <sup>-1</sup> )										
RB72454 <sup>(†)</sup>	18,75	20,82	21,61	13,34	17,44	17,04	12,38	13,02	20,56	16,80
RB977508	18,52	20,67	21,42	12,62	16,87	16,23	12,30	12,54	19,58	16,40
RB957689	18,32	21,21	21,89	13,17	16,98	17,37	11,91	12,85	19,99	16,71
RB867515 <sup>(†)</sup>	22,83	21,79	23,03	16,90	21,95	18,83	16,48	16,31	25,86	19,77
RB925211	20,21	23,55	24,17	15,28	18,90	19,77	13,76	14,93	21,90	18,82
RB977619	19,20	19,74	20,70	12,77	17,60	15,39	13,07	12,69	20,51	16,40
RB935641	19,97	22,05	22,99	17,23	20,41	21,68	12,78	15,61	25,62	19,09
RB935686	20,54	19,17	20,55	16,13	20,74	18,32	13,69	14,75	25,98	17,99
RB977625	20,65	19,67	20,74	12,03	17,98	13,25	15,12	12,76	19,77	16,53
RB937570	20,18	22,29	23,08	14,77	18,86	18,50	13,81	14,45	21,96	18,24
RB945065	19,86	17,56	19,04	14,67	19,78	16,16	13,21	13,52	24,76	16,73
RB987905	18,24	19,13	20,13	13,34	17,56	16,57	11,66	12,57	21,54	16,15
RB987934	20,65	21,76	22,59	13,46	18,41	16,17	14,79	13,84	20,51	17,71
RB987935	23,61	21,61	22,96	17,04	22,54	18,30	17,40	16,60	26,33	20,01
RB956911	18,91	20,35	21,30	14,69	18,54	18,40	12,14	13,68	22,84	17,25
Média	20,03	20,76	21,75	14,50	18,97	17,47	13,63	14,01	22,51	17,64
TCH (t ha <sup>-1</sup> )										
RB72454 <sup>(†)</sup>	120,99	144,82	141,78	85,94	122,11	131,04	83,84	89,20	153,10	114,97
RB977508	122,64	142,42	148,14	95,83	118,16	145,44	85,73	93,02	149,48	118,92
RB957689	126,02	143,89	146,88	97,76	124,86	144,10	89,38	95,33	159,85	121,03
RB867515 <sup>(†)</sup>	141,93	155,05	147,89	107,46	151,94	143,04	106,02	107,58	197,74	132,61
RB925211	126,38	147,36	149,57	96,41	124,35	143,97	89,42	95,83	156,04	121,66
RB977619	131,29	153,93	139,16	87,55	143,19	122,73	94,52	95,80	181,57	121,02
RB935641	129,81	135,18	143,22	109,89	130,46	152,87	94,40	99,12	177,71	124,37
RB935686	130,96	125,84	134,50	115,25	136,26	152,57	96,66	99,17	195,65	123,90
RB977625	127,88	145,47	138,27	91,80	135,71	129,97	91,49	94,06	176,22	119,33
RB937570	121,68	140,43	138,64	89,40	124,24	132,51	85,05	89,65	160,62	115,20
RB945065	136,14	126,59	129,76	117,71	148,39	148,13	102,43	102,14	215,82	126,41
RB987905	125,91	141,61	135,66	91,47	133,58	129,53	89,69	92,24	175,69	117,46
RB987934	144,09	159,95	160,65	114,75	145,90	158,12	107,71	112,45	184,43	137,95
RB987935	146,76	156,88	151,30	114,57	156,87	149,64	111,13	112,51	205,42	137,46
RB956911	113,46	114,50	129,12	100,20	110,53	145,82	78,37	84,24	159,57	109,53
Média	129,73	142,26	142,30	101,07	133,77	141,97	93,72	97,49	176,59	122,79

<sup>(†)</sup> cultivares testemunhas. <sup>(1)</sup> A1: João Pinheiro (DWD); A2: Campo Florido (CAN); A3: Conceição das Alagoas (USA); A4: Araporã (UAV); A5: Guaranésia (DAB); A6: Canápolis (UTR); A7: Monte Alegre (UMA); A8: Pompéu (AGR); A9: Passos (UAP).

São apresentados nas Figuras 7 e 8, na seção apêndices, os Biplots AMMI1 e AMMI2, respectivamente, para a variável TCH. Pela inspeção visual do biplot AMMI1 (Figura 8), os genótipos que apresentaram maior estabilidade foram RB956911, RB987905, RB977619, RB935641 e RB977625. Apesar de estáveis, suas produtividades não foram das melhores se comparadas aos demais genótipos envolvidos na análise. Creditou-se maior destaque aos genótipos RB987935, RB867515 e RB987934, pois esses apresentaram produtividade superior e boa estabilidade (Figura 8), o que foi confirmado no AMMI2 (Figura 9).

Os genótipos que apresentaram bons padrões de estabilidade quando da inspeção do biplot AMMI1 (Figura 8) e mantiveram comportamento estável também no AMMI2 (Figura 9) foram: RB987935, RB867515, RB937570, RB987905, RB987934 e RB977625. Já o genótipo RB945065 contribuiu muito para a interação G x A (Tabela A2, na seção apêndices), mas, como sua média está próxima à média geral, muito provavelmente, seus desvios estão associados a interações positivas e negativas que terminam anulando-se umas às outras.

Com relação aos ambientes, constatou-se que A8 (AGR), A1 (DWD) e A7 (UMA) foram os mais estáveis pelo AMMI1 (Figura 8), o que foi confirmado no AMMI2 (Figura 9). A maior contribuição para a interação G x A veio do ambiente A9 (UAP), que por sinal também revelou a maior média, provavelmente por oferecer melhores condições edafoclimáticas para o desenvolvimento da cultura.

Quanto à adaptação específica, as análises AMMI1 e AMMI2 coincidem quando apontam para a interação entre RB987935 e RB867515 vs A5 (DAB) e RB967905 vs A1 (DWD) (Figuras 7 e 8, respectivamente). Observou-se também interações negativas, as quais foram identificadas pela grande distância entre genótipos e ambientes, como no caso do desempenho particularmente negativo do genótipo RB977508 no ambiente A9 (UAP) e do genótipo RB945065 no ambiente A2 (CAN).

A otimização de recursos financeiros quanto a condução de experimentos de campo, é um fator limitante na experimentação agrícola. Observando os ambientes mais próximos no Biplot, podemos constatar que são mais homogêneos, assim um experimento poderia ser alocado em apenas um. Neste contexto, observou-se certa concordância entre as variáveis para os ambientes A7 (AGR) e A8 (UMA).

O ambiente que contribui pouco para interação G x A é também aquele em que o ranqueamento dos genótipos parece ser o mais confiável, pois apresenta pouca influência do ambiente (Duarte e Vencovsky, 1999). Assim, para ambas as variáveis, o ambiente com esse atributo foi A8 (AGR).

Por fim, constatou-se que a técnica AMMI foi suficiente em fornecer informações quanto à estabilidade, sugeriu associações específicas entre determinados genótipos e ambientes e, ainda, permite otimizar recursos financeiros em relação a implantação de experimentos em locais aparentemente semelhantes. Os resultados indicaram ainda diferença entre os ambientes avaliados, apesar de alguns ambientes se apresentarem mais homogêneos para ambas as variáveis.

## **5. CONCLUSÕES**

- a) As interações genótipo x ambiente entre pares de ambientes é predominantemente do tipo complexa, revelando que, em geral, para as duas variáveis TPH e TCH, ocorreu alteração de posição no ranking dos genótipos de um ambiente para outro;
- b) O genótipo RB987935 apresenta a melhor adaptabilidade e estabilidade fenotípica considerando as três metodologias aplicadas ao estudo;
- c) Todas as metodologias utilizadas são eficientes na indicação de genótipos, no entanto, a AMMI apresentou-se como a mais adequada, uma vez que explora com mais propriedade os efeitos da interação genótipo x ambiente.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAJPAI, P.K.; KUMAR, R. Comparison of methods for studying genotype x environment interaction in sugarcane. **Sugar Tech**, v.7, p.129-135. 2005.
- BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.; SILVEIRA, L.C.I.; PETERNELLI, L.A. Estratégias de melhoramento genético da cana-de-açúcar em universidades. **In: IX Simpósio sobre seleção recorrente**. Lavras: UFLA, ago. 2005.
- BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Melhoramento genético e recomendação de cultivares. **In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (eds.) Cana-de-açúcar: Bioenergia, açúcar e álcool – Tecnologias e perspectivas**. Viçosa, 2010. 577 p.
- BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I.; MACEDO, G.A.R.; PAES, J.M.V. Variedades melhoradas de cana-de-açúcar para Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, v.28, p.20-24, 2007.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Stemma Press: Woodbury Minnesota, 2002. 369p.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 1997. 547 p.
- BOTREL, M.A.; LÉDO, F.J.S.; EVANGELISTA, A.R.; VIANA, M.C.M.V.; PEREIRA, A.V.; SOUZA SOBRINHO, F.; OLIVEIRA, J.S.; XAVIER, D.F.; HEINEMANN, A.B. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de alfafa avaliadas em Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v.29. p.409 - 414. 2005.
- CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- CHAVES, L.J. Interação de genótipos com ambientes. **In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (eds.) Recursos genéticos e melhoramento – Planta**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.673-713.
- CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Central de informações agropecuárias: safras – cana**. 2011. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> acessado em 20 de janeiro, 2011.
- CORNELIUS, P.L.; CROSSA, J.; SEYEDSADR, M.S. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. **In: KANG, M.S.; GAUCH, H.G. (eds.) Genotype-by-environment interaction**. CRC Press, Boca Raton, FL. p.199-234, 1996.
- CORREA, L.V.T.; MENDES, A.N.G.; BARTHOLO, G.F. Comportamento de progênies de cafeeiro Icatu. **Ciência e Agrotecnologia**, v.30. p.618-622. 2006.

- CROSSA, J.; CORNELIUS, P.L. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of errors variances. **Crop Science**, v.37, p.406-415. 1997
- CROSSA, J.; GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Additive main effects and multiplicative analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, v.30, p. 493-500. 1990.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: biometria**. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v.2, 2003. 585 p.
- CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v.38, p.422-430. 1991.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 3ª ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.
- CUCOLOTTI, M.; PÍPOLO, V.C.; GARBUGLIO, D.D.; FONSECA Jr, N.S.; DESTRO, D.; KAMIKOGA, M.K. Genotype x environment interaction in soybean: evaluation through three methodologies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.7, p.270-277, 2007.
- DIOLA, V.; SANTOS, F. Fisiologia. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (eds.) Cana-de-açúcar: bioenergia, açúcar e álcool – Tecnologias e perspectivas. Viçosa, 2010. 577p.
- DUARTE, J.B.; VENKOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise “AMMI”**. FUNPEC, Ribeirão Preto, 1999. 60p.
- EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v.6, p.36-40, 1966.
- EISENBERG, P. L. **Modernização sem mudança: A indústria açucareira em Pernambuco, 1840/1910**. Editora Paz e Terra. Campinas. 294p. 1977.
- FALCONER, D.S. and MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4ª Ed. London: Longman scientific e technical. 1996. 464p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FARIAS, F.J.C.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, L.P.; MOREIRA, J.A.N.; COSTA, J.N. Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método da regressão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, p.407-414. 1997.
- FERNANDES, A.C.; IRVINE, J.E. The Brazilian sugar and alcohol agroindustry. In: Coopersucar Int. Sugarcane Breeding Workshop. São Paulo: Coopersucar. p.233-247. 1987.

- FERNANDES, A.C.; MACHADO Jr, G.R.; SORDI, R.A.; RAIZER, A.J.; BENTO, M.I.C.; MENDONÇA, J.R. Recomendações para o cultivo da terceira geração de variedades SP. **V seminário de tecnologia agrônômica**. Coopersucar. p.35-60. 1991.
- FERREIRA, A.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; HOFFMANN, H.P.; VIEIRA, M.A.S.; BASSINELLO, A.I.; SILVA, M.F. Repetibilidade e número de colheitas para seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, p.761-767. 2005.
- FERREIRA, D.F.; DEMÉTRIO, C.G.B.; MANLY, B.F.J.; MACHADO, A.A.; VENCOVSKY, R. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne**, v.12, p.373-388. 2006.
- FOX, P.N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype - environment interaction. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. (Ed.). *Statistical methods for plant variety evaluation*. New York: Chapman and Hall, 1997. cap.8, p.117-138.
- GAUCH JUNIOR, H.G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v.46, p.1488-1500, 2006.
- GAUCH, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials**: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier Science, New York, 1992. 278 p.
- GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Optimal replication in selection experiments. **Crop Science**, v.36, p.838-843, 1996.
- GOLLOB, H.F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v.33, p.73-115. 1968.
- GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 13ª ed. Piracicaba : Nobel, 1990. 468p.
- GUERRA, E.P. Avaliação da adaptabilidade e estabilidade de clones precoces de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*). 132 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, 2010.
- GUERRA, E.P; OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; BESPALHOK FILHO, J.C. Stability and adaptability of early maturing sugarcane clones by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9, p.260-267, 2009.
- HALDANE, J.B.S. The interaction of nature and nurture. **Annals of Eugenics**, v.13, p.197-205. 1946.
- JUNQUEIRA, A.A.B.; DANTAS, B. A cana-de-açúcar no Brasil. In: MALAVOLTA, E. et al. (eds). *Cultura e adubação da cana-de-açúcar*. São Paulo: Instituto Brasileiro de Potassa. p.27-60. 1964.
- KING, N.J.; MUNGOMERY, R.W.; HUGUES, C.G. **Manual of cane growing**. New York, Elsevier, 1965.

- KVITSCHAL, M. V.; VIDIGAL FILHO, P. S.; SCAPIM, C. A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; PEQUENO, M. G.; SAGRILO, E.; RIMOLDI, F. Phenotypic stability evaluation of cassava clones in Northwestern region of Paraná State by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.7, p.236-241. 2007.
- KVITSCHAL, M.V. **Avaliação da estabilidade e da adaptabilidade de clones de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. 2003. 141 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá.
- LAVORANTI, O.J. Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI. Tese (Doutorado), Piracicaba, ESALQ, 166p. 2003.
- 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**, v.36, p.653-658, 2001
- LIN, C.S.; BINNS, M.R. A method of analyzing cultivars x location x year experiments: new stability parameter. **Theoretical Applied Genetics**, Berlim, v.76, p.425-430, 1988.
- MAIA, M.C.C.; VELLO, N.A.; ROCHA, M.M.; PINHEIRO, J.B.; SILVA Jr, N.F. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agrônômicos, através de método uni-multivariado. **Bragantia**, v.6, p.215-226, 2006.
- MARIOTTI, I.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Inte-racciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Nordeste Argentino**, v.13, p.105-127. 1976.
- MACHADO Jr.; G.R.; SILVA, W.M.; J.E. Sugarcane breeding in Brazil: the copersucar program. In: Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop. São Paulo: Copersucar. P. 217-232. 1987.
- MATSUOKA, S.; Garcia, A. A. F.; Calheiros, G.C. . Hibridação em Cana-de-açúcar. In: A Borém. (Org.). **Hibridação Artificial de Plantas**. Viçosa: Editora da Universidade Federal de Viçosa, 1999b, v. II, p. 221-256.
- MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Org.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2005. p.225-274.
- MELO, L.C.; MELO, P.G.S.; FARIA, L.C.; DIAZ, J.L.C.; PELOSO, M.J.D.; RAVA, C.A.; COSTA, J.G.C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum

- na Região Centro-Sul do Brasil. Brasília, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.715-723. 2007.
- MIRANDA, G.V.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; NAMORATO, H.; OLIVEIRA, L.R.; SOARES, M.O. Multivariate analyses of genotype x environment interaction of popcorn. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.45-50, 2009.
- MOLL, R.C.; COCKERHAM, C.C.; STUBER, C.W.; WILLIAMS, W.P. Selection responses, genetic-environments interaction, and heterosis with recurrent selection for yield in maize. **Crop Science**, v.18, p.641-645. 1978.
- MORAIS, L.K.; PINHEIRO, J.B.; MOURA, M.F.; AGUIAR, A.V.; DUARTE, J.B.; CARBONELL, S.A.M.; ZUCCHI, M.I.; MOURA, N.F. Estabilidade e adaptabilidade de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura utilizando a metodologia AMMI. **Bioscience Journal**, v.19, p.7-14. 2003.
- MURAKAMI, D.M.; CARDOSO, A.A.; CRUZ, C.D.; BIZÃO, N. Considerações sobre duas metodologias de análise de estabilidade e adaptabilidade. **Ciência Rural**, v.34, p. 71-78, 2004.
- OITICICA, J. Sugarcane experiment station. Northeast Brazil. **Sugar Journal**, v.39, n.12, p.16-17. 1977.
- OLIVEIRA, B.A.; DUARTE, J.B.; PINHEIRO, J.B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.357-364. 2003.
- OLIVEIRA, R.A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO O. T.; WEBER, H.; RESENDE, M.D.V.; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**, v.9, p.269-274. 2008.
- PACHECO, R.M.; DUARTE, J.B.; ASSUNÇÃO, M.S; NUNES Jr, J.; CHAVES, A.A.P. Zoneamento e adaptação produtiva de genótipos de soja de ciclo médio de maturação para Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.33, p.23-27, 2003.
- PEIXOTO, A.A. Considerações sobre a história e genética as cana-de-açúcar, é uma tese sustentada em 1842. **Brasil açucareiro**, v.82, n.5. 1973.
- PIEPHO, H.P. Robustness of statistical test for multiplicative terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trial. **Theoretical Applied of Genetics**, v.90, p.438-443, 1995.
- RIDESA UFSCar/UFV. Raio X dos canaviais: censo revela variedades mais cultivadas. **Revista Canavieiros**, n.39, p.20-21, set 2009.

- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469-485, 1959.
- ROCHA, M.M.; FREIRE FILHO, F.R.; RIBEIRO, V.Q.; CARVALHO, H.W.L.; BELARMINO FILHO, J.; RAPOSO, J.A.A.; ALCÂNTARA, J.P.; RAMOS, S.R.R.; MACHADO, C.F. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de feijão-caupi de porte semi-ereto na Região Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.1283-1289, 2007.
- SAMONTE, S.O.P.B.; WILSON, L.T.; MCCLUNG, A.M.; MEDLEY, J.C. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. **Crop Science**, v.45, p.2414-2424. 2005.
- SAS Institute Inc. 2002. SAS/STAT Software: changes and enhancements through release 6.12. SAS Institute, Cary.
- SCAPIN, C.A.; OLIVEIRA, V.R.; BRACCINI, A.L.; CRUZ, C.D.; ANDRADE, A.A.B.; VIDIGAL, M.C.G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genetic and Molecular Biology**, v.23, p.387-393. 2000.
- SEGALLA, A.L. Botânica, melhoramento e variedades. **In:** MALAVOLTA, E. et al. (eds). Cultura e adubação da cana-de-açúcar. São Paulo: Instituto Brasileiro de Potassa. p.61-98. 1964.
- SILVA, W.C.J.; DUARTE, J.B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.23-30, 2006.
- SOUZA, A.A.; FREIRE, E.C.; BRUNO, R.L.A.; CARVALHO, L.P.; PEREIRA, W.E. Estabilidade e Adaptabilidade do algodoeiro herbáceo produzido no cerrado do Mato Grosso e do Mato Grosso do Sul. **In:** V Congresso Brasileiro de Algodão. Salvador – BA. **Anais...** V Congresso Brasileiro de Algodão. 6p. 2005.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical Applied Genetics**, v.53, p.89-91. 1978.
- VICENTE, D.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A. Análise da adaptabilidade e estabilidade de linhagens elite de soja. **Acta Scientiarum**, v.26, p.301-307. 2004.
- [www.ctcanavieira.com.br/site/index.php](http://www.ctcanavieira.com.br/site/index.php)- Acesso em 07/06/2011.

- YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by-Environment Data. **Crop Science**, v.47, p.643-653, 2007.
- ZENI-NETO, H.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J.C.; OLIVEIRA, R.A.; WEBER, H. Adaptabilidade e Estabilidade Fenotípica de Clones Precoces de Cana-de-açúcar no Estado do Paraná. **Scientia Agraria**, v.9, p.283-289, 2008.
- ZOBEL, R.W.; WRIGHT, A.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.

## APÊNDICES

Tabela A1. Caracterização agrônômica dos genótipos de cana-de-açúcar safra 2005/06.

Genótipos	Produção	Brot./soca	Exig. fertilidade	Perfilho	Maturação	sacarose	Pol% cana	Flor	Choch	Carvão	Escal	Fer. marron
RB72454	alta	boa	média	médio	médio/tardio	alto	14,46	eventual	pouco	tolerante	intermediaria	tolerante
RB977508	média/alta	boa	média	médio	tardia	média	13,78	ausente	eventual	resistente	resistente	resistente
RB957689	média/alta	muito boa	alta	alto	tardia	médio	13,70	ausente	eventual	resistente	resistente	resistente
RB867515	alta	muito boa	média/baixa	médio	médio/tardio	alto	14,78	presente	sim	tolerante	tolerante	resistente
RB925211	média	muito boa	média	alto	precoce/média	Alto	15,40	frequente	sim	tolerante	resistente	resistente
RB977619	alta	boa	média	regular	tardia	baixa	13,44	eventual	eventual	tolerante	tolerante	resistente
RB935641	média	muito boa	média	alto	Precoce/médio	Alto	15,07	eventual	eventual	tolerante	tolerante	resistente
RB935686	média/alta	muito boa	média	alto	médio/tardio	alto	14,25	presente	sim	tolerante	tolerante	tolerante
RB977625	média	boa	alta	médio	tardia	baixo	13,23	eventual	eventual	tolerante	tolerante	tolerante
RB937570	média/alta	boa	média	médio	precoce/média	alto	15,03	presente	eventual	tolerante	tolerante	resistente
RB945065	média	boa	média	médio	tardia	baixo	13,30	presente	sim	intermediaria	tolerante	tolerante
RB987905	média/alta	boa	média	médio	médio/tardio	médio	13,80	eventual	eventual	tolerante	tolerante	tolerante
RB987934	alta	muito boa	alta	alto	tardia	baixo	13,34	eventual	eventual	tolerante	tolerante	resistente
RB987935	alta	muito boa	média/baixa	alto	médio/tardio	alto	14,68	eventual	eventual	tolerante	tolerante	resistente
RB956911	média	boa	média/alta	médio	precoce/média	alto	15,56	eventual	eventual	resistente	tolerante	intermediaria

Tabela A2. Matriz de médias da interação G x A para as variáveis TPH e TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

	Ambientes <sup>(1)</sup>								
	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9
TPH									
1	-1,67	0,83	0,30	-0,65	0,91	0,84	0,20	1,08	-1,84
2	-0,04	0,49	1,27	0,69	-0,27	0,02	-0,24	0,70	-2,61
3	0,07	0,78	3,19	0,50	0,67	0,20	-2,07	-1,66	-1,68
4	0,47	0,10	-1,03	-1,21	1,71	-1,05	0,37	-1,68	2,32
5	0,69	2,07	0,77	-0,93	-0,89	1,93	-1,52	-0,51	-1,62
6	0,03	1,64	-0,11	-0,69	1,17	-1,70	-0,02	-0,05	-0,27
7	-1,02	1,15	-3,08	1,28	-1,67	3,09	-1,95	0,59	1,61
8	-0,11	-3,63	-0,93	1,16	1,70	0,68	-0,46	-0,54	2,13
9	2,62	1,02	-1,24	-0,37	-1,65	-2,90	3,13	0,48	-1,10
10	-1,94	1,46	2,82	-1,01	-0,25	-0,89	-0,33	-0,75	0,89
11	0,02	-2,42	-2,55	1,27	0,71	-1,14	0,35	0,82	2,93
12	-1,83	-0,26	0,48	-0,52	-0,85	-0,16	0,01	1,52	1,61
13	0,61	1,55	0,02	-1,15	-2,37	0,56	3,14	0,22	-2,58
14	2,02	-2,97	-0,16	-0,15	2,84	-1,54	-0,12	-0,15	0,22
15	0,07	-1,81	0,25	1,77	-1,77	2,06	-0,48	-0,07	-0,02
TCH									
1	-6,66	11,28	6,03	-6,50	4,89	0,56	0,20	7,61	-17,40
2	-0,10	4,44	11,84	3,75	-2,09	9,06	-5,03	2,82	-24,68
3	6,73	-0,07	16,70	-1,71	-0,51	6,48	-1,84	-12,67	-13,12
4	-2,21	0,14	-2,73	-4,77	6,40	-11,76	5,61	-1,14	10,45
5	1,94	11,54	7,64	3,54	-3,77	5,00	-7,30	0,03	-18,62
6	3,21	15,23	-0,43	-7,76	14,94	-18,10	-9,45	-4,28	6,64
7	-11,99	1,82	-7,30	8,96	-5,46	14,32	-11,16	7,31	3,50
8	4,29	-24,01	-10,06	8,77	5,61	9,17	-0,30	-5,80	12,34
9	10,14	9,14	-10,54	-3,41	-7,07	-13,03	13,39	0,97	0,40
10	-16,27	8,07	10,56	-0,71	0,49	-1,16	2,65	0,61	-4,24
11	-4,46	-20,00	-21,08	11,42	7,09	-0,96	-0,01	-4,51	32,51
12	-1,53	-1,49	2,04	-10,71	7,15	-7,29	-0,13	7,90	4,06
13	10,72	8,19	-0,18	-12,71	-27,96	5,37	13,84	-0,75	3,48
14	6,41	-6,49	-5,79	-3,49	13,01	-8,87	-2,16	-1,64	9,03
15	-0,20	-17,79	3,30	15,32	-12,72	11,22	1,69	3,54	-4,36

<sup>(1)</sup> A1: João Pinheiro (DWD); A2: Campo Florido (CAN); A3: Conceição das Alagoas (USA); A4: Araporã (UAV); A5: Guaranésia (DAB); A6: Canápolis (UTR); A7: Monte Alegre (UMA); A8: Pompéu (AGR); A9: Passos (UAP).

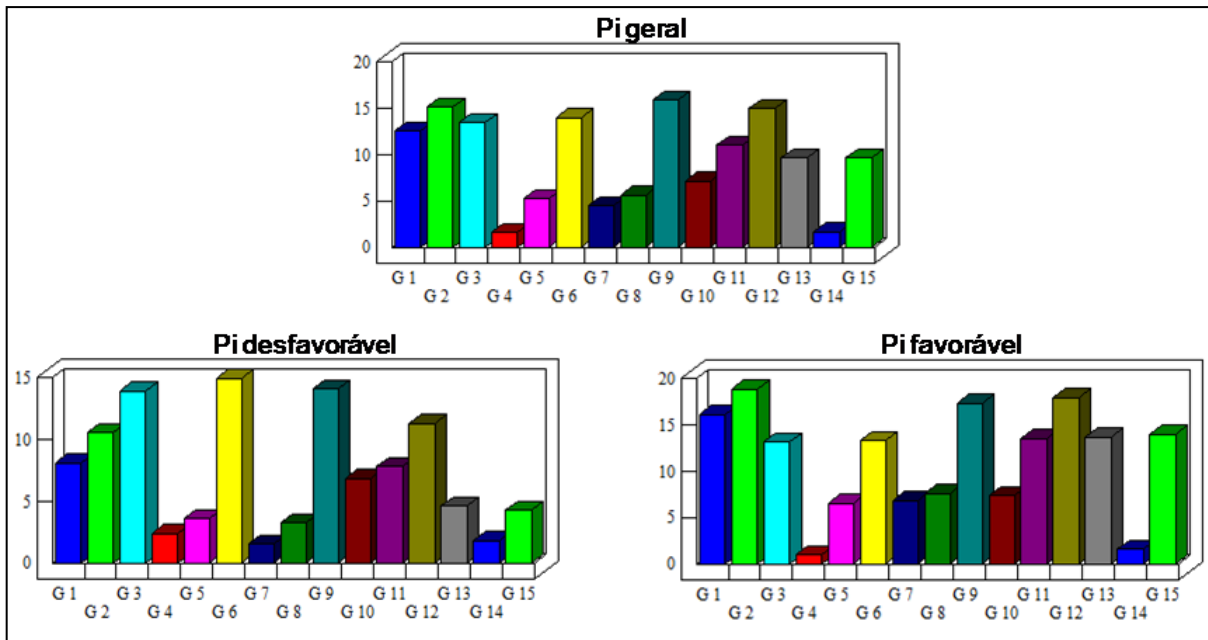


Figura 1. Médias de Pi's geral, desfavorável e favorável para a variável TPH de 15 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006.

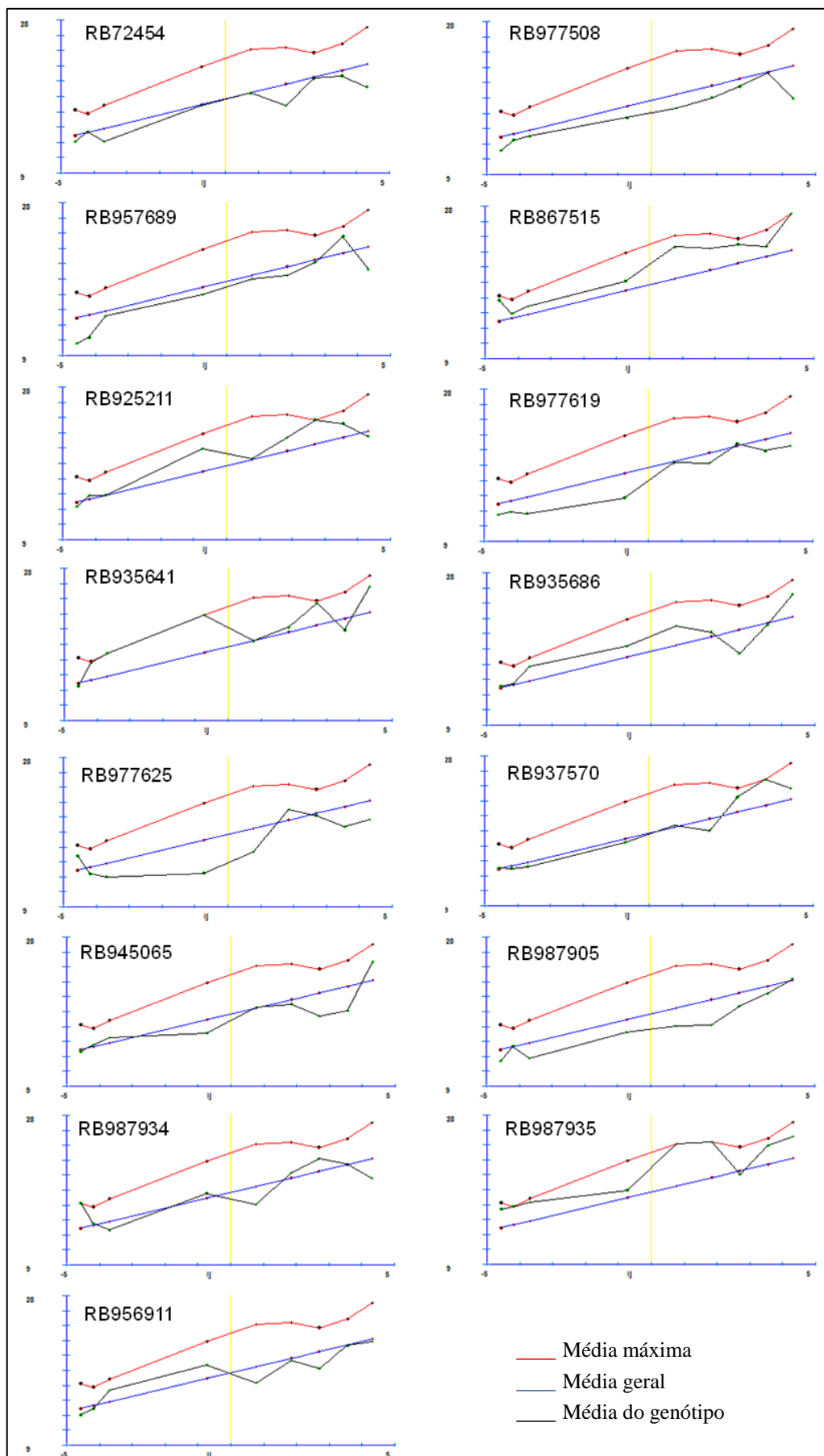


Figura 2. Performance fenotípica de 15 genótipos de cana-de-açúcar para a variável TPH (valor médio entre o primeiro e segundo corte), avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006.

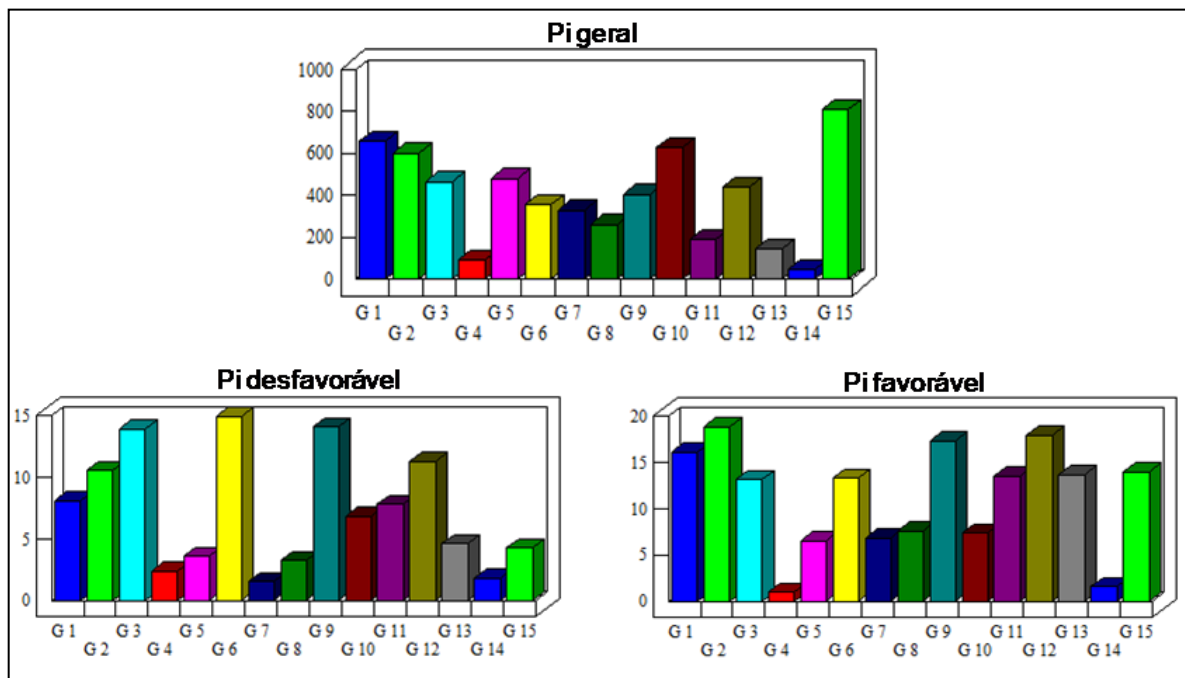


Figura 3. Médias de Pi's geral, desfavorável e favorável para a variável TCH de 15 genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006.

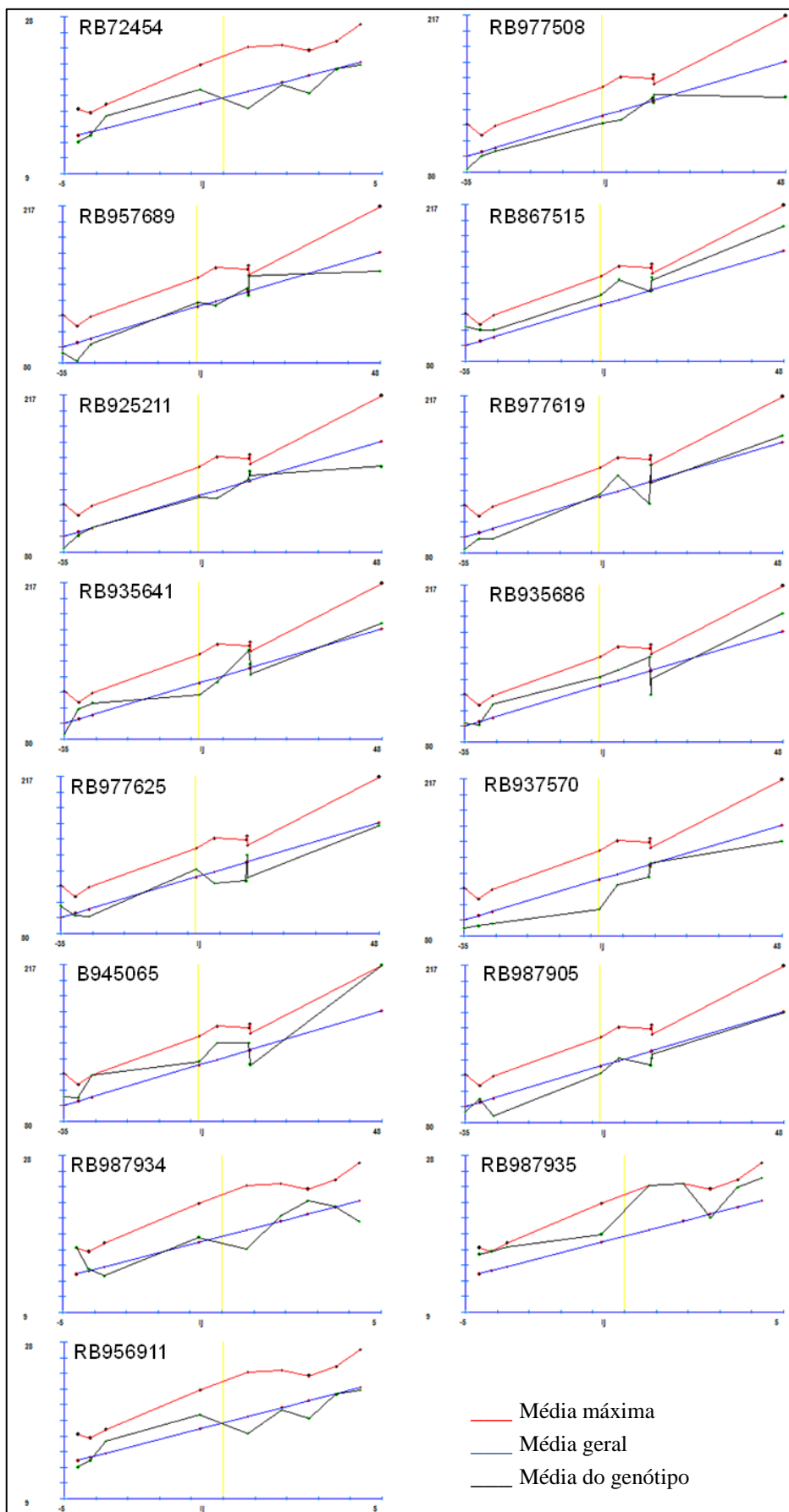


Figura 4. Performance fenotípica de 15 genótipos de cana-de-açúcar para a variável TCH (valor médio entre o primeiro e segundo corte), avaliados em nove ambientes de Minas Gerais, nas safras agrícolas 2005 e 2006.

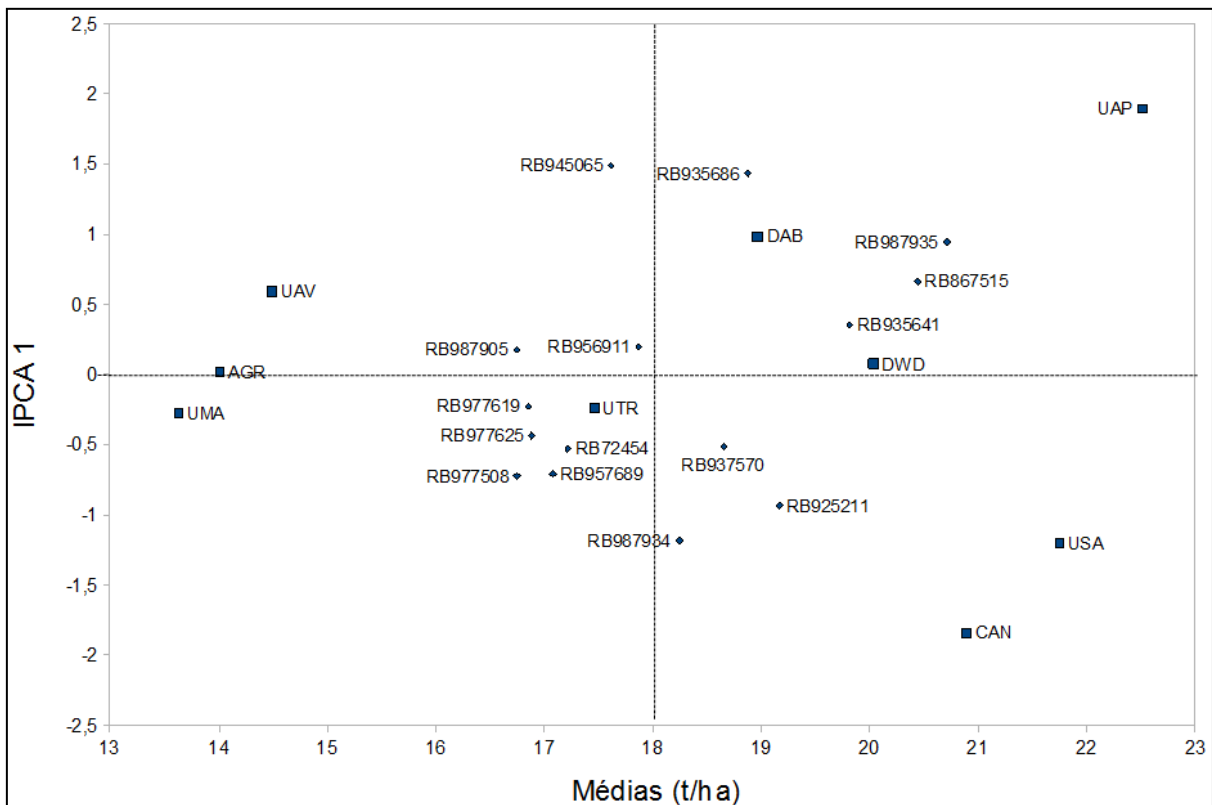


Figura 5. Biplot AMMI1: IPCA1 x Médias para a variável TPH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

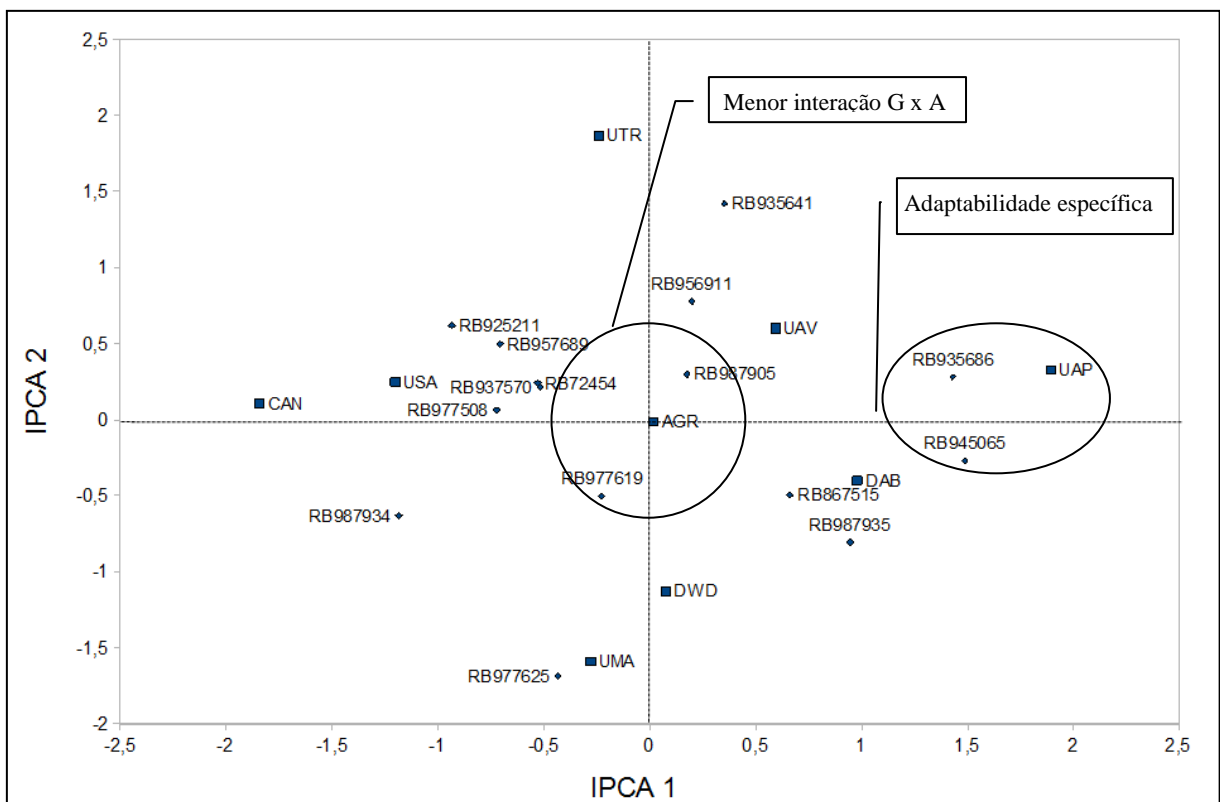


Figura 6. Biplot AMMI2: IPCA2 x IPCA1 para a variável TPH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

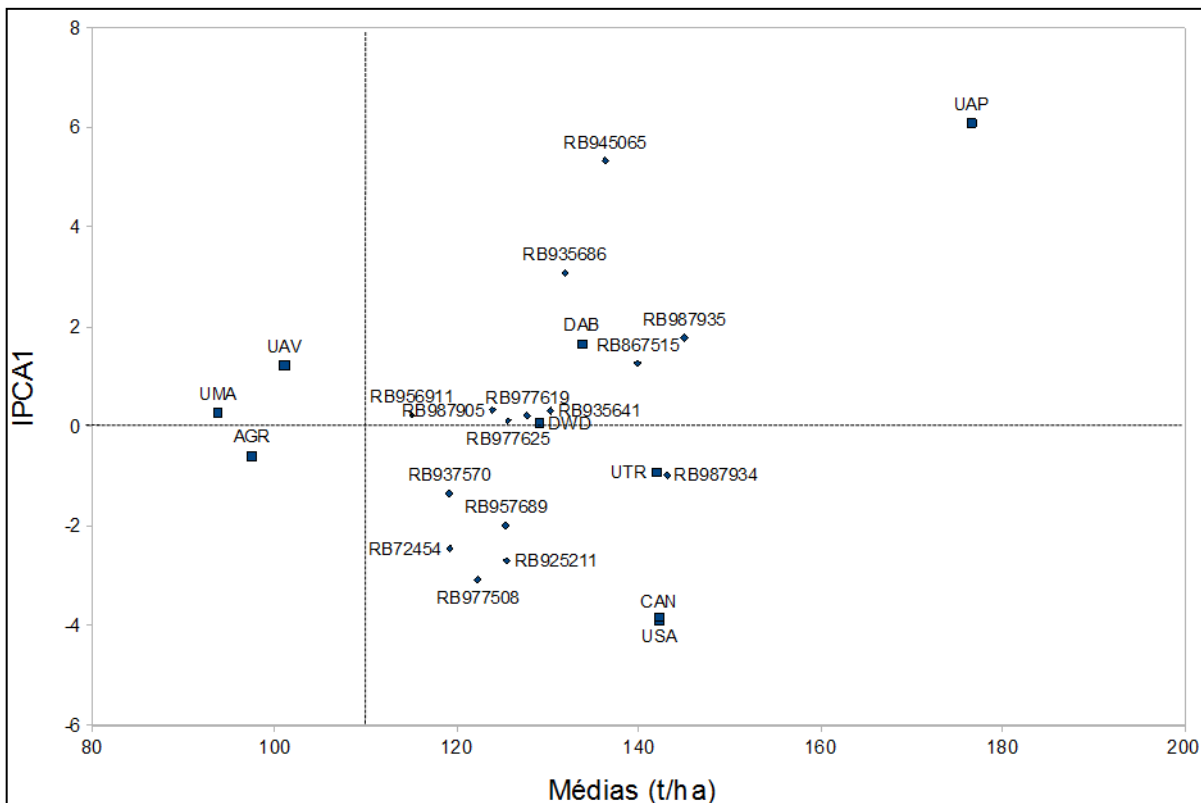


Figura 7. Biplot AMMI1: IPCA1 x Médias para a variável TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.

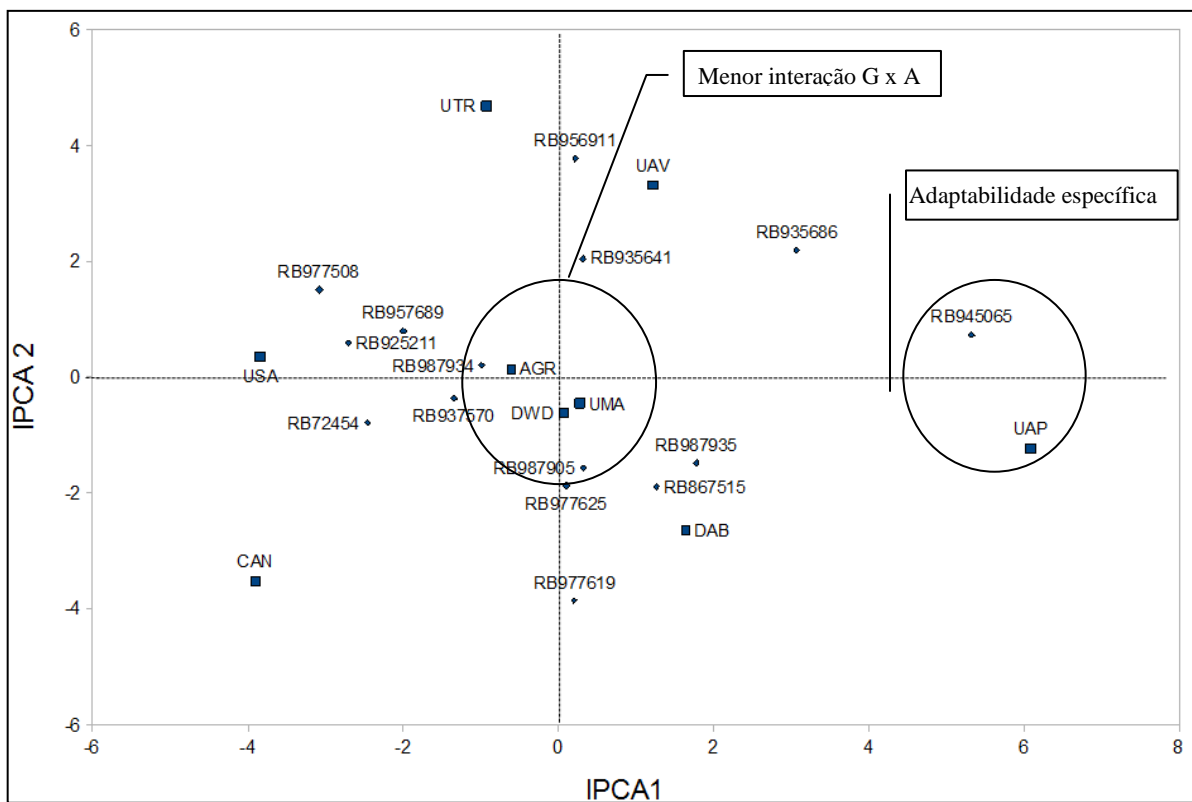


Figura 8. Biplot AMMI2: IPCA2 x IPCA1 para a variável TCH de 15 genótipos avaliados em nove ambientes, em Minas Gerais, nas safras 2005 e 2006.