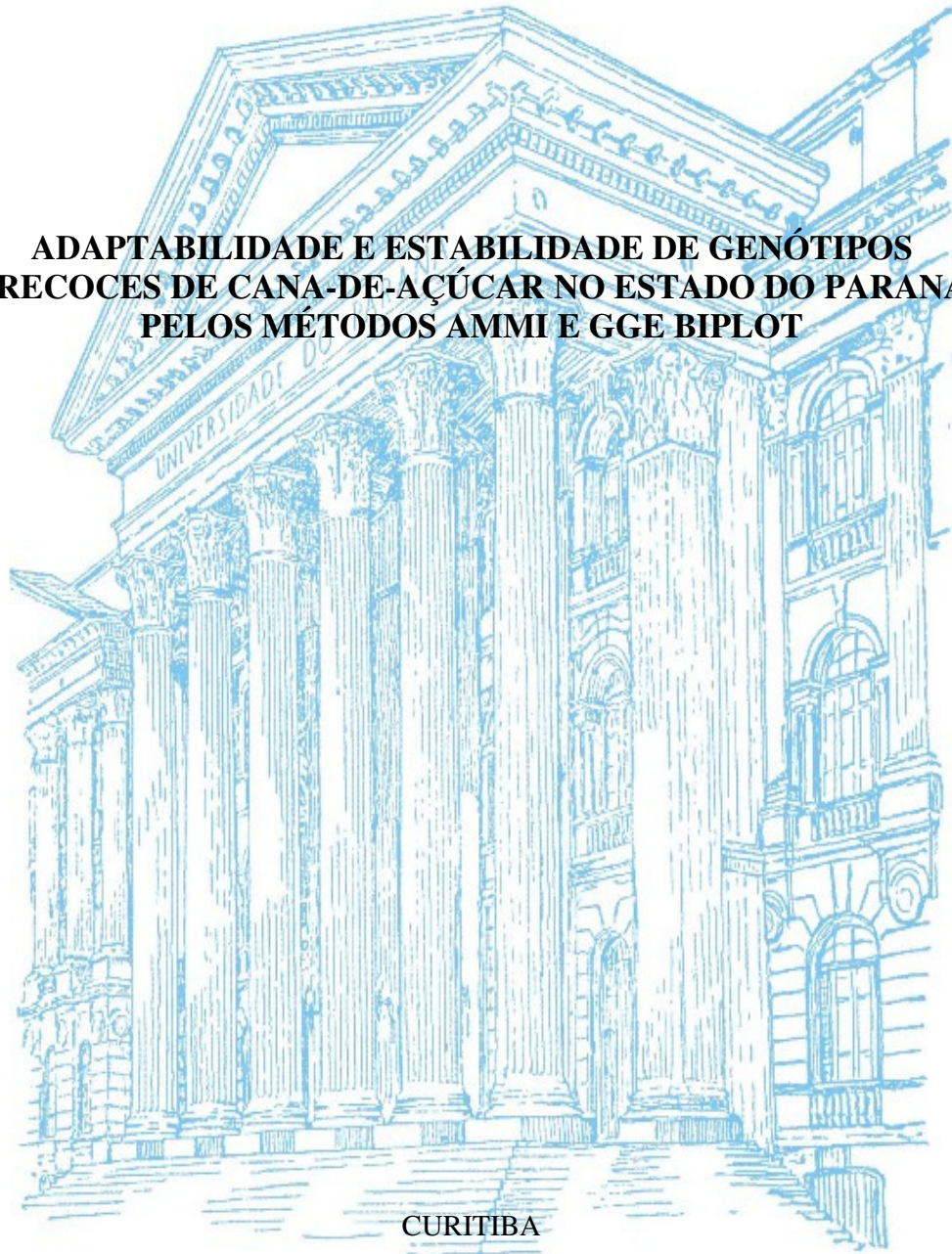


UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

PEDRO HENRIQUE COSTA DE MATTOS

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS  
PRECOSES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ  
PELOS MÉTODOS AMMI E GGE BILOT**



CURITIBA

2012

PEDRO HENRIQUE COSTA DE MATTOS

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS  
PRECOSES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ  
PELOS MÉTODOS AMMI E GGE BILOT**

Dissertação apresentada ao Programa 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. Ricardo Augusto de Oliveira

Co-orientador: Prof. Dr. João Carlos Bessalho Filho e Prof. Dr. Edelclaiton Daros

CURITIBA  
2012

*À minha namorada Paula Cristina Paulon, companheira e amiga de todos os momentos.*

*Aos meus pais Henrique e Rita Mattos, pacientes e atenciosos.*

*Dedico*

*Aos meus queridos pais Henrique e Rita Mattos que nunca mediram esforços para apoiar minha formação.*

*Aos meus queridos familiares, que sempre acreditaram no meu sucesso acadêmico e profissional.*

*Ofereço*

## **AGRADECIMENTOS**

Ao Prof. Ricardo Augusto de Oliveira pela orientação neste trabalho e amizade.

Aos Professores Dr. Edelclaiton Daros, Dr. João Carlos Besspalhok Filho e Dr. José Luis Camargo Zambom pelas contribuições dadas ao longo do curso para o desenvolvimento deste trabalho.

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

Aos técnicos do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR/RIDESA), na pessoa do Prof. Dr. Edelclaiton Daros, pelo fornecimento dos dados da fase experimental, com apoio da Fundação da Universidade Federal do Paraná (FUNPAR) e Usinas e Destilarias do Estado do Paraná. Ao companheiro e amigo Geraldo Viçoso Filho, pela paciência nas idas e vindas, desde os tempos da graduação.

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 de trabalho e estudos na Universidade Federal do Paraná, que foram parceiros em todos os momentos, divertidos ou difíceis, deste caminhar.



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

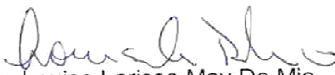


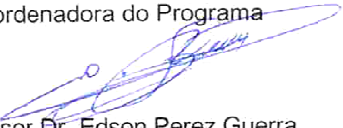
## PARECER

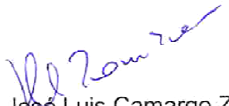
Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Dissertação de MESTRADO, apresentada pelo candidato **PEDRO HENRIQUE COSTA DE MATTOS**, sob o título “**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS PRECOSES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ PELOS MÉTODOS AMMI E GGE BILOT**”, 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.

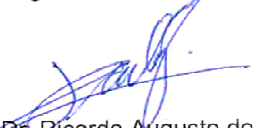
Após haver analisado o referido trabalho e argüido o candidato são de parecer pela “**APROVAÇÃO**” da Dissertação.

Curitiba, 06 de Setembro de 2012.

  
Professora Dra. Louise Larissa May De Mio  
Coordenadora do Programa

  
Professor Dr. Edson Perez Guerra  
Primeiro Examinador

  
Professor Dr. José Luis Camargo Zambon  
Segundo Examinador

  
Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira  
Presidente da Banca e Orientador

## SUMÁRIO

<b>1 – INTRODUÇÃO.....</b>	<b>1</b>
<b>2 - REVISÃO DA LITERATURA .....</b>	<b>3</b>
2.1 - Cultura da Cana-de-açúcar .....	3
2.2 – Histórico da Cultura e do Melhoramento da cana-de-açúcar.....	4
2.3 – Melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil.....	6
2.3.1 – Interação Genótipo x Ambiente .....	7
2.4 – Adaptabilidade e estabilidade em cana-de-açúcar.....	9
<b>3 – AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR E AMBIENTES DE EXPERIMENTAÇÃO NO ESTADO DO PARANÁ VIA GGE BILOT E AMMI.....</b>	<b>13</b>
3.1 – Resumo .....	13
3.2 – Abstract.....	14
3.3 – Introdução .....	15
3.4 – Material e Métodos.....	17
3.5 - Resultados e Discussão.....	20
3.6 – Conclusão:.....	34
3.7 - Referências.....	35
<b>4 – REFERÊNCIAS GERAIS .....</b>	<b>39</b>

## LISTA DE TABELAS

Tabela 3.1 – Lista dos 22 genótipos de cana-de-açúcar da série RB00 em fase FE do programa de melhoramento genético da RIDESA/UFPR.....	17
Tabela 3.2 – Ambientes de produção de cana-de-açúcar no Paraná onde os experimentos estão localizados, com seus respectivos dados de coordenada geográfica, clima predominante e altitude em relação ao nível do mar.....	18
Tabela 3.3 - Análise conjunta de variância de toneladas de pol (TPH) de 22 genótipos em cinco ambientes no Estado do Paraná.....	20
Tabela 3.4 - Proporção da soma dos quadrados da interação genótipo e ambiente (SQGxE) para cada eixo de componentes principais do método GGE Biplot.....	21
Tabela 3.5 - Proporção da soma dos quadrados da interação genótipo e ambiente (SQGxE) para cada eixo de componentes principais do método AMMI.....	21
Tabela 3.6 - Produtividade dos 5 ambientes, ranqueados em ordem decrescente, a partir da produtividade média de TPH dos 22 genótipos de cana-de-açúcar.....	22
Tabela 3.7 - Média de produtividade dos 22 genótipos de cana-de-açúcar, ranqueados em ordem decrescente, nos ambientes testados e média geral.....	23
Tabela 3.8 – Coeficientes de correlação do GGE biplot entre os cinco ambientes testados.....	27

## LISTA DE FIGURAS

Figura 3.1 -. Vista do polígono do GGE biplot representando o gráfico <i>Quem venceu onde</i> , para os 22 genótipos e cinco ambientes de produção. Detalhes de genótipos e ambientes são dados nas tabelas 7. ....	24
Figura 3.2. Gráfico <i>médias x estabilidade</i> do GGE biplot, indicando o ranking de produtividade dos genótipos, mais suas respectivas estabilidades produtivas.....	24
Figura 3.3 - Vista do GGE biplot comparando os genótipos avaliados com a estimativa de um genótipo ideal.....	25
Figura 3.4 - Plotagem dos “escores” dos componentes principais, quanto à indicação dos ambientes de produção, segundo o modelo GGE biplot para o caráter TPH, para 22 genótipos de cana-de-açúcar, cultivadas em 5 ambientes.....	27
Figura 3.5 - Vista do GGE biplot comparando os ambientes avaliados com a estimativa de um ambiente ideal. ....	28
Figura 3.6. - Plotagem dos “escores” dos componentes principais e efeitos principais, segundo o modelo AMMI2 para o caráter TPH, para os 22 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em 5 ambientes.....	30
Figura 3.7 - Plotagem dos “escores” dos componentes principais e efeitos principais, segundo o modelo AMMI1 para o caráter TPH, para 22 genótipos de cana-de-açúcar cultivados em 5 ambientes.....	31

## RESUMO

Os canaviais estão expandindo e ocupando novas áreas em todos os estados produtores no Brasil. Com o melhoramento genético é possível obter ganhos na produtividade e na recuperação de açúcares por tonelada de cana-de-açúcar. Devido a constante liberação de novos cultivares, com ampla adaptabilidade e alta estabilidade, o produtor obteve ganhos em produtividade agrícola e industrial. A interação genótipos x ambientes constitui em um dos maiores desafios dos programas de melhoramento genético, seja na fase de seleção ou na de recomendação de cultivares, este trabalho teve como objetivo avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 20 genótipos de cana-de-açúcar da série RB00 e dois cultivares, RB855156 e RB855453, em cinco ambientes de experimentação no Estado do Paraná, além de estudar a associação de dois métodos estatísticos, AMMI e GGE Biplot, como ferramenta de auxílio de seleção de novos cultivares. A metodologia AMMI apresentou quais genótipos possuem adaptabilidade específica a cada ambiente, tal como a metodologia GGE Biplot, mas a diferença foi que o GGE Biplot agrupou os locais testados em dois mega-ambientes e também apresentou quais os genótipos foram os melhores e os que estiveram entre os melhores, para cada mega-ambiente, facilitando a identificação gráfica e seleção de genótipos superiores. Outra vantagem da metodologia GGE Biplot foi o destaque do genótipo e do ambiente ideal, que serviram de referência para a seleção de genótipos promissores e para a identificação de ambientes que promoveram maior interação GxE. Os resultados obtidos através do modelo AMMI e GGEBiplot, mostraram que o genótipo mais produtivo, em relação ao TPH, foi o RB006970 e os dois cultivares padrões, RB855156 e RB855453 e que o local São Pedro do Ivaí foi o melhor ambiente para seleção de genótipos superiores. Ambas as metodologias apresentaram elevada porcentagem de explicação das soma dos quadrados, tendo a metodologia AMMI uma pequena vantagem sobre o GGE Biplot.

**Palavras-chave:** *Saccharum* spp., Adaptabilidade; Estabilidade; Estratificação Ambiental.

## ADAPTABILITY AND STABILITY OF EARLY SUGARCANE GENOTYPES IN THE STATE OF PARANÁ BY THE METHODS AMMI E GGE BILOT

### ABSTRACT

The expansion of sugarcane cultivations is a reality in Brazil. Cane plantations are expanding, occupying new areas in all of the producing states in Brazil. By genetic improvement, gains in productivity and in recuperation of sugar kilograms per sugarcane tonne are achievable. Due to the constant liberation of new cultivars, characterized by wide adaptability and high stability, producers obtained improvements both in agricultural and industrial productivity. Being aware that the genotype (G) by environment (E) interaction is known as one of the hardest challenges for genetic improvement programs, both in the selection phase and in the cultivars recommendation phase, this work aimed to evaluate the adaptability and phenotypic stability of 20 genotypes of sugarcane from RB00 series and two cultivars, RB855156 and RB855453, in five production environments located in the State of Paraná. Furthermore it aimed to stratify these same five locations and study the association of two statistical methods as instruments to support the selection of new cultivars (AMMI and GGEbiplot). AMMI methodology revealed which genotypes have specific adaptability to each environment, same as GGEbiplot, but the difference was that GGE biplot grouped the tested locations into two mega-environments and also revealed which genotypes were the best and which were among the best, per each mega-environment, facilitating the graphic identification and selection of the superior genotypes. Another advantage of GGE biplot methodology was to define the ideal genotype and environment, used as references to select promising genotypes and to choose environments that promoted the higher GxE interaction. Results obtained through AMMI and GGEbiplot models showed that the most productive genotypes, in terms of TPH, were the RB006970 and the two standard cultivars, RB855156 and RB855453, and that São Pedro do Ivaí location was the best environment for superior genotypes selection. Both methodologies presented high percentage of sum of the squares explanation, having the AMMI methodology a slight advantage over the GGEbiplot.

**Key words:** *Saccharum* spp., Adaptability; Stability; Environment Stratification.

## **1 – INTRODUÇÃO**

Atualmente a cana-de-açúcar ocupa posição de destaque na economia brasileira, sendo utilizada na produção de açúcar e etanol, combustível líquido renovável, substituto de partes dos derivados do petróleo.

Nos últimos anos vem ocorrendo um grande aumento na área plantada com cana no Brasil. Essa expansão ocorre tanto em regiões tradicionais como em novas áreas, com a instalação de destilarias autônomas, inclusive abrangendo locais até então pouco explorados com a cana-de-açúcar, como os cerrados de Goiás, Minas Gerais e Mato Grosso.

A área cultivada com cana-de-açúcar na safra 2011/12 está estimada em 8.368,4 mil hectares, distribuídos em todos estados produtores. O Estado de São Paulo continua sendo o maior produtor com 52,2%, seguido por Minas Gerais com 8,87%, Goiás com 8,1%, Paraná com 7,3%, Mato Grosso do Sul com 5,70%, Alagoas com 5,45% e Pernambuco com 3,89% (CONAB 2012).

A produtividade média brasileira, na safra 2011/12, foi de 68.289 kg/ha, 11,8% menor que a na safra 2010/11. A estiagem ocorrida de abril a outubro de 2010, a escassez de chuvas no mês de maio de 2011, a ocorrência de geadas e o florescimento em excesso de boa parte da lavoura, fizeram a queda da produtividade ser a maior dos últimos anos. A falta de chuvas nos períodos indicados não permitiu o pleno desenvolvimento dos canaviais e provocou o atraso no início da moagem da safra 2011/12 e o período de entre safra ficou maior (CONAB 2012).

Ao analisar o cultivo da cultura de cana-de-açúcar, principalmente comparando com o momento mundial de busca para novas fontes alternativas de combustíveis renováveis, percebe-se a necessidade de encontrar meios para aumentar a produção desta matéria-prima. Visando então suprir as necessidades crescentes desse mercado, os programas de melhoramento genético têm buscado desenvolver novas variedades de cana-de-açúcar mais produtivas, com maior teor de sacarose e precocidade, resistentes a pragas, doenças e estresses abióticos (principais fatores que diminuem a produção de

um canavial). Na cana-de-açúcar, este trabalho baseia-se na seleção e clonagem de genótipos superiores de populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos sexuais entre indivíduos diferentes. Neste processo são realizadas várias e diferentes etapas, começando pela seleção de indivíduos com as características desejadas, cruzamento dos selecionados, obtenção das panículas, semeio das cariopses e seleção dos novos genótipos nas diferentes etapas de seleção. O número de ambientes em que os genótipos são testados aumenta em cada etapa de seleção.

Com melhoramento genético é possível obter ganhos de 30% na produtividade e na recuperação de quilogramas de açúcar por tonelada de cana (BARBOSA *et al.*, 2000). Neste sentido, Landell *et al* (1999) revelou variações consideráveis na tonelada de cana e pol por hectare na mudança de ambientes, constatando significativa e complexa interação entre genótipos e ambientes.

Para minimizar os desafios da instabilidade genotípica, frente aos ambientes de seleção, é recomendável que análises de adaptabilidade e estabilidade sejam realizadas. Para analisar a adaptabilidade e estabilidade, 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).

As características agronômicas e agroindustriais refletem as diferenças genéticas entre os cultivares (RAMALHO, 2001), portanto baseado nestes parâmetros recomendam-se para cada região produtora, com seu respectivo ambiente de produção, o cultivar de melhor desempenho (BASSINELO *et al*, 1984; LANDELL E BRESSIANI 2008).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 20 genótipos de cana-de-açúcar da série RB00 e dois cultivares, RB855156 e RB855453, em cinco ambientes de produção no Estado do Paraná, além de estudar a associação de dois métodos estatísticos, AMMI e GGE Bilpot, como ferramenta de auxílio de seleção de novos cultivares.

## 2 - REVISÃO DA LITERATURA

### 2.1 - Cultura da Cana-de-açúcar

Segundo a classificação de Cronquist (1981) a cana-de-açúcar é uma planta pertencente à divisão das Magnoliophytas, classe Magnoliopsida, da ordem das Graminales, dentro da família das Poaceas e gênero *Saccharum*. Podemos citar seis espécies mais estudadas do gênero, *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. sinensis*, *S. barberi* e *S. robustum*, sendo que a cana-de-açúcar cultivada atualmente é um híbrido, originada por uma série de cruzamentos interespecíficos e que apresenta alto teor de açúcar e baixa porcentagem de fibras (MOZAMBANI *et al.* 2006)

As principais características morfológicas dessa cultura são: A forma da inflorescência que desenvolve um conjunto de flores, inseridas em ramificações secundárias e terciárias, de uma haste principal ou raque, formando uma panícula aberta; O crescimento do caule em colmos, que é a parte da planta que fica acima do solo, sustentando as folhas e panículas, e é dividido em entrenós e nós. O entrenó é a parte do colmo que se situa entre dois nós, podendo ter várias formas, cores e tamanhos dependendo do genótipo e condições ambientais, e é onde as reservas nutricionais da planta são acumuladas; Os nós são regiões muito importantes, tanto para a propagação vegetativa da cultura quanto para a descrição de variedades, é nesta região que encontramos a gema, o anel de crescimento, a cicatriz foliar e a zona radicular. As folhas são ligadas ao colmo, na região do nó, formando duas fileiras opostas e alternadas ao longo do colmo. A folha é constituída de lâmina foliar, bainha e colar (MOZAMBANI *et al.*, 2006).

A cana-de-açúcar é uma planta de metabolismo fotossintético C4 e é considerada altamente eficiente na conversão de energia radiante em energia química, com taxas fotossintéticas calculadas em até 100 mg de CO<sub>2</sub> fixado por dm<sup>2</sup> de área foliar por hora. Entretanto, esta alta atividade fotossintética, não se correlaciona diretamente com a elevada produtividade de biomassa. A grande capacidade da cana-de-açúcar, para a produção de matéria orgânica, reside na alta taxa de fotossíntese por unidade de superfície de terreno, que é influenciado pelo Índice de Área Foliar (IAF). Além disso, o

longo ciclo de crescimento da planta resulta em elevadas produções de matéria seca (RODRIGUES, 1995).

A cana é cultivada numa ampla faixa de latitude, desde cerca de 35° N a 30° S e em altitudes que variam desde o nível do mar até 1.000 metros, em cerca de 79 países. O rendimento econômico da cana-de-açúcar é dado pela produção de sacarose (o componente mais valioso), além de açúcares não redutores utilizados para formar o melaço e também a fibra, que pode ser utilizada como fonte de energia para a própria usina. O processamento industrial da cana pode também ser dirigido para a produção de álcool, para utilização como combustível e a partir daí, toda a alcoolquímica (RODRIGUES, 1995).

## 2.2 – Histórico da Cultura e do Melhoramento da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é proveniente da Nova Guiné e foi levada para o Sul da Ásia, onde foi usada, de início, em forma de xarope. A propagação da cultura no norte da África e sul da Europa deve-se aos árabes, na época das invasões, que propagaram a cultura nas margens do mar Mediterrâneo. Típica de climas tropicais e subtropicais, a planta não correspondeu às tentativas para cultivá-la na Europa (MATTIUZ, *et al*, 2006).

Com vantagens climáticas, foi a América que ofereceu a cana-de-açúcar excelentes condições para seu desenvolvimento. No Brasil, há indícios de que o cultivo da cana-de-açúcar seja anterior à época dos descobrimentos, mas seu desenvolvimento se deu posteriormente, com a criação de engenhos e plantações com mudas trazidas pelos portugueses (MATTIUZ, *et al*, 2006).

Por volta de 1850, houve um intercâmbio muito intenso de material genético, de diferentes espécies de cana-de-açúcar entre as várias equipes de melhoristas da época, o que resultou na disseminação de doenças endêmicas que eram circunscritas apenas a determinadas áreas. Foi por esse motivo que se iniciou um processo mais acurado de observações nas estações de introdução de cada região. Doenças e pragas já causaram danos catastróficos a canaviais, o que estimulou cada vez mais o início das pesquisas e surgimento de programas de melhoramento genético (CENISK E MIOCQUE,2004).

Soltweld, em 1887, realizou na ilha de Java o primeiro cruzamento de cana-de-açúcar do mundo. Ele demonstrou a viabilidade do melhoramento genético da cultura, por intermédio de cruzamentos controlados (CENISK E MIOCQUE,2004).

O melhoramento genético, de um modo geral, consiste em uma técnica que envolve a melhoria dos cultivos agrícolas através de vários métodos desenvolvidos em função dos avanços da genética, como seleção, hibridação, indução artificial de mutações e outros. A etapa principal de qualquer programa de melhoramento é a fase de avaliação de cultivares, com vistas à identificação e recomendação de materiais superiores (CENISK E MIOCQUE, 2004).

As variedades de cana-de-açúcar podem ser poliploides e aneuplóides, variando de 80 a 130 cromossomos. O nível de heterozigosidade de todas as variedades de cana-de-açúcar é alto e o número básico de cromossomos é 10x. Estes aspectos genéticos variáveis tornam complexo o melhoramento da espécie (BORÉM *et al.*, 2010). Com exceção de *S. edule* Hassk ( $2n = 60-80$ ), todas as demais espécies - *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl ( $2n = 60-205$ ), *S. barberi* Jeswiet ( $2n = 81-124$ ) e *S. sinense* Roxb. ( $2n = 111-120$ ) - podem estar participando no genoma dos híbridos interespecíficos atualmente cultivados (MATSUOKA *et al.*, 1999).

As primeiras estações experimentais de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil foram: em Pernambuco, a estação de Escada, ativa entre 1913 e 1924, a estação experimental de Campos, no Rio de Janeiro, entre 1916 e 1972, Barreiros, na Bahia, atuando entre 1924 e 1933; Curado, em Recife, Pernambuco, entre os anos de 1933 e 1974; o Instituto Agrônômico de Campinas, em São Paulo, iniciado em 1935 e ativo até os dias atuais, com as variedades de prefixo IAC; e o Programa de Melhoramento da Coopersucar, iniciado em 1968 a partir da Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo, com as variedades SP.

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. (BARBOSA e SILVEIRA, 2010; PEDROZO, 2006).

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil são: o tradicional programa do Instituto Agrônomo de Campinas – IAC; o do Centro de Tecnologia Canavieira – CTC; o das universidades federais que compõem a Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA; e o programa mais recente, Canavialis (Monsanto) (PEDROZO, 2006; BARBOSA e SILVEIRA, 2010).

### 2.3 – Melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil

Apesar de existirem diferenças nos detalhes sobre como os programas de melhoramento do Brasil e do mundo conduzem suas atividades, há alguns pontos em comum. Em essência, o melhoramento baseia-se na seleção e clonagem de genótipos superiores presentes em populações segregantes, que são obtidas através de cruzamentos sexuais entre indivíduos diferentes. O sucesso desses processos depende de vários fatores, dentre os quais a escolha adequada dos genitores de forma a maximizar a chance de obter ganhos com a seleção, a instalação de experimentos com boa precisão experimental, a escolha correta dos caracteres e épocas de avaliação. A cana-de-açúcar necessita de condições específicas de latitude, altitude, temperatura, umidade e luminosidade para o florescimento natural (ARIZONO *et al.*, 2005). Essas condições são encontradas naturalmente, por exemplo, na região nordeste, onde empresas de melhoramento possuem suas estações de cruzamento (ZAMBON E DAROS, 2005).

Anualmente, os programas de melhoramento geram populações segregantes formadas de milhares de plântulas, as quais serão posteriormente submetidas à seleção. O número de plântulas (ou *seedlings*) varia de acordo com o programa, e depende de fatores técnicos e econômicos. Essas populações segregantes são então submetidas à seleção em diferentes etapas. (ARIZONO *et al.*, 2005).

A variabilidade genética disponível para seleção provém de cruzamentos sexuais e pode ser realizada de diferentes maneiras (MATSUOKA *et al.*, 1999): cruzamentos

biparentais, policruzamentos e polinização livre. Em termos genéticos, os cruzamentos devem ser planejados de tal maneira que seja maximizada a probabilidade de seleção de genótipos que podem ser liberados como cultivares comerciais. Para tanto, uma alternativa bastante usada consiste em se escolher como genitores materiais com boa performance para características de interesse econômico (MATSUOKA *et al.*, 1999), o que evidentemente ocorre para os cultivares usados comercialmente. Vale ressaltar que isso pode levar a um estreitamento da base genética (LIMA *et al.*, 2002).

Nas etapas iniciais de seleção há muitas variações sobre como os programas de melhoramento as conduzem, principalmente com relação às taxas de seleção, tamanhos de parcela, número de locais e repetições (SIMMONDS, 1979; SKINNER *et al.*, 1987;). De forma geral considera-se a seleção com baixa intensidade em etapas iniciais, realizando-a apenas para os caracteres de alta herdabilidade. Ocorre aumento da intensidade de seleção à medida que a precisão experimental aumenta. As recomendações de cultivo só ocorrem quando houver muitos resultados experimentais, em diferentes locais e anos de cultivo (MATSUOKA *et al.*, 1999)

Na etapa de avaliações de clones em experimentos com repetições, os genótipos selecionados são comparados com base em delineamentos estatísticos apropriados. Em função do elevado número de genótipos sob avaliação e do reduzido número de colmos para instalar experimentos maiores, normalmente as parcelas são pequenas, em apenas uma repetição, local e época de avaliação. É muito comum usar nessa etapa os blocos casualizados aumentados. Outros caracteres que não foram avaliados na etapa anterior são agora considerados, e comumente são feitas também avaliações da capacidade de rebrota. (SKINNER *et al.*, 1987; ARIZONO *et al.*, 1994; MATSUOKA *et al.*, 1999; ZAMBON E DAROS 2005).

### 2.3.1 – Interação Genótipo x Ambiente

Em um determinado ambiente (E), a manifestação fenotípica é o resultado da ação do genótipo (G) sob influência do meio. Entretanto, quando se considera uma série de ambientes, como é o caso dos experimentos dos programas de melhoramento, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação destes (GxE). As causas da interação têm sido atribuídas a fatores fisiológicos e bioquímicos próprios de cada genótipo cultivado (CRUZ *et al.*, 2001).

Efeitos significativos de interações GxE 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 GxE, 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.*, 2001).

As interações podem ser caracterizadas em simples ou complexa. É definido como interação simples, aquela em que se verificam apenas diferenças de variabilidade entre os genótipos nos ambientes em que estes estão sendo avaliados. 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. As interações complexas são caracterizadas pela falta de correlação entre os genótipos em relação aos ambientes em que estes estão sendo avaliados (CRUZ *et al.*, 2001). 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).

Para contornar os inconvenientes proporcionados pela interação GxE, recomenda-se a estratificação das regiões de plantio da cana-de-açúcar em sub-regiões mais homogêneas (CRUZ *et al.*, 2001).

A estratificação de ambientes é de suma importância no estudo da interação genótipo x ambiente (GxE), principalmente, quando se quer verificar se, entre os ambientes da rede experimental, há padrões de similaridade de resposta entre as cultivares avaliadas. Isso possibilita avaliar o grau de representatividade dos ensaios na faixa de adaptação da cultura, agrupar ambientes em que a interação genótipo x ambiente seja não significativa, e assim decidir, seja por problemas técnicos ou por escassez de recursos, sobre a eliminação de ambientes de experimentação (CRUZ *et al.*, 2001).

Sendo assim, o processo de estratificação ambiental consiste na subdivisão de regiões heterogêneas em sub-regiões mais uniformes, onde se exclui qualquer interação GxE significativa ou, em outras situações, uma interação significativa com predominância de porções simples, ou seja, que não comprometa a recomendação de

cultivares. Busca-se, assim, reunir ambientes de classificação genotípica similar, independentemente da qualidade ambiental (OLIVEIRA *et al.*, 2005).

Segundo Kang (1998), ensaios em vários ambientes produzem as melhores estimativas dos componentes de variância, tornando possível identificar cultivares com desempenho consistente de local para local (variabilidade espacial) e de ano para ano (variabilidade temporal).

A análise de dados de ensaios multiambientais deve incluir três aspectos principais: (i) análise de mega- ambiente, (ii) avaliação dos ambientes testes, e (iii) avaliação do genótipo (YAN *et al.*, 2007).

O propósito da estratificação de ambientes segundo Yan *et al.* (2002) é identificar ambientes testes para uma seleção efetiva de genótipos superiores para uma mega-ambiente. Um ambiente de teste ideal deve ser tanto discriminatório para os genótipos e quanto representante do mega-ambiente. A avaliação dos ambientes deve relacionar às seguintes questões: O ambiente é capaz de discriminar os genótipos? Ele é capaz de fornecer informações o suficiente sobre a diferença entre os genótipos? Ele é representativo para o mega ambiente? Ele fornece informações exclusivas sobre os genótipos?

#### 2.4 – Adaptabilidade e estabilidade em cana-de-açúcar

Deve-se ressaltar que a interação entre genótipos e ambientes 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 ambientes (LAVORANTI, 2003).

Entretanto, uma vez constatado o efeito significativo da interação GxE, 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.*, 2001).

Então, nas fases finais dos experimentos de um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar é realizado um estudo da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos selecionados e avaliação dos ambientes testados. Há dificuldades em definir o significado dos termos de adaptabilidade e estabilidade, tendo em vista suas diversas definições, dadas por diferentes autores. Conceitua-se que a adaptabilidade consiste na capacidade de os genótipos responderem vantajosamente à melhoria do ambiente (MARIOTTI *et al.*, 1976) ou que é a capacidade de os genótipos apresentarem rendimentos elevados e constantes em ambientes desfavoráveis, mas com habilidade de responder à melhoria das condições ambientais (VERMA *et al.*, 1978). Para estabilidade define-se como a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento altamente previsível em função das variações ambientais (MARIOTTI *et al.*, 1976) ou como a previsibilidade de sua adaptabilidade, ou seja, como o ajuste do genótipo ao modelo estatístico adotado (VERMA *et al.*, 1978).

Há diversos métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade para avaliação de um grupo de materiais genotípicos, testados numa série de ambientes contrastantes e que apresentem interação GxE. A escolha do método para análise depende dos dados experimentais, do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida e tipo de informação desejada. As definições citadas são calculadas a partir de variáveis colhidas a campo e inseridas em modelos matemáticos voltados para a experimentação agrícola (CRUZ *et al.*, 2001).

O papel da experimentação é conhecer os fenômenos naturais, para que relações sejam estabelecidas e leis explicativas sejam propostas. Torna-se necessário então, entender o comportamento das variáveis responsáveis pelos fenômenos, manipulando e controlando essas variáveis. A universalidade das explicações científicas implica em uma padronização metodológica, ou seja, uma avaliação estatística dessas variáveis, para reduzi-las, explorá-las e finalmente inferir sobre seu comportamento (FERREIRA, 2008).

A Estatística univariada procura fazer inferências sobre a realidade reduzindo o número de variáveis e trabalhando com cada uma de maneira isolada. A análise Univariada é indicada em caso de variáveis independentes entre si, quando é possível interpretar um fenômeno complexo através do comportamento de poucas variáveis que não estabelecem relações mútuas (exemplo: medidas de tendência central e de dispersão

dos dados). As técnicas estatísticas Univaridades não são suficientes quando um fenômeno depende de muitas variáveis e existem relações que produzem efeitos mútuos, antagônicos ou sinérgicos entre essas variáveis (FERREIRA, 2008).

Zobel et al. (1988) também reforçam a tese de que procedimentos univariados como a análise de variância tenham limitações em detectar interações de fatores, mesmo em situações de elevada magnitude em termos de soma dos quadrados. Acrescentam também, que a regressão linear também explica, na maioria das vezes, apenas uma pequena porção da soma dos quadrados. Concluíram, então, que só uma análise apropriada permitiria captar padrões agrônômicos e estatisticamente importantes presentes na interação GxE, e que os métodos multivariados mostraram-se bastante promissores neste sentido. Baseado nessas considerações, verifica-se na literatura o uso frequente dos métodos univariados de Eberhart e Russell (1966) e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998)

A análise Multivariada é uma ferramenta estatística que apresenta uma visão global do fenômeno, pois estuda as relações entre as variáveis e como seus efeitos determinam o comportamento das variáveis e a totalidade do fenômeno (FERREIRA, 2008). Tal análise também é definida como um conjunto de métodos estatísticos e matemáticos, destinada a descrever e interpretar os dados que provém da observação de várias variáveis estudadas conjuntamente e algumas estruturas de correlação (JOHNSON e WICHERN, 2006).

Em relação à estatística multivariada, também cabe ressaltar a importância do conhecimento computacional, uma vez que, os mais diversos métodos de análises multivariadas são desenvolvidos em softwares estatísticos, o que facilita muito o trabalho do pesquisador. São muitas as técnicas de produção de uma análise multivariada, e cada uma com sua finalidade específica. Sendo assim, a técnica a ser aplicada vai depender daquilo que o pesquisador pretende afirmar em relação aos seus dados. Algumas técnicas são utilizadas para predizer, outras para otimizar, outras para resumir, cada uma com seus respectivos métodos e aplicabilidades (YAN *et al.*, 2000)

Um dos métodos de avaliação mais recente, que também permite inferências dessa natureza, é a chamada análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*), que significa modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa. Este modelo combina técnicas estatísticas, como a análise de variância e

a análise de componentes principais, para ajustar, respectivamente, os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação GxE (DUARTE E VENCOVSKY, 1999).

Adaptado por Zobel et al. (1988) e modificado por Gauch (1992), o AMMI tem como principal objetivo modelar os efeitos da interação através de um modelo de componentes principais. Esta análise multivariada combina, em um único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais (genótipos e ambientes) e componentes multiplicativos para os efeitos da interação GxE (DUARTE E VENCOVSKY, 1999; FERREIRA *et al.*, 2006).

A análise AMMI é possível identificar genótipos de alta produtividade e amplamente adaptados. Também é possível a realização do chamado zoneamento agrônômico, com fins de recomendação regionalizada e de seleção de locais de teste (GAUCH e ZOBEL, 1996).

Yan *et al.* (2000) propôs um outro método, nomeado GGEbiplot, que permite a análise visual da interação genótipo ambiente de dados de ensaios multiambientais. O GGE biplot enfatiza dois conceitos. Em primeiro lugar, embora o rendimento medido é o efeito combinado do genótipo (G), ambiente (E), e da interação de ambos (GxE), apenas G e GxE são relevantes, e devem ser considerados simultaneamente, na avaliação de genótipo, daí o termo GGE. Em segundo lugar, a técnica biplot, desenvolvido por Gabriel (1971), é empregue para aproximar e exibir o GGE de um ensaio multiambiental, daí o termo GGEbiplot.

Os gráficos do GGE biplot visualizam três aspectos importantes: primeiro, a relação entre genótipo e ambiente, permitindo o agrupamento de genótipos e ambientes com comportamentos semelhantes, mostrando o genótipo com maior potencial e sua identificação em cada subgrupo de ambientes (mega-ambientes); Em segundo, a inter-relação entre ambientes, facilitando a identificação do melhor ambiente na avaliação das cultivares e indicando qual ambiente pode ser menos favorável; e em terceiro, a inter-relação entre genótipos, facilitando a comparação dos genótipos e do ordenamento (“ranking”) para os parâmetros de rendimento e estabilidade (YAN, 2001; YAN e RAJCAN, 2002).

## CAPÍTULO

# AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR E AMBIENTES DE EXPERIMENTAÇÃO NO ESTADO DO PARANÁ VIA GGE BILOT E AMMI

### **3 – AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR E AMBIENTES DE EXPERIMENTAÇÃO NO ESTADO DO PARANÁ VIA GGE BIPLLOT E AMMI**

#### **3.1 – Resumo**

O objetivo deste trabalho foi estudar a adaptabilidade e a estabilidade de genótipos de cana-de-açúcar, considerando toneladas de pol por hectare (TPH) e avaliar cinco ambientes de experimentação no Estado do Paraná. Foram analisados 20 genótipos da série RB00 e dois cultivares, RB855453 e RB855156, em cana planta, primeira soca e segunda soca. As avaliações foram realizadas pelos métodos estatísticos AMMI e GGE Biplot. O GGE Biplot agrupou os locais testados em dois mega-ambientes e também apresentou quais os genótipos foram os melhores e os que estiveram entre os melhores, para cada grupo de ambientes, facilitando a identificação e seleção de genótipos superiores. Outra vantagem do GGE Biplot foi a representação do genótipo e do ambiente ideal, que serviram de referência para a seleção de genótipos promissores e para a escolha de ambientes que promoveram maior interação GxE. Os resultados de ambos os modelos, mostraram que o genótipo mais produtivo, em relação ao TPH, foi o RB006970 e os dois cultivares, RB855156 e RB855453 e que o local São Pedro do Ivaí foi o melhor ambiente para seleção de genótipos superiores. As duas metodologias apresentaram elevada porcentagem de explicação das soma dos quadrados, tendo a metodologia AMMI uma pequena vantagem sobre o GGE Biplot.

**Palavras-chave:** *Saccharum* spp., Adaptabilidade; Estabilidade; Estratificação Ambiental.

## 3.2 – Abstract

EVALUATION OF SUGARCANE GENOTYPES IN THE STATE OF PARANÁ,  
VIA AMMI AND GGEBILOT METHODS

The aim of this work was to evaluate sugarcane genotypes, considering tonnes of Pol per hectare (TPH), stratifying five production environments in Paraná. Twenty genotypes and two standards were analyzed, during three consecutive harvests. Statistical methods used were AMMI and GGEBiplot. GGEBiplot grouped all locations into two mega-environments and revealed which genotypes were among the best per each mega-environment, facilitating the selection of superior genotypes. Another advantage of GGEBiplot was to define the ideal genotype (G) and environment (E), which were used as references to evaluate remaining genotypes and to choose the environments with higher GxE interaction. Both models showed that the most productive genotypes in terms of TPH were: RB006970, RB855156 and RB855453, and that São Pedro do Ivaí environment showed the highest GxE interaction. Both methodologies presented an high percentage of sum of the squares explanation, having the AMMI methodology a slight advantage over the GGEBiplot.

**Key words:** *Saccharum* spp., Adaptability; Stability; Environment Stratification.

### 3.3 – 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. 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 2012).

Visando então suprir as necessidades crescentes desse mercado, os programas de melhoramento genético têm buscado desenvolver novas variedades de cana-de-açúcar mais produtivas, com maior teor de sacarose e precocidade, resistentes a pragas, doenças e estresses abióticos (principais fatores que diminuem a produção de um canavial) (CENISK e MIOCQUE, 2004).

A cana-de-açúcar, como outras plantas cultivadas, tem o seu desenvolvimento afetado pelos efeitos de ambiente (E), genótipo (G) e da interação entre ambos (GxE), sendo o último efeito o que promove significativas diferenças no desempenho das cultivares quando estas são cultivadas em diferentes locais (MOHAMMADI *et al.*, 2007).

A interação genótipos x ambientes (G x E) corresponde então como um dos principais desafios para a seleção de genótipos e a recomendação final de cultivares para grandes regiões geográficas (CRUZ *et al.*, 2001).

A estratificação de ambientes é de suma importância no estudo da integração genótipo x ambiente (GxE), principalmente, quando se quer verificar se, entre os ambientes da rede experimental, há padrões de similaridade de resposta entre as cultivares avaliadas. Isso possibilita avaliar o grau de representatividade dos ensaios na faixa de adaptação da cultura, agrupar ambientes em que a interação genótipo x ambiente seja não significativa, e assim decidir, seja por problemas técnicos ou por escassez de recursos, sobre a eliminação de ambientes de experimentação (CRUZ *et al.*, 2001).

Um dos métodos de avaliação mais recente, que também permite inferências dessa natureza, é a chamada análise AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*), que significa modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa. Este modelo combina técnicas estatísticas, como a análise de variância e a análise de componentes principais, para ajustar, respectivamente, os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação GxE (DUARTE e VENKOVSKY 1999).

Yan *et al.* (2000) propuseram um outro método, nomeado GGE Biplot, que permite a análise visual da interação genótipo ambiente de dados de ensaios multiambientais. O GGE biplot enfatiza dois conceitos. Em primeiro lugar, embora o rendimento medido é o efeito combinado do genótipo (G), ambiente (E), e da interação de ambos (GxE), apenas G e GxE são relevantes, e devem ser considerados simultaneamente, na avaliação de genótipo, daí o termo GGE. Em segundo lugar, a técnica biplot, desenvolvido por Gabriel (1971), é empregue para aproximar e exibir o GGE de um ensaio multiambiental, daí o termo GGE Biplot.

Recentemente vários métodos foram utilizados simultaneamente para avaliar genótipos e ambientes de produção de diferentes culturas (SILVA E DUARTE, 2006; CARGNELLUTI FILHO *et al.*, 2007; MELO *et al.*, 2007; SILVA FILHO *et al.*, 2008; PEREIRA *et al.*, 2009; GUERRA *et al.*, 2010; GOUVÊA *et al.* 2011; NUNES *et al.*, 2011). O AMMI, simultaneamente com o GGE Biplot, foi utilizado em poucos trabalhos com a cana-de-açúcar. Das outras culturas, como exemplos, tem-se a avaliação da cultura do Trigo (KAYA *et al.* 2006; YAN *et al.*, 2007), da soja (ASFAW *et al.*, 2009), do sorgo (RAO *et al.*, 2011) e da cenoura (SILVA *et al.*, 2012).

Avaliando a eficiência destes dois métodos, AMMI e GGE Biplot, hora evidenciam a superioridade da metodologia GGE Biplot e hora da metodologia AMMI (YAN *et al.*, 2000; GAUCH *et al.*, 2006; YAN *et al.*, 2007; GAUCH *et al.*, 2008; ASFAW *et al.*, 2009; NAMORATO *et al.*, 2009).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 20 genótipos de cana-de-açúcar da série RB00 e dois cultivares, RB855156 e RB855453, em cinco ambientes de produção no Estado do Paraná, a partir de dois métodos estatísticos, AMMI e GGE Biplot.

### 3.4 – Material e Métodos

Foram avaliados 22 genótipos, sendo 20 clones RB (República do Brasil) de ciclo de maturação precoce da Série RB00, mais duas variedades como padrões (testemunhas): RB855156 e RB855453. Os ensaios foram conduzidos em cinco locais no Estado do Paraná, em fase final de experimentação (FE), no período de 2009/10, 2010/11 e 2011/12 em cana planta, primeira soca e segunda soca. Os dados utilizados para o cálculo e interpretação da interação genótipo x ambiente (GxE) foram obtidos de experimentos do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná com a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (PMGCA/UFPR/RIDESA).

TABELA 3.1 – LISTA DOS 22 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR DA SÉRIE RB00 EM FASE FE DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA RIDESA/UFPR

SIGLA	GENÓTIPO	SIGLA	GENÓTIPO
G1	RB005916	G12	RB006972
G2	RB005918	G13	RB006973
G3	RB005924	G14	RB006974
G4	RB005935	G15	RB006976
G5	RB005968	G16	RB006981
G6	RB005971	G17	RB006984
G7	RB005982	G18	RB006988
G8	RB005987	G19	RB006991
G9	RB005991	G20	RB006992
G10	RB006970	G21 (T)	RB855156
G11	RB006971	G22 (T)	RB855453

G – genótipo, T – Testemunha utilizada como padrão experimental.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento experimental em blocos casualizados, com três repetições, em parcelas de quatro linhas de 8,0 m de comprimento e 1,40 m de espaçamento, totalizando 44,8 m<sup>2</sup> para cada parcela experimental. O plantio foi realizado em março de 2009, com 18 gemas por metro linear. A colheita da cana planta foi feita em abril de 2010, da primeira soca em abril de 2011 e da segunda soca em abril de 2012. Na época da colheita, três amostras de 15

colmos, sem os ponteiros, foram colhidas por parcela, sem queimar a cana-de-açúcar, retiradas dos dois sulcos centrais e, na frente e no fundo da parcela, desprezou-se 1,00 m a título de bordadura. As amostras foram utilizadas para estimação da massa média de um colmo (MIC) e do caractere pol cana (PC) em análise laboratorial. Também neste período foi realizada a contagem do número de colmos por parcela, para definir o valor médio do número de colmos por metro (NCM). Tais valores foram utilizados para definir os caracteres de tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de pol por hectare (TPH), seguindo as fórmulas:  $TCH = NCM \times MIC \times 7.142$ , onde 7.142 refere-se ao número de metros lineares por hectare, em experimentos com 1,40 m de espaçamento entre sulcos, e  $TPH = (TCH \times PC) / 100$ .

TABELA 3.2 – AMBIENTES DE PRODUÇÃO DE CANA-DE-AÇÚCAR NO PARANÁ ONDE OS EXPERIMENTOS ESTÃO LOCALIZADOS, COM SEUS RESPECTIVOS DADOS DE COORDENADA GEOGRÁFICA, CLIMA PREDOMINANTE E ALTITUDE EM RELAÇÃO AO NÍVEL DO MAR.

Sigla	Município	Coordenada	Clima	Altitude
COL	Colorado	22°50'S, 51°54'W	cfa*	400
BAN	Bandeirantes	23°06'S, 50°22'W	cfa*	492
GOI	Goioerê	24°10'S, 53°01'W	cfa*	550
SPI	São Pedro do Ivaí	23°52'S, 51°41'W	cfa*	401
AST	Astorga	23°05'S, 51°36'W	cfa*	634

\*Clima "Cfa" se caracteriza por apresentar chuvas durante todos os meses do ano e possuir a temperatura do mês mais quente superior a 22°C, e a do mês mais frio superior a 3°C, definido por Koepen,(IAPAR, 1994).

Após a obtenção dos resultados de TPH, foram realizadas análises de variância Köeppen para cada ambiente de produção, em cana planta, primeira soca e segunda soca. Uma vez detectada a diferença entre os tratamentos, realizou-se a análise de variância conjunta, obtendo-se informação única para interpretações. Após a verificação da existência de interação GxE (teste F significativo) pela análise de variância conjunta, procedeu-se a análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica pela metodologia AMMI (ZOBEL *et al.*, 1988) e GGEBiplot (YAN *et al.*, 2000).

A primeira avaliação foi feita pelo GGEBiplot (YAN *et al.*, 2000) que é embasado no seguinte modelo:

$$Y_{ij} - y_j = y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1} + y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:  $Y_{ij}$  representa o rendimento médio da  $i$ -ésima população no  $j$ -ésimo ambiente;  $y_j$  é a média geral das populações no ambiente  $j$ ;  $y_1 \varepsilon_{i1} \rho_{j1}$  é o primeiro componente principal (IPCA1);  $y_2 \varepsilon_{i2} \rho_{j2}$  é o segundo componente principal (IPCA2);  $y_1, y_2$  são os autovalores associados ao IPCA1 e IPCA2, respectivamente;  $\varepsilon_{i1}$  e  $\varepsilon_{i2}$  são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, da  $i$ -ésima população;  $\rho_{j1}$  e  $\rho_{j2}$  são os escores do primeiro e segundo componente principal, respectivamente, para o  $j$ -ésimo ambiente;  $\varepsilon_{ij}$  é o erro do modelo associado com a  $i$ -ésima população e  $j$ -ésimo ambiente (YAN E KANG, 2002).

A segunda avaliação foi feita pelo modelo AMMI (ZOBEL *et al.*, 1988) seguindo o modelo descrito por Duarte e Vencovsky (1999):

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + \varepsilon_{ij};$$

Em que:  $Y_{ij}$  é a resposta média do genótipo  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, G$  genótipos) no ambiente  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, A$  ambientes);  $\mu$  é a média geral dos ensaios;  $g_i$  é o efeito fixo do genótipo  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, g$ );  $a_j$  é o efeito aleatório do ambiente  $j$  ( $j=1, 2, \dots, a$ ). A interação GxE 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);  $\gamma_{ik}$  é o valor singular do  $i$ -ésimo genótipo no  $k$ -ésimo IPCA;  $\alpha_{jk}$  é o valor singular do  $j$ -ésimo ambiente no  $k$ -ésimo IPCA;  $\rho_{ij}$  é o valor singular do  $i$ -ésimo genótipo no  $k$ -ésimo IPCA;  $k$  são as raízes características não nulas,  $k = [1, 2, \dots, \min(g-1, e-1)]$ . O item  $\rho$  é o resíduo da interação G x E ou resíduo AMMI (ruído presente nos dados);  $\varepsilon$  é o erro experimental médio, assumido independentemente.

### 3.5 - Resultados e Discussão

A análise conjunta mostrou que a produtividade dos genótipos de cana-de-açúcar foram significativamente afetados pelo ambiente (E), que explicou 70.5% do total da variação fenotípica (G+E+GxE), enquanto as características genotípicas (G) e a interação entre genótipo e ambiente (GxE), que foram significativos para teste  $P < 0.0001$ , explicaram 10.43 e 10% , respectivamente, da variação total (Tabela 3.3). Gauch e Zobel (1996) relataram que, em ensaios multi-ambientais, é normal o ambiente (E) explicar até 80% da variação, enquanto o genótipo (G) e a interação do genótipo com o ambiente (GxE) representarem por volta de até 10 a 15% da variação cada.

A análise de variância também mostrou que as fontes de variação, genótipo, ambiente e interação GxA, foram significativos para a variável analisada (Tabela 3.3). Esse resultado indica que os genótipos apresentaram comportamento diferenciado conforme as mudanças proporcionadas pelos ambientes.

TABELA 3.3 - ANÁLISE CONJUNTA DE VARIÂNCIA DE TONELADAS DE POL POR HECTARE (TPH) DE 22 GENÓTIPOS EM CINCO AMBIENTES NO ESTADO DO PARANÁ.

	GL	SQ	QM	F	P	SQ%
Genótipo	21	996,22	47,44	3,10	0,00001	10,43
Ambiente	4	6731,36	1682,84	111,50	0,00001	70,50
Gen x Amb.	84	1820,95	21,68	1,40	0,00001	10,00
Bloco/Amb.	10	190,19	19,02	1,30	0,22	
Erro	870	13125,07	15,09			
TOTAL	989	22863,79				
Média	12,89					
Erro Padrão	3,88					
CV%	30,13					

Significativo a  $P < 0.0001$ , GL – grau de liberdade, SQ – soma dos quadrados, QM – quadrado médio, SQ% - porcentagem da soma dos quadrados explicada, CV% - coeficiente de variação.

Para as porcentagens de explicação dos eixos de interação, dos modelos AMMI e GGE Biplot, observa-se que os dois primeiros componentes principais explicaram 78.2 e 74.5% da variação, respectivamente (Tabela 3.5 e 3.6). Este resultado está acima do que foi encontrado por Guerra *et al.* (2009) e Veríssimo *et al.* (2012) que trabalharam com a metodologia AMMI na cana-de-açúcar, e similar do que foi

encontrado por Chavanne *et al.* (2007) e Silva *et al.* (2012) que trabalharam com a metodologia GGE Biplot para as culturas da cana-de-açúcar e cenoura, respectivamente.

TABELA 3.4 - PROPORÇÃO DA SOMA DOS QUADRADOS DA INTERAÇÃO GENÓTIPO E AMBIENTE (SQGxE) PARA CADA EIXO DE COMPONENTES PRINCIPAIS DO MÉTODO GGE BILOT.

PC	Valor Singular	% Expl. SQGxE	% Expl. Acum
1	12,41	49,20	
2	8,90	25,30	74,50
3	6,35	12,90	87,40
4	4,92	7,80	95,20
5	3,87	4,80	100

PC – Componente Principal, % Expl. SQGxE – porcentagem da soma dos quadrados da interação GxE explicada, %Expl. Acum – porcentagem da explicação acumuladas.

Para as metodologias que utilizam a análise de componentes principais, nos primeiros eixos de interação há maior captação da porcentagem de padrão, com diminuição nos eixos subsequentes. Deste modo, à medida que se eleva o número de eixos selecionados, aumenta a porcentagem de ruído, reduzindo o poder de predição da análise (Oliveira *et al.* 2003). Tendo esta definição e o alto valor acumulado de explicação das porcentagens das somas dos quadrados nos dois primeiro eixos de interação (tabela 3.5 e 3.6) em ambas as metodologias, a interpretação gráfica da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de cana-de-açúcar pode ser realizada considerando apenas os biplots com os dois primeiros eixos de interação GxE.

TABELA 3.5 - PROPORÇÃO DA SOMA DOS QUADRADOS DA INTERAÇÃO GENÓTIPO E AMBIENTE (SQGxE) PARA CADA EIXO DE COMPONENTES PRINCIPAIS DO MÉTODO AMMI.

PC	Valor Singular	% Expl. SQGxE	% Expl. Acum.
1	10,31	52,60	
2	7,20	25,60	78,20
3	5,39	14,40	92,60
4	3,87	7,40	100
5	0	0	

PC – Componente Principal, % Expl. SQGxE – porcentagem da soma dos quadrados da interação GxE explicada, %Expl. Acum – porcentagem da explicação acumuladas.

TABELA 3.6 - PRODUTIVIDADE DOS 5 AMBIENTES, RANQUEADOS EM ORDEM DECRESCENTE, A PARTIR DA PRODUTIVIDADE MÉDIA DE TPH DOS 22 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR.

Ambientes	Média	Erro padrão	Desvio Padrão	CV%
São Pedro do Ivaí	16,87	5,03	2,48	29,85
Bandeirantes	14,61	3,43	1,90	23,53
Goioere	12,43	2,39	1,14	19,24
Astorga	10,97	4,61	1,60	42,09
Colorado	9,53	3,34	1,11	35,05

CV% - Coeficiente de variação

Os genótipos RB006991 (G19), RB006970 (G10), RB005916 (G1), RB005935 (G4) e RB855156 (G21) possuem os maiores valores de TPH, respectivamente, nos ambientes Astorga (AST), Bandeirantes (BAN), Colorado (COL), Goioere (GOI) e São Pedro do Ivaí (Tabela 3.7).

A visualização da Figura 3.1 (*Quem venceu onde* do GGE Biplot) é importante para estudar a possível existência de mega-ambientes dentro de uma região produtora (YAN *et al.*, 2000). O polígono foi desenhado ligando os genótipos que estão mais afastados da origem do biplot, sendo eles: RB855156 (G21), RB006970 (G10), RB006973 (G13), RB006988 (G18), RB005991 (G9), RB006991 (G19). Tais genótipos possuem os maiores vetores em suas respectivas direções, e o comprimento e o sentido do vetor é que simboliza a medida de respostas dos genótipos aos ambientes testados, em outras palavras, o tamanho dos vetores e suas respectivas direções estão diretamente relacionado com a adaptabilidade de cada genótipo aos ambientes dentro do mesmo setor. Todos os outros genótipos estão contidos no polígono e apresentam vetores menores, ou seja, são menos responsivos em relação à interação com os ambientes dentro daquele setor. Na análise, os vetores, com origem no centro (0;0) do biplot, perpendiculares aos lados do polígono, dividiram o gráfico em seis setores (Figura 3.1).

O polígono do GGE Biplot (Figura 3.1) agrupou os locais testados em mega-ambientes. Os mega-ambientes são aqueles setores em que um ou mais ambientes estão contidos. Sendo assim, existem dois mega-ambientes: Astorga (AST), Colorado (COL) e São Pedro do Ivaí (SPI) no I, e Bandeirantes (BAN) e Goioere (GOI) no II.

TABELA 3.7 - MÉDIAS DE PRODUTIVIDADE DE TONELADAS DE POL POR HECTARE (TPH) DOS 22 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, NOS AMBIENTES TESTADOS E MÉDIA GERAL.

	Genótipos	Astorga	Bandeirantes	Colorado	Goioere	São Pedro do Ivaí	Média
G1	RB005916	11,67	14,83	<b>12,19</b>	11,82	18,13	13,73
G2	RB005918	10,25	16,66	10,06	11,84	16,71	13,11
G3	RB005924	11,45	16,00	9,82	12,89	18,32	13,70
G4	RB005935	9,21	15,87	10,54	<b>15,73</b>	17,77	13,83
G5	RB005968	9,01	12,70	7,65	10,93	18,70	11,80
G6	RB005971	12,35	16,20	9,08	12,42	14,19	12,85
G7	RB005982	9,56	14,80	8,54	12,14	15,27	12,06
G8	RB005987	8,68	14,49	9,20	12,30	17,30	12,40
G9	RB005991	8,35	12,14	7,38	12,20	13,82	10,78
G10	RB006970	11,86	<b>18,96</b>	9,47	12,32	18,46	14,22
G11	RB006971	12,30	13,83	8,90	11,50	17,08	12,73
G12	RB006972	9,60	12,79	9,79	11,57	12,71	11,30
G13	RB006973	8,62	16,74	8,23	11,53	13,29	11,69
G14	RB006974	12,85	13,57	9,10	14,53	19,38	13,89
G15	RB006976	10,51	16,22	9,19	12,61	19,27	13,56
G16	RB006981	11,39	12,47	9,71	11,92	17,82	12,67
G17	RB006984	12,96	12,05	9,76	11,77	18,38	12,99
G18	RB006988	10,98	16,14	8,98	12,48	11,82	12,08
G19	RB006991	<b>13,74</b>	12,23	9,79	11,24	18,70	13,14
G20	RB006992	11,12	12,38	10,56	12,51	14,28	12,18
G21	RB855156	12,73	14,94	10,48	14,44	<b>20,29</b>	<b>14,58</b>
G22	RB855453	12,10	15,44	11,30	12,97	19,54	14,27
	Média	10,97	14,61	9,53	12,44	16,87	12,88
	S	1,60	1,90	1,11	1,14	2,48	

Os valores em Negrito correspondem ao genótipo de maior produtividade de TPH no ambiente correspondente, G – genótipo, S – Desvio Padrão.

Em relação ao desempenhos dos genótipos nos ambientes de experimentação, uma característica interessante da Figura 3.1 é que o genótipo que se encontra no vértice do polígono, dentro de um mega-ambiente, obteve a maior produtividade em pelo menos um dos ambientes e esteve dentre os melhores genótipos nos ambientes restantes (Yan, 2002). Assim, tem-se que o genótipo RB855156 (G21) foi o melhor em São Pedro do Ivaí (SPI) e teve bom desempenho em Colorado (COL) e Astorga (AST) e o genótipo RB006970 (G10) obteve maior produtividade em Bandeirante (BAN) e esteve entre os melhores em Goioere (GOI) (Figura 3.1 e Tabela 3.7).

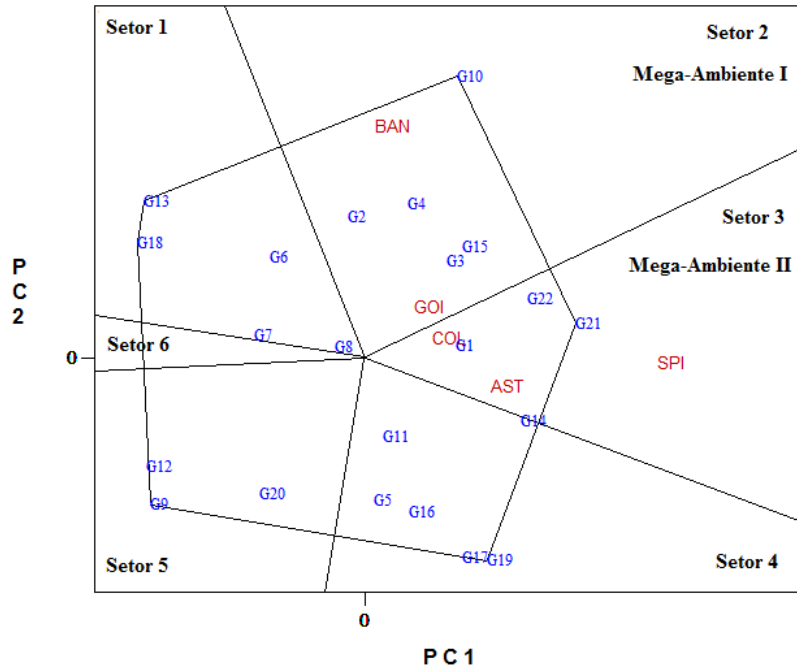


FIGURA 3.1 - VISTA DO POLÍGONO DO GGE BILOT REPRESENTANDO O GRÁFICO *QUEM VENCEU ONDE*, PARA OS 22 GENÓTIPOS E CINCO AMBIENTES DE PRODUÇÃO. DETALHES DE GENÓTIPOS E AMBIENTES SÃO DADOS NAS TABELAS 3.7.

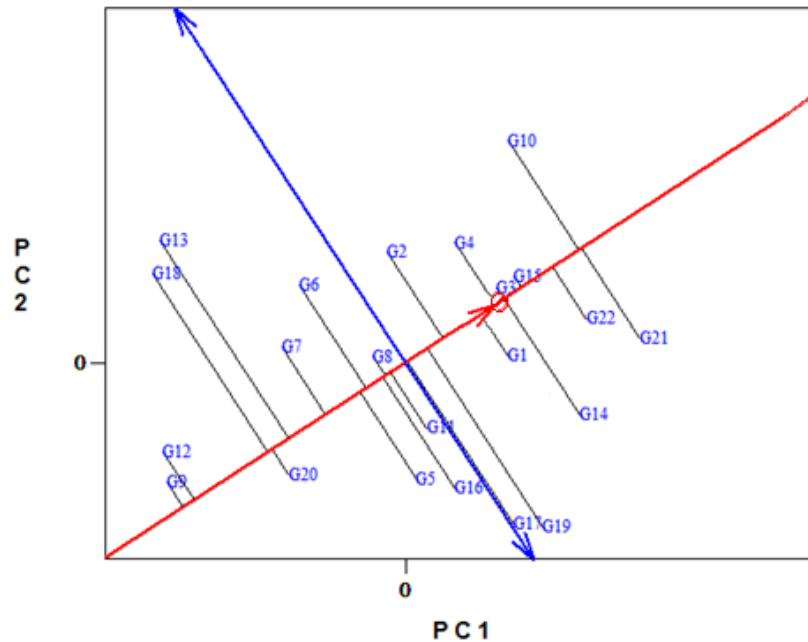


FIGURA 3.2 - *MÉDIAS X ESTABILIDADE* DO GGE BILOT, INDICANDO O RANKING DE PRODUTIVIDADE DOS GENÓTIPOS, MAIS SUAS RESPECTIVAS ESTABILIDADES PRODUTIVAS.

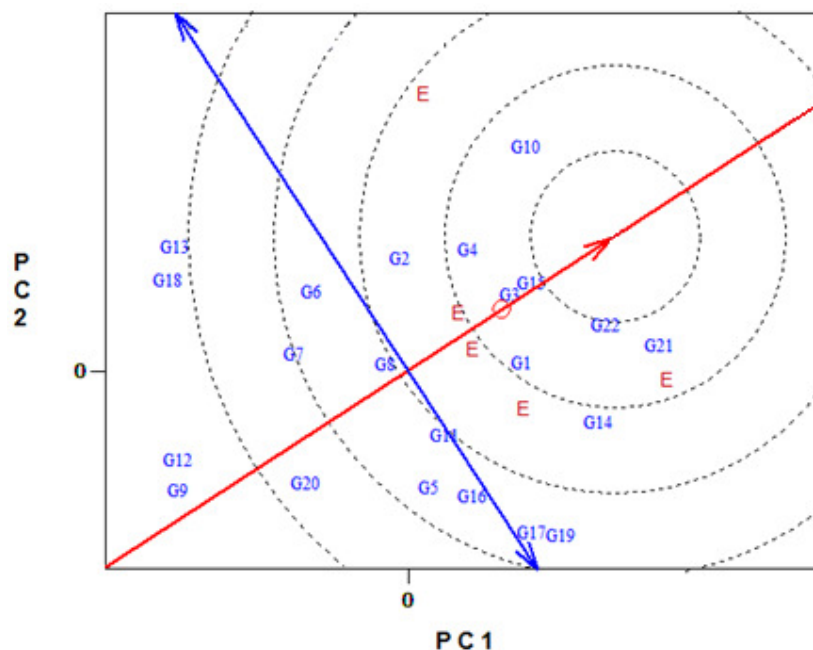


FIGURA 3.3 – VISTA DO GGE BIPLLOT COMPARANDO OS GENÓTIPOS AVALIADOS COM A ESTIMATIVA DE UM GENÓTIPO IDEAL

A produtividade e a estabilidade dos genótipos são avaliadas a partir da coordenada do ambiente médio (AEC - *average environment coordination*). (YAN *et al.*, 2000; YAN e KANG, 2002). Neste método um ambiente ideal é definido na Figura 3.2, a partir da média dos escores dos componentes principais 1 e 2 de todos os ambientes, representado no gráfico por um pequeno círculo. A linha que passa pela origem do biplot e pelo ambiente ideal é chamada de eixo do ambiente ideal e representa a AEC abscissa. A AEC ordenada é o eixo que passa pela origem e é perpendicular a AEC abscissa (Figura 3.2). Diferente da AEC abscissa, que possui somente uma direção, com a seta apontando para o maior valor genotípico de efeito principal, a AEC ordenada é representada por duas setas que apontam em sentido contrário da origem do biplot e indicam um maior efeito da interação genótipo e ambiente e menor estabilidade. A AEC ordenada separa os genótipos que estão abaixo da média dos genótipos acima da média de TPH. Além disso, a produtividade média dos genótipos é aproximada por suas respectivas projeção na AEC abscissa.

Na figura 3.2, os genótipos acima da média de produção de TPH são os G21, G10, G22, G15, G3, G14, G4, G1, G2, G19 e G17, e os genótipos abaixo da média são os G14, G8, G16, G6, G5, G7, G13, G20, G18, G12 e G9. Segundo Yan e Rajcan

(2002), o comprimento do vetor sobre o eixo do ambiente ideal, plotado sobre a AEC abscissa, representa uma estimativa da importância do efeito principal dos genótipos (G) versus o efeito principal da interação genótipo ambiente (GxE). Quanto maior o vetor, mais importante é o fator genótipo e mais significativa é a seleção baseada nas performances médias. Relata-se então, a partir da figura 3.2, uma resposta significativa para a seleção baseada nas performances médias dos genótipos. Genótipos com produtividade abaixo da média podem ser descartados (Figura 3.2).

Além da produtividade média, a estabilidade do genótipo é um ponto crucial a ser analisado. Quanto maior a projeção do genótipo no eixo da AEC ordenada, maior é a instabilidade do genótipo, representando uma maior interação com os ambientes. Por exemplo, os genótipos RB855453 (G22), RB006976 (G15), RB005924 (G3), RB005935 (G4) e o RB005916 (G1) foram os mais estáveis. Os genótipos RB855156 (G21) e RB006970 (G10) apresentaram maior variação de suas respectivas produtividades, mas, mesmo assim, mantiveram-se sempre entre os melhores genótipos nos ambientes testados (figura 3.2 e tabela 3.7).

Um genótipo ideal deve possuir uma alta produtividade média e manter essa produtividade em todos os ambientes em questão. Tal genótipo ideal é definido graficamente pelo vetor de maior comprimento no PC1 e sem projeções em PC2, representado pela seta no centro dos círculos concêntricos (Figura 3.3). Mesmo que este genótipo seja apenas uma estimativa, ele é utilizado como referência para a avaliação de genótipos. Um genótipo é mais promissor se ele estiver localizado o mais próximo possível do genótipo ideal. Na Figura 3.3, os cultivares padrões RB855156 (G21) e RB855453 (G22), além dos genótipos RB006970 (G10), RB006976 (G15), RB005924 (G3), RB005935 (G4) e RB005916 (G1) estão contidos no Segundo círculo concêntrico e são os que mais se aproximaram do genótipo ideal, sendo considerados deste modo, genótipos desejáveis em termos de produtividade e estabilidade.

A Figura 3.4 demonstra o ponto de vista vetorial da relação da produtividade e estabilidade entre os ambientes, sendo que os mesmos estão ligados com a origem do biplot através de vetores. Este ponto de vista do biplot ajuda a compreender as inter-relações entre os ambientes.

Ambientes com vetores pequenos demonstram alta estabilidade produtiva, sendo que Colorado (COL) e Goioere (GOI) foram os que demonstraram menor diferença

entre o rendimento médios dos genótipos (Figura 3.4 e Tabela 3.6), em outras palavras, obtiveram menor contribuição para a relação GxE.

TABELA 3.8 – COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO DO GGE BIPLLOT ENTRE OS CINCO AMBIENTES TESTADOS

	Astorga	Bandeirantes	Colorado	Goioere	São Pedro do Ivaí
Astorga	1				
Bandeirantes	-0.066	1			
Colorado	0.453	0.12	1		
Goioere	0.099	0.249	0.304	1	
São Pedro do Ivaí	0.461	0.016	0.361	0.296	1

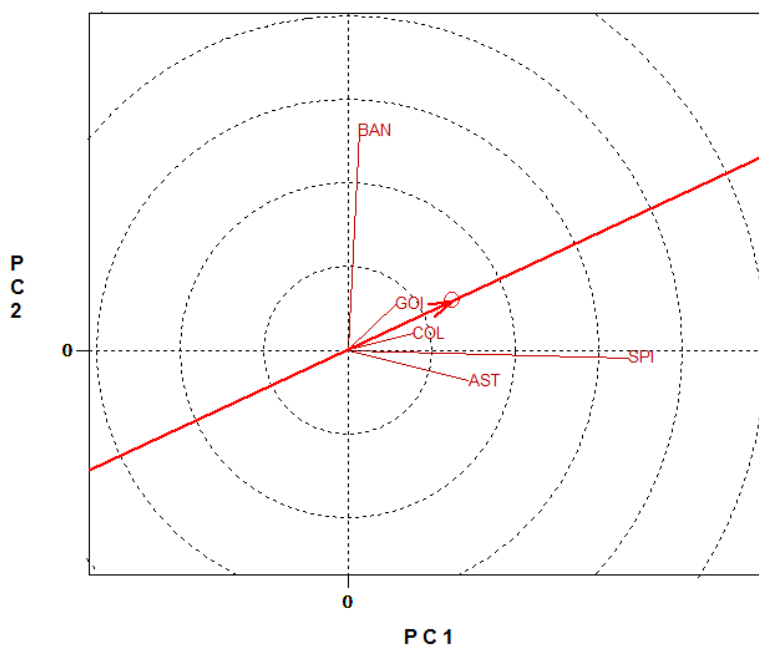


FIGURA 3.4 - PLOTAGEM DOS “ESCORES” DOS COMPONENTES PRINCIPAIS, QUANTO À INDICAÇÃO DOS AMBIENTES DE PRODUÇÃO, SEGUNDO O MODELO GGE BIPLLOT PARA O CARÁTER TPH, PARA 22 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, CULTIVADAS EM 5 AMBIENTES.

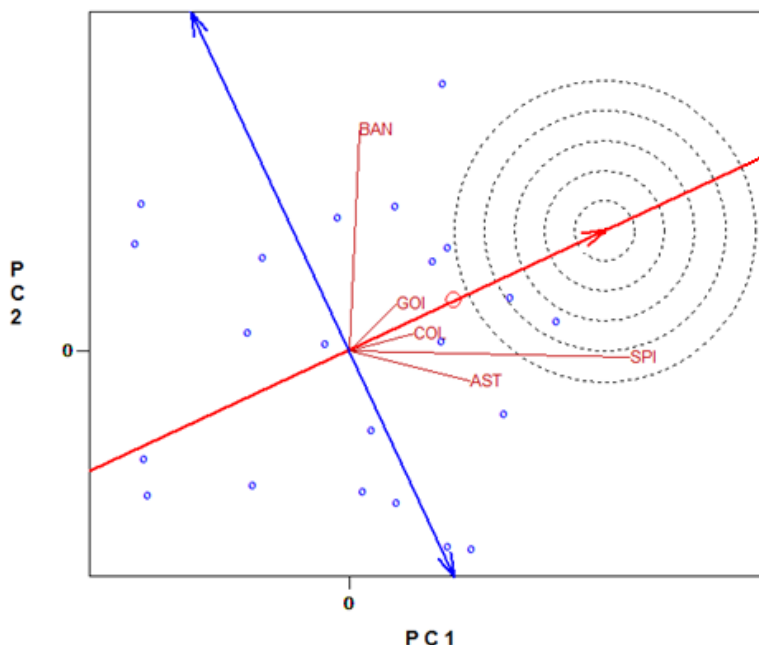


FIGURA 3.5 – VISTA DO GGE BIPLLOT COMPARANDO OS AMBIENTES AVALIADOS COM A ESTIMATIVA DE UM AMBIENTE IDEAL.

Para os ambientes que mais contribuíram para a interação GxE, os ambientes Bandeirantes (BAN) e São Pedro do Ivaí (SPI) foram os mais instáveis, ou seja, representam maior interação entre genótipos e ambientes (Figura 3.4).

Os coeficientes de correlação entre os cinco ambientes estão representados na Tabela 3.8. A Figura 3.4 fornece um resumo sucinto da relação entre os ambientes. Os cossenos dos ângulos entre os vetores de cada ambiente são relativos aos coeficientes de correlação entre eles. A Tabela 3.8 contém dez coeficientes de correlação. As maiorias dos ambientes estão positivamente correlacionados, porque o cosseno do ângulo entre eles é positivo, ou seja, o ângulo é menor do que  $90^\circ$ . A única exceção é a correlação entre os locais Astorga (AST) e Bandeirantes (BAN), que é negativa (Tabela 8) ou seja, possui o ângulo entre seus respectivos vetores maior do que  $90^\circ$ . Na comparação entre a Tabela 3.8 e a Figura 3.4, pode ocorrer pequenas incoerências em relação ao grau de correlação entre os ambientes, isso ocorre porque, como visto na Tabela 3.1, o biplot não explica 100% da variação G+GE (YAN *et al.*, 2007). Este resultado também foi verificado por Kaya *et al* (2006), que utilizou a metodologia GGE biplot para avaliar a cultura do Trigo e ambientes de produção na Turquia.

Os altos graus de correlação entre os coeficientes dos ambientes sugerem que a seleção indireta para rendimento de toneladas de pol por hectare (TPH) pode ser extrapolada para os outros locais dentro do mesmo mega-ambiente. Por exemplo, os genótipos adaptáveis ou de maior rendimento em Colorado (COL) podem também mostrar respostas semelhantes em Astorga (AST) e São Pedro do Ivaí (SPI).

Um ambiente ideal deve possuir um alto escore de PC1 (maior poder de discriminação de genótipos em termos de efeitos principais dos mesmos) e pontuação nula para PC2 (maior capacidade de representar todos os outros ambientes). Na Figura 3.5, tal ambiente é representado no eixo da AEC abscissa por uma seta, no centro dos círculos concêntricos. Do mesmo modo do que o genótipo ideal, este ambiente ideal é apenas uma estimativa e serve como referência para seleção de locais para ensaios multi-ambientais. O local mais desejável é aquele que estiver localizado o mais próximo possível no gráfico do ambiente ideal (YAN *et al.*, 2000; YAN AND RAJCAN, 2002).

O ambiente São Pedro do Ivaí (SPI), contido do quinto círculo concêntrico, é o ambiente que possui maior capacidade de discriminação dos genótipos, favorecendo a seleção de genótipos superiores (Figura 3.5). No mesmo gráfico, Bandeirantes (BAN) representou um alto potencial produtivo, mas demonstrou menor capacidade de discriminação entre os genótipos, já que demonstrou menor desvio padrão e menor coeficiente de variação entre as médias de TPH dos genótipos, comparado com São Pedro do Ivaí (SPI) (Tabela 3.6).

A partir da metodologia AMMI, sete genótipos, RB006970 (G10), RB005916 (G1), RB005924 (G3), RB005935 (G4), RB006974 (G14), RB006976 (G15) e RB006961 (G19), aproximaram-se das testemunhas em relação à produtividade média (Figura 3.7 e tabela 3.7), mas somente o genótipo RB005916 (G1) possui produtividade acima da média e baixa instabilidade (Figura 3.6 e 3.7). O genótipo RB005991 (G9) apresentara alta estabilidade comparando com os padrões, por estar próximo da origem do AMMI2, mas sua produtividade média foi muito inferior comparado aos demais genótipos (Figura 3.6 e tabela 3.7). De modo geral, os genótipos mais estáveis foram RB005987 (G8), RB005916 (G1), RB855453 (G22), RB855156(G21), RB006971 (G11), RB005935 (G4) e RB005982 (G7), pois apresentaram os escores mais baixos para a interação GxE e posições mais próximas do centro do biplot AMMI2. A partir

deste mesmo biplot, os genótipos mais instáveis foram RB006970 (G10), RB006961 (G19) e RB006992 (G20), todos mais distantes do centro do biplot AMMI2 (Figura 6).

O genótipo RB006970 (G10) esteve entre os mais produtivos e, ao mesmo tempo, um dos mais imprevisíveis, evidenciando que esta reúne adaptabilidade específica. Tal genótipo teve maior desempenho em ambientes de solos mais argilosos, como Bandeirantes (BAN) e São Pedro do Ivaí (SPI), reduzindo sua produtividade em ambientes de solos mais arenosos como Colorado (COL), Goioere (GOI) e Astorga (Tabela 3.7). Diferente deste último genótipo, o RB005916 (G1) ficou um pouco abaixo da produtividade dos padrões, mas apresentou alta estabilidade, podendo ser recomendado como um genótipo de adaptabilidade ampla (Figura 3.6, Figura 3.7 e Tabela 3.7).

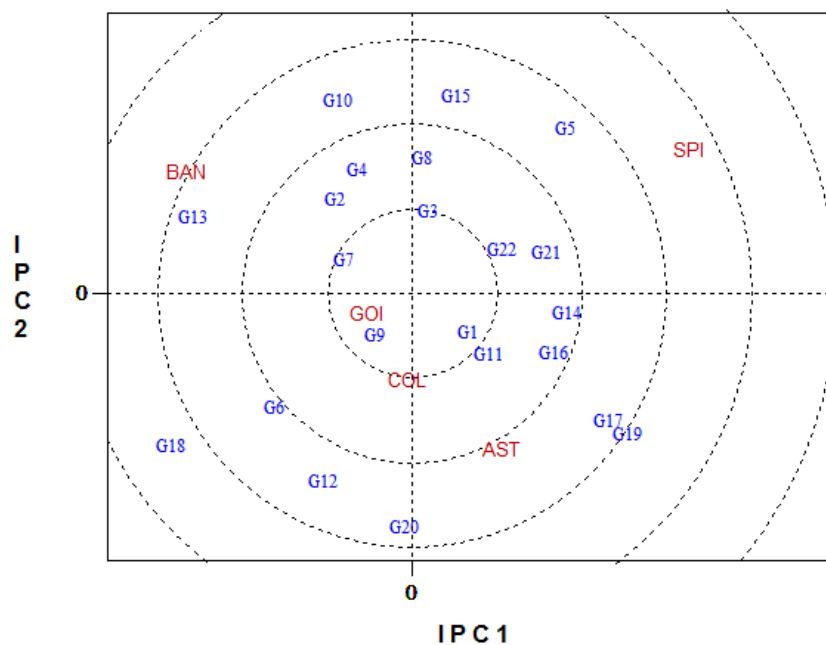


FIGURA 3.6 - PLOTAGEM DOS “ESCORES” DOS COMPONENTES PRINCIPAIS E EFEITOS PRINCIPAIS, SEGUNDO O MODELO AMMI2 PARA O CARÁTER TPH, PARA OS 22 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR CULTIVADOS EM 5 AMBIENTES.

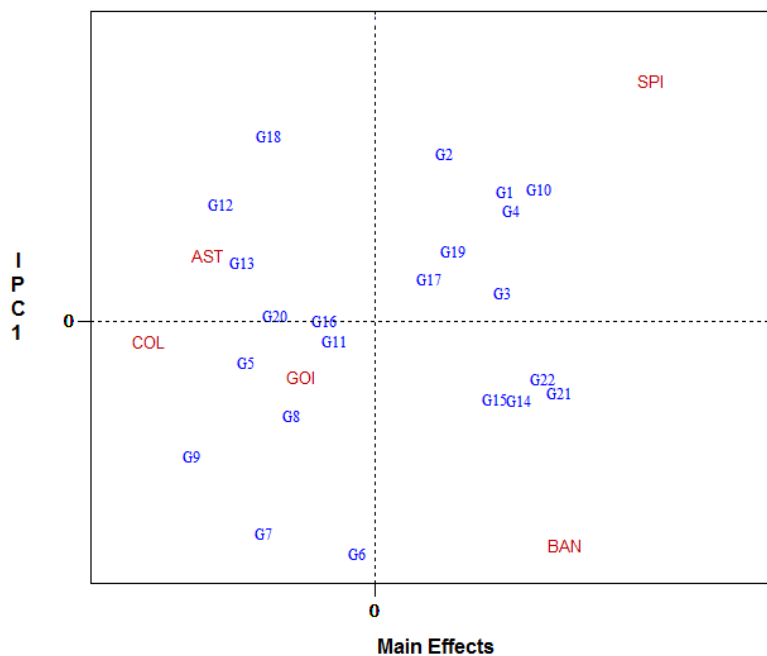


FIGURA 3.7 -. PLOTAGEM DOS “ESCORES” DOS COMPONENTES PRINCIPAIS E EFEITOS PRINCIPAIS, SEGUNDO O MODELO AMMI1 PARA O CARÁTER TPH, PARA 22 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR CULTIVADOS EM 5 AMBIENTES.

Os ambientes Bandeirantes (BAN) e São Pedro do Ivaí (SPI) foram os que mais contribuíram para a interação GxE, ou seja, apresentaram os maiores escores nos eixos de interação (Figura 3.6). Por sua vez, com menor contribuição de interação GxE, destacaram-se os ambientes Astorga (AST), Colorado (COL) e Goioere (GOI), com escores IPCA1 de menor magnitude (Figura 3.6). Guerra et al. (2010) cita que, a estabilidade ambiental informa sobre a confiabilidade no ordenamento dos genótipos num dado ambiente de teste, em relação à classificação para a média dos ambientes testados. A partir desta definição, a maior estabilidade dos locais Colorado (COL), Goioere (GOI) e Astorga (AST), em relação a Bandeirantes (BAN) e São Pedro do Ivaí (SPI), sugere que, a classificação dos genótipos nos primeiros locais, deve apresentar menor desvio padrão entre os desempenhos dos genótipos, do que em relação à classificação dentro dos outros ambientes de produção.

Colorado (COL), Goioere (GOI) e Astorga (AST) possuem solos de textura mais arenosa, com menor retenção de água e menor fertilidade, oferecendo condições inferiores de desenvolvimento para a cana-de-açúcar, por isso houve pouca resposta dos genótipos e a produtividade média foi inferior (Tabela 3.7 e Figura 3.7). Já Bandeirantes

(BAN) e São Pedro do Ivaí (SPI) são ambientes com solos de textura mais argilosa, com melhor retenção de água e fertilidade, oferecendo condições melhores de resposta aos genótipos, facilitando a seleção de genótipos superiores e de adaptabilidade específica nestes locais. Confirmando este resultado, Cooper *et al.* (1997), trabalhando com seleção indireta para produtividade em Trigo, reporta que ambientes que sofreram pouco ou nenhum estresse ambiental foi um preditor eficaz de produtividade dos genótipos e quando aumentou o estresse de água esta capacidade diminuiu. Kaya *et al.* (2006), também verificou esta característica a partir da metodologia AMMI para a produtividade de Trigo na Turquia.

Ambientes e genótipos que apresentarem o mesmo sinal no biplot AMMI2 (Figura 3.6), devem interagir positivamente e se tiverem sinais opostos, negativamente (Duarte; Venkovsky, 1999). Guerra *et al.* (2010), Silveira *et al.* (2011) e Veríssimo *et al.* (2012) identificaram genótipos e ambientes com escores IPCA de mesmo sinal, que apresentaram interações específicas positivas na cultura da cana-de-açúcar. Oliveira *et al.* (2003) e Silva *et al.* (2012) também conseguiram a mesma classificação de genótipos e ambientes para a cultura da soja e da cenoura, respectivamente.

Através destas figuras é possível fazer a recomendação de genótipos para ambientes com mesma resposta em produção, escolhendo grupos de genótipos e ambientes que estão localizados próximos e na mesma região no gráfico (Ferreira *et al.*, 2006). Os ambientes Goioere (GOI) e Colorado (COL) estão posicionados muito próximos (Figura 3.6), dentro do mesmo quadrante e com o mesmo sinal, indicando similaridade de produtividade dos genótipos. A proximidade do genótipo RB005991 (G9) aos ambientes Goioere (GOI) e Colorado (COL) representa uma adaptabilidade específica a estes ambientes.

O genótipo ideal citado na metodologia GGE Biplot (Figura 3.3), poderia ser representado, na metodologia AMMI, a partir da comparação do ponto no centro do Biplot AMMI 2 (estabilidade total) e do ponto que mais se distânciava da origem no eixo dos efeitos principais do AMMI1 (maior produtividade) (Tabela 3.7).

Outra diferença da análise do AMMI e do GGE Biplot, é que com o agrupamento dos locais de teste em mega-ambientes e a utilização de vetores e do polígono para a análise gráfica dos genótipos, o GGE Biplot, foi possível, além do

zoneamento, selecionar o genótipo vencedor para cada grupo de ambientes (mega-ambientes).

Em um programa de melhoramento de plantas, as experimentações com os genótipos promissores devem ser conduzidas em diferentes ambientes e quanto mais heterogêneos os ambientes, mais representativos serão as avaliações de interação GxE.

Independentes das metodologias estatísticas utilizadas, ambientes de produção que apresentem alta estabilidade produtiva, ou seja, apresentam baixa interação GxE, como observado em Colorado (COL) e Goioze (GOI), podem ter seus resultados extrapolados para outros ambientes. Estes podem ser usados, por exemplo, na fase inicial do programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar, que utiliza um grande número de genótipos (seedlings), sem repetições e plantados em apenas um local.

Ao contrário, ambientes de alta instabilidade produtiva, ou seja, com alta interação GxE, como São Pedro do Ivaí (SPI) e Bandeirantes (BAN), devem ser utilizados nos ensaios de competições de genótipos, pois facilitam a seleção de indivíduos superiores.

### 3.6 – Conclusão:

A metodologia do AMMI apresentou os genótipos que possuem adaptabilidade específica a cada ambiente, tal como a metodologia GGEBiplot, mas a diferença foi que o GGEBiplot agrupou os locais testados em dois mega-ambientes e também apresentou quais os genótipos foram os melhores e os que estiveram entre os melhores, para cada grupo de ambientes, facilitando a identificação gráfica e seleção de genótipos superiores.

Ambas as metodologias apresentaram elevada porcentagem de explicação das soma dos quadrados, acima de 70%.

A metodologia GGE Biplot indica o genótipo e ambiente ideal, que podem servir de referência para a seleção de genótipos promissores e para a escolha de ambientes que promoveram maior interação GxE.

Os resultados obtidos através do modelo AMMI e GGEBiplot, evidenciaram que o genótipo mais produtivo, em relação ao TPH, foi o RB006970 seguido dos dois cultivares padrões, RB855156 e RB855453.

## 3.7 - Referências

ASFAW, A.; ALEMAYEHU, F.; GURUM, F.; ATNAF, M. AMMI and GGE Biplot analysis for matching varieties onto soybean production environments in Ethiopia. **Scientific Research and Essay**, v.4, p.1322-1330, 2009.

CARGNELLUTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MELHEIROS E.B.; GUADAGNIN J.P.; Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados a produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia** **66**: 571-578, 2007.

CHAVANNE, E. R.; OSTENGO, S.; GARCÍA, M.B.; CUENYA, M.I. Evaluación del comportamiento productivo de cultivares de caña de azúcar (*Saccharum* spp.) a través de diferentes ambientes en Tucumán, aplicando la técnica estadística “GGE biplot”. **Revista industrial y agrícola de Tucumán** **84**: 19-24, 2007.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento de Cana-de-açúcar**, Brasília-DF: Embrapa Informações Tecnológicas, 307 p., 2004.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Central de informações agropecuárias: safras – cana. 2012**. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> acessado em 1 de Abril, 2012.

COOPER M.; STUCKER, R.E.; DELACY, I.H.; HARCH, B.D.; Wheat breeding nurseries, target environments and indirect selection for grain yield. **Crop Science** **37**:1168-1176, 1997.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 2. ed.rev., Viçosa: UFV, 390 p., 2001.

DUARTE, J.B.N. e VENKOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise “AMMI”**. FUNPEC, Ribeirão Preto, 60p., 1999

FERREIRA, D.F.; DEMÉTRIO, C.G.B.; MANLY, B.F.J.; MACHADO, A.A.; VENCOSKY, R. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne** **12**: 373-388, 2006.

GABRIEL, K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453 – 467, 1971.

GAUCH, H.G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. **Crop Science**, v.46, p.1488-1500, 2006.

GAUCH, H.G.; PIEPHO, H.P.; ANNICCHIARICO, P. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. **Crop Science**, v.48, p.866-889, 2008.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Optimal replication in selection experiments. **Crop Science**, v.36, p.838-843, 1996.

GOUVÊA, L.R.L.; SILVA G.A.P.; SCALOPPI JUNIOR E.J.; GONÇALVES P.S. Diferentes métodos para avaliar a estabilidade produtividade da Seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 46: 491-498, 2011

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.

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.

INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ. **Cartas Climáticas do Estado do Paraná 1994**. Londrina, 1994, 49 p. (IAPAR. Documento, 18)

KAYA, Y.; AKÇURA, M.; TANER, S.; GGE Biplot Analysis of Multi-Environment Yield in Bread Wheat. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry** 30: 325-337, 2006.

MELO, L.C.; MELO, P.G.; FARIA, L.C.; CABRERA DIAS, J.L.; DEL PELOSO, M.J.; RAVA, C.A.; COSTA, J.G.C. Interação com ambientes e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum na Região Centro-Sul do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 42: 715-723, 2007.

MOHAMMADI, R.; HAGHPARAST, R.; AGHAEE, M.; ROSTAEE, M.; POURDAD, S.S. Biplot Analysis of Multi-Environment Trials for Identification of Winter Wheat Megaenvironments in Iran. **World Journal of Agricultural Sciences**, v.3, p.475-480, 2007.

NAMORATO, H.; MIRANDA, G.V.; SOUZA, L.V.; OLIVEIRA, L.R.; DELIMA, R.O.; MANTOVANI, E.E. Comparing biplot multivariate analyses with Eberhart and Russel method for genotype x environment interaction. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.9, p.299-307, 2009.

NUNES, G.H.S.; ANDRADE NETO, R.C.; COSTA FILHO, J.H.; MELO, S.B. Influência de variáveis ambientais sobre a interação genótipos x ambientes em meloeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura** 33: 1194-1199, 2011.

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.

PEREIRA, H.S.; MELO, I.C.; DEL PELOSO, M.J.; FARIA, L.C.; COSTA, J.G.C.; CABRERA DIAS, J.L.; RAVA, C.A.; WENDLAND, A. Comparação de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em feijoeiro-comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 44: 374-383, 2009.

RAO, P.S.; REDDY, P.S.; RATHORE, A.; REDDY, B.V.; PANWAR, S. Application GGE biplot and AMMI model to evaluate sweet sorghum hybrids for genotype x environment interaction and seasonal adaptation. **Indian Journal of Agricultural Sciences** 81: 438-444, 2011.

SILVA, G.O.; CARVALHO, A.D.F.; VIEIRA, J.V.; BENIN, G. Verificação da adaptabilidade e estabilidade de populações de cenoura pelos métodos AMMI, GGE biplot e REML/BLU. **Bragantia** 9: 269-274, 2012.

SILVA, W.C.J. E DUARTE, J.B. Métodos Estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 41: 23-30, 2006.

SILVA FILHO, J.L.; MORELLO, C.L.; FARIAS, F.J.C.; LAMAS, F.M.; PEDROSA, M.B.; RIBEIRO, F.L. Comparação de métodos para avaliar a adaptabilidade e

estabilidade produtiva em algodoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **43**: 349-355, 2008.

SILVEIRA, L. C. I. **Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar no Estado de Minas Gerais**. 2011. 60 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

VERÍSSIMO, M.A.A.; SILVA, D.A.S.; AIRES, R.F.; DAROS E; PANZIERA W. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **47**: 561-568, 2012.

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v.40, p.597-605, 2000.

YAN, W., AND RAJCAN I. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**. 42:11–20, 2002.

YAN, W. AND KANG, M.S. **GGE Biplot analysis**: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. 1.ed. Boca Raton: CRC Press LLC, 288p., 2002.

YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B.; WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE Biplots vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v.47, p.643-655, 2007.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.

#### 4 – REFERÊNCIAS GERAIS

ARIZONO, H.; GARCIA, A. A. F.; MATSUOKA, S. Melhoramento da Cana-de-Açúcar. In: Borém, A. (editor) **Melhoramento de Espécies Cultivadas**, p 225 - 274, Viçosa: Ed. UFV, 2005.

BARBOSA, G.V.S.; SOUZA, A.J.R.; ROCHA, A.M.C.; RIBEIRO, C.A.G.; FERREIRA, J.L.C.; SOARES, L.; CRUZ, M.M.; SILVA, W.C.M. Novas variedades RB de cana-de-açúcar para Alagoas. Maceió: UFAL; Programa de Melhoramento Genético de Cana-de- Açúcar, 16p. **Boletim Técnico Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar**, 1, 2000.

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, 577 p., 2010.

BASSINELO, A.I.; ABRAHÃO, J.S.; VALADÃO, M.B.; BARCELLOS, J.E.T.; PICCOLO, C.R. Primeiros resultados de estudos de novas variedades de cana-de-açúcar em solos de cerrado. In: Congresso Nacional da STAB, 3., e CONVENÇÃO DA ACTALAC, 5., 1984, São Paulo. **Anais...** São Paulo: STAB, 1984. p.206-214.

BORÉM, A.; SILVA, J. A. da; DIOLA, V. Biologia molecular e biotecnologia. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (eds.) **Cana-de-açúcar: Bioenergia, açúcar e álcool** – Tecnologias e perspectivas. Viçosa, 577 p., 2010.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. *Central de informações agropecuárias: safras – cana. 2012.* Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> acessado em 1 de Abril, 2012.

CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento de Cana-de-açúcar**, Brasília-DF: Embrapa Informações Tecnológicas, 307 p., 2004.

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

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 2. ed.rev., Viçosa: UFV, 2001. 390 p.

DUARTE, J.B.; VENKOVSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise “AMMI”**. FUNPEC, Ribeirão Preto, 60p., 1999.

FERREIRA, D. F.; **Estatística Multivariada**, 1º edição, ed. UFLA, 2008

FERREIRA, D.F.; DEMÉTRIO, C.G.B.; MANLY, B.F.J.; MACHADO, A.A.; VENCOSKY, R. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne 12**: 373-388, 2006.

GAUCH, H.G.; ZOBEL, R.W. Optimal replication in selection experiments. **Crop Science 36**: 838-843, 1996.

GABRIEL, K.R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 453 – 467, 1971.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W.; **Applied Multivariate Statistical Analysis**. New Jersey: Prentice-Hall, Fifth Edition, 2006. 767 p.

KANG, M.S. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 62, p. 199-252, 1998.

LANDELL, M.G.A.; ALVAREZ R.; ZIMBACK, L.; CAMPANA, M.P.; SILA, M.A.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; PERECIN, D.; GALLO, P.B.; MARTINS, A.L.M.; KANTHACK, A.D.; FIGUEIREDO P.; VASCONCELOS, A.C.M. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em Latossolo Roxo da Região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n.2, p.1-13, 1999.

LANDELL, M.G.A.; BRESSIANI, J.A. **Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal**. In: DINARDO-MIRANDA, L.L.; VASCONCELOS, A.C.M.; LANDELL, M.A.G. Cana-de-açúcar. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. p.791-806.

LAVORANTI, O.J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “bootstrap” no modelo AMMI**. 2003. 166p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

LIMA, M.L.A.; GARCIA, A.A.F.; OLIVEIRA, K.M.; MATSUOKA, S.; ARIZONO, H.; SOUZA Jr., C.L.; SOUZA, A.P. Analysis of genetic similarity detected by AFLP and coefficient of parentage among genotypes of sugarcane (*Saccharum spp.*). **Theor. Appl. Genet.** 104: 30–38, 2002.

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de cana de azúcar. I. Interacciones dentro de un localidad experimental. **Revista Agronómica del Noroeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v.13, n.14, p.105- 127, ene. 1976.

MATTIUZ, C.F.M.; MOZAMBANI, A.E.; PINTO, A.S.; SEGATO, S.V.; **Aspectos fenológicos da cana-de-açúcar**. In Jendiroba, E. (org); Nóbrega, J. C. M. (org); Pinto A. S. (org); Segato, S. V. Atualização em Produção de Cana-de-Açúcar, p 11 – 18 cap. 1, Piracicaba, 2006.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; CALHEIROS, G.C. **Hibridação de cana-de-açúcar**. In: BORÉM, A (ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Editora UFV, p. 205-251, 1999.

MOZAMBANI, A.E.; PINTO, A.S.; SEGATO, S.V.; MATTIUZ, C.F.M.; **História e Morfologia da Cana-de-açúcar**. In JENDIROBA, E. (org); NÓBREGA, J. C. M. (org); PINTO A. S. (org); SEGATO, S. V. Atualização em Produção de Cana-de-Açúcar, p 11 – 18 cap. 1, Piracicaba, 2006.

OLIVEIRA, R.A.; RESENDE, M.D.V.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J.C.; ZAMBON, J.L.C.; IDO, O.T.; WEBER, H.; KOEHLER, H.S.. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p. 426-434, 2005.

PEDROZO, C.A. **Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar**. 2006. 120 p. Dissertação (Mestrado – Genética e Melhoramento) – Universidade federal de Viçosa, Viçosa.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 2 ed, Lavras: UFLA, 2001. 472p.

RODRIGUES, J.D.; **Fisiologia da Cana-de-açúcar**, Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, Campus de Botucatu. Botucatu – 1995

SIMMONDS, J.C. **Principles of crop improvement**. Longmans, London. 164p., 1979.

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

VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitation of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.53, n.1, p.89-91, 1978.

YAN, W. et al. Two types of GGE Biplot for analyzing multienvironment trial data. **Crop Science**, v.41, p.656-663, 2001.

YAN, W.; HUNT, L.A.; SHENG, Q.L.; SZLAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE Biplot. **Crop Science**, v.40, p.597-605, 2000.

YAN, W.; KANG, M.S. GGE Biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. 1.ed. **Boca Raton**: CRC Press LLC, 2002. 288p.

YAN, W.; KANG, M.S.; MA, B., WOODS, S.; CORNELIUS, P.L. GGE Biplots vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. **Crop Science**, v.47, p.643-655, 2007.

YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Sci.** 42:11–20, 2002.

ZAMBON, J.L.C.; DAROS, E. **Manual de experimentação para a condução de experimentos** 3. aprox., Curitiba: UFPR, 2005. 49 p.

ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.